

# Noticias de Actualidad

COORDINADORES

María del Rosario Sabariegos. MRosario.Sabariegos@uclm.es

Jesús Navas-Castillo. jnavas@eelm.csic.es

Vicente Pallás. vpallas@ibmcp.upv

## NOTICIAS COMENTADAS



### Reemergencia de la fiebre aftosa en Europa en 2025: el regreso de una vieja amenaza

Cristina Pérez-García  
Cristina.perez@inia.csic.es

Miguel Ángel Ramírez  
ramirez@inia.csic.es

Juan Bárcena  
barcena@inia.csic.es

Esther Blanco  
blanco@inia.csic.es

Europa vuelve a enfrentar una enfermedad que muchos consideraban superada. En 2025, dos incursiones no relacionadas del virus de la fiebre aftosa en Alemania, Hungría y Eslovaquia subrayan la vulnerabilidad europea y plantean retos en el control de serotipos exóticos. Después de décadas bajo control, la enfermedad vuelve a encender las alarmas sanitarias y plantea interrogantes sobre la bioseguridad en el continente. La introducción del virus desde regiones endémicas subraya la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica y las medidas de bioseguridad.

La fiebre aftosa (FA) constituye una de las enfermedades víricas ganaderas de mayor relevancia a nivel mundial, tanto por su impacto económico como por las restricciones comerciales que conlleva. La Unión Europea se mantenía libre de esta enfermedad desde el último brote registrado en Bulgaria en 2011. No obstante, a inicios de 2025 se produjo la incursión de dos cepas del virus, pertenecientes al serotipo O y no relacionadas entre sí, que afectaron a Alemania (enero de 2025), Hungría y Eslovaquia (marzo de 2025).

La FA no representa una amenaza para los seres humanos, pero afecta a los artiodáctilos, que incluyen las principales especies ganaderas (vacas, cerdos, ovejas y cabras) y diversas especies silvestres (búfalos, jabalíes, camellos, ciervos). Su agente etiológico es un virus RNA, de cadena sencilla y polaridad positiva, sin envuelta, que pertenece al género *Aphthovirus* de la familia *Picornaviridae*. Existen siete serotipos del virus, denominados: A, O, C, Asia 1 y SAT (territorios del África meridional) 1, 2 y 3. La inmunidad inducida por la infección previa con un serotipo no protege frente a la infección con el resto de serotipos. De ellos, sólo el serotipo C se considera completamente erradicado, tras su última detección en 2004 en Brasil y Kenia. La mayoría de los serotipos pueden dividirse, a su vez, en distintos topotipos genéticos y linajes, que suelen circular dentro de grupos epidemiológicos geográficamente restringidos.

La FA es altamente contagiosa y cursa con elevada morbilidad. A ello contribuye el hecho de que el virus se replica rápidamente, las dosis necesarias para desarrollar la infección son bajas, y que la transmisión de la enfermedad puede realizarse a través del contacto directo, por el aire o mediante fómites. La enfermedad se caracteriza por la formación de aftas (que pueden estar llenas de líquido) en las pezuñas, boca, hocico y ubres, cursando con bajas tasas de mortalidad en adultos.

Las vacunas comerciales disponibles para el control de la FA se basan en la utilización de virus purificado e inactivado. Estas vacunas se utilizan en países donde la FA



Fotos página anterior, y a la derecha: Lesiones características en morro y patas, causadas por el virus de la fiebre aftosa en cerdos infectados experimentalmente (serotipo O, PanAsia2) (Fotos tomadas en el animalario BSL3 del CISA, INIA-CSIC, Valdeolmos, Madrid, en un experimento financiado por el proyecto PID2022-140925OB-I00).



es endémica y han demostrado ser eficaces en el control de brotes. Sin embargo, este tipo de vacunas presentan ciertas limitaciones que han restringido su uso generalizado. Una de las más relevantes en el contexto europeo es que su aplicación rutinaria conllevaría restricciones comerciales significativas. Por ello en Europa se adoptan medidas de sacrificio inmediato de animales afectados y sus contactos en caso de brotes, junto con controles estrictos de importación y vigilancia epidemiológica. La vacunación se reserva exclusivamente para situaciones de emergencia excepcionales, en las cuales su aplicación resulta indispensable para contener los brotes y preservar la salud animal, garantizando al mismo tiempo el cumplimiento de los estándares internacionales de comercio y sanidad.

Según datos de la OMSA (Organización Mundial de Sanidad Animal, antes OIE), se estima que la FA circula en el 77 % de la cabaña ganadera global, lo que supone una amenaza constante a los países libres de la enfermedad, como los de Europa, América Central y del Norte, los países del Caribe o los del Pacífico. Actualmente la FA sigue siendo endémica con una alta prevalencia en muchos países de África, Oriente Medio, Asia y Sudamérica.

Un ejemplo ilustrativo del impacto económico que puede generar esta enfermedad se puede encontrar en los brotes de FA ocurridos en el Reino Unido en 2001. Dichos brotes constituyeron uno de los episodios más destructivos registrados en Europa, con el sacrificio de más de 6 millones de animales (tanto infectados como contactos), y unas pérdidas económicas estimadas en más de 3 y 5 mil millones de libras, correspondientes a costes directos e indirectos, respectivamente.

### Alemania: la primera alarma

El último caso de fiebre aftosa registrado en Alemania databa de 1988. Más de 35 años después, el 10 de enero de 2025, Alemania confirmó un brote de FA en una granja extensiva de búfalos de agua en Brandemburgo, cerca de Berlín. Según el Gobierno del estado de Berlín, dichos animales están presentes en Alemania desde la década de los 90, donde se crían por su leche y carne, así como método de manejo de la cubierta vegetal.

La confirmación del brote fue realizada por el laboratorio Nacional de Referencia de FA de Alemania (FLI, Riems), mediante análisis por *Real-Time* RT-PCR. Un día después, el Laboratorio de Referencia Europeo para la FA (ANSES, Francia) confirmó el diagnóstico e identificó que la cepa responsable pertenecía al topotipo ME-SA ("Middle-East South Asia") y al linaje SA-2018. Este linaje, detectado por primera vez en la India en el 2018, se ha expandido posteriormente por Irán, Iraq y Turquía. La secuencia del gen de la proteína de la cápsida viral, VP1, del aislado alemán asociado al brote de 2025 muestra un 99,8 % de identidad con la correspondiente al virus TUR/Igdir/2024, aislado de una oveja en Turquía en 2024.

Tanto la Comisión Europea como el Gobierno alemán reaccionaron con rapidez, y el 13 de enero adoptaron las medidas de emergencia recogidas en la [Decisión EU 2025/87](#). Dichas medidas incluyeron la prohibición del movimiento de animales y productos, el establecimiento de una zona de vigilancia intensiva con radios de 3 y 10 km, el sacrificio de los animales afectados y susceptibles presentes en la granja afectada, así como la limpieza y desinfección de las instalaciones.

En este brote, tres de los 14 búfalos murieron, mientras que el resto fueron sacrificados, junto con 200 cerdos de una granja cercana. En los días siguientes a la declaración oficial del brote, países como Corea del Sur, México o Reino Unido paralizaron las importaciones de ganado alemán y de carne de cerdo, como medidas preventivas.

La OMSA restituyó el estatus de Alemania como "país libre de FA sin vacunación" el 14 de abril de 2025, tras no identificarse nuevos focos.

### **Hungría y Eslovaquia: un brote tras 50 años de calma, con múltiples focos en poco tiempo**

En 1973 se notificaron los últimos casos de FA en Hungría y Eslovaquia. Tras más de medio siglo sin noticias del virus, el 7 de marzo de 2025 se confirmó un nuevo brote en Hungría, en una explotación de vacuno de leche ubicada en el condado de Győr-Moson-Sopron, muy próxima a la frontera con Eslovaquia. Posteriormente, el 21 de marzo, se declaró el primer brote en Eslovaquia, en la región de Dunajská Streda, próxima a la zona afectada de Hungría. Una semana después, el 27 de marzo, Hungría notificó un segundo brote y, a finales de marzo, el país contaba ya con cinco brotes confirmados. Mientras, en Eslovaquia, entre el 21 y 30 de marzo se notificaron nuevos brotes, incluido uno cerca de Bratislava, próximo a la frontera con Austria.

Los últimos brotes registrados en Eslovaquia y Hungría, se confirmaron el 4 y 17 de abril respectivamente. En total, los brotes de FA registrados en Hungría y Eslovaquia, afectaron a más de 6 000 cabezas de ganado en cada país.

Al igual que en Alemania, las primeras medidas de control implementadas consistieron en el sacrificio de los animales afectados y de sus contactos, así como en el establecimiento de zonas de protección (3 km) y vigilancia (10 km) alrededor de los focos confirmados. Las explotaciones afectadas en estos brotes se encontraban en regiones con una alta densidad ganadera, lo que determinó la especial vulnerabilidad de la zona frente a una transmisión rápida y extensa.

Otros factores que favorecieron la rápida propagación del virus y la aparición de múltiples focos fueron la proximidad entre las granjas, situadas en la frontera de ambos países y la intensa actividad comercial y de transporte de ganado en la región. Todo ello obligó a implementar nuevas medidas de control que garantizaran el control eficaz de la FA en la zona.

Para ello se amplió aún más la zona de vigilancia, se cerraron parques y zoológicos, y principalmente, se aplicó una política de vacunación de animales susceptibles en las regiones afectadas. El objetivo de esta vacunación no fue tanto la prevención como la supresión. La implementación de la vacunación permitió reducir la carga viral circulante, lo que redujo la presión sobre los recursos humanos, logísticos y técnicos destinados al control de los brotes, contribuyendo de manera decisiva a que no se notificaron nuevos focos de la enfermedad.

El centro de referencia europeo para la FA (ANSES, Francia) secuenció el genoma completo de 36 muestras procedentes de los brotes de Hungría y Eslovaquia. Los resultados mostraron un único antepasado común para todas las secuencias obtenidas de

animales infectados, lo que indica una sola introducción del virus, estimada entre el 27 y 28 de febrero de 2025 en Hungría. La secuenciación confirmó que la cepa correspondía al serotipo O, topotipo ME-SA, igual al detectado en el brote en Alemania, aunque de linaje y sublinaje distintos: Pan-Asia2, ANT-10. Esto descarta una relación epidemiológica entre el brote alemán de enero y los ocurridos en marzo/abril en Hungría y Eslovaquia.

Las nuevas secuencias reportadas en estos brotes están estrechamente relacionadas con aislados de FA que circularon en Pakistán (2017-2018) y más recientemente en Turquía (2024). El origen del brote, al igual que el notificado en Alemania en enero, continua en investigación; sin embargo, se carece de evidencias que sugieran como causa una introducción deliberada.

### ¿Qué nos deja esta crisis?

Este episodio de 2025 constituye un **recordatorio de la persistente vulnerabilidad de Europa** frente a la fiebre aftosa. La rápida actuación de Alemania, Hungría y Eslovaquia, con el respaldo de la Comisión Europea, permitió evitar la propagación del virus más allá de esas regiones, poniendo de manifiesto una vez más la relevancia de la **detección temprana, la cooperación internacional y la aplicación inmediata y fortalecimiento de las medidas de bioseguridad**. Asimismo, destaca el papel clave de las vacunas frente a la FA, las cuales, en los brotes de Hungría y Eslovaquia, resultaron determinantes para reducir la carga viral en las zonas afectadas y facilitar el control eficaz del brote.

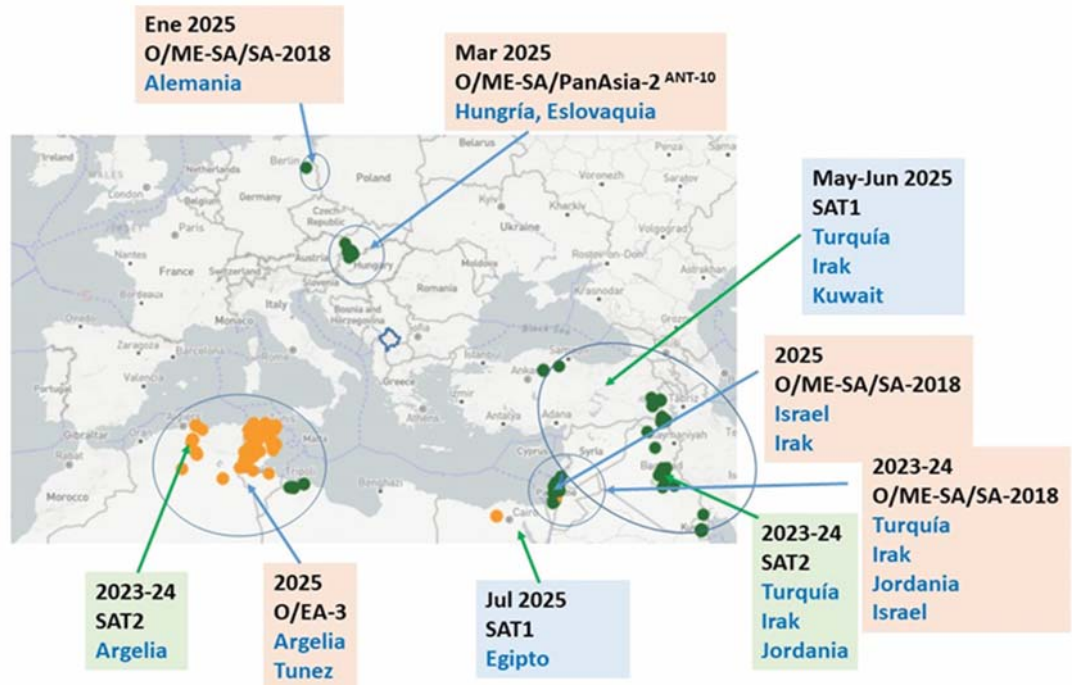
### Emergencia de serotipos exóticos de fiebre aftosa en Oriente Medio y Eurasia occidental: riesgos y desafíos para Europa

En los países de Oriente Medio y el occidente de Eurasia circulan predominantemente los serotipos O, A y Asia 1 del virus de la FA, agrupados en el denominado *pool 3*. De este grupo procedieron los virus causantes de los brotes de FA en Alemania, Hungría y Eslovaquia.

Sin embargo, en los últimos años se ha observado con preocupación la emergencia de serotipos considerados exóticos, como SAT1 y SAT2, fuera de sus zonas habituales de circulación, principalmente el este de África y los países del África subsahariana. En 2023 se notificaron brotes del serotipo SAT2 en Argelia, Irak, Jordania y Turquía, mientras que en el 2025 se confirmaron casos de SAT1 en Kuwait, Baréin, Irak y Turquía. Asimismo, en enero de 2024, la Comisión Europea para el Control de la FA (EuFMD) notificó un incremento de brotes en el norte de África (Argelia, Túnez y Libia). Entre ellos destaca la detección del serotipo SAT2 en Argelia, que constituye un cambio epidemiológico relevante, dado que los programas de vacunación de la región se centran en los serotipos A y O. En Túnez y Libia se confirmaron focos asociados al topotipo O/EA-3, y Marruecos no registró brotes en 2024. El Ramadán, periodo asociado a un mayor movimiento de animales, eleva el riesgo de introducción de nuevos serotipos desde el África subsahariana, lo que aumenta la amenaza de incursión en la Unión Europea, especialmente en España. En este contexto, el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA) recomendó en 2024 reforzar las medidas de bioseguridad en el transporte y en las fronteras, intensificar la vigilancia pasiva en explotaciones y mantener un alto nivel de alerta ante posibles sospechas clínicas. Dado que estas regiones no constituyen zonas de circulación habitual de dichos serotipos, sus poblaciones ganaderas carecen de inmunidad previa, lo que favorece una propagación rápida de la enfermedad.

La circulación de serotipos y linajes no endémicos en esas regiones, pone de manifiesto el dinamismo epidemiológico de la FA. Además, su proximidad a regiones libres de la enfermedad sin vacunación, como Europa, constituye una amenaza constante. En este contexto, es crucial reforzar los sistemas de vigilancia, establecer medidas de

control específicas y, sobre todo, fortalecer la preparación tanto a nivel nacional como regional en Europa para afrontar la posible introducción de estos serotipos.



Localización de los brotes de FA causados por serotipos exóticos en 2023, 2024 y 2025, en áreas cercanas a Europa, según datos del portal WAHIS (base de datos zoonosarios de referencia mundial de la OMSA).

## Referencias

Organización Mundial de Sanidad Animal (2025). "Fiebre aftosa: gestionar la respuesta en medio del caos durante su resurgimiento". Artículo OMSA [con acceso el 25 de septiembre de 2025].

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (2024). "Foot-and-mouth disease quarterly report, January-March 2024". FAO, Roma.

Edwards, N. *et al.* (2025). "Foot-and-mouth disease virus O/ME-SA/SA-2018: A new emerging threat posed by viruses circulating in Asia?". *Infection, Genetics and Evolution* **132**: 105771.

World Reference Laboratory for Foot-and-Mouth Disease (2025) –Country reports (Detection and Serotyping, Genotyping and Vaccine matching reports) produced by the FAO World Reference Laboratory for FMD [con acceso el 25 de septiembre de 2025].

McLaws, M. *et al.* (2023). "Risk of foot-and-mouth disease SAT2 introduction and spread in countries in the Near East and west Eurasia" – FAO Qualitative Risk Assessment, October 2023. FAO, Roma.

Jamal, S. M. *et al.* (2023). "Emergence of new sublineages of serotype O foot-and-mouth disease viruses circulating in Pakistan during 2012–2021." *Virology* **605**: 110455.

Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (2024). "Nota sobre situación de la fiebre aftosa (FA) en el norte de África, 16/01/2024". Dirección General de Sanidad de la Producción Agroalimentaria y Bienestar Animal – Subdirección General de Sanidad e Higiene Animal y Trazabilidad [con acceso el 25 de septiembre de 2025].

**Esther Blanco, Juan Bárcena** (investigadores) y **Cristina Pérez-García** (contratada predoctoral PREP2022-000099) pertenecen al Centro de Investigación en Sanidad Animal (CISA), INIA-CSIC, en Valdeolmos, Madrid. **Miguel Ángel Ramírez** (investigador) pertenece al Departamento de Reproducción Animal del INIA-CSIC, en Madrid. Ambos grupos colaboran en el proyecto PID2022-140925OB-I00 centrado en el desarrollo de vacunas frente al virus de la fiebre aftosa.



## Las aguas residuales en la erradicación del virus de la poliomielitis

Rosa M. Pintó, Albert Carcereny, David García-Pedemonte, Ian Pérez, Maria Isabel Costafreda, Susana Guix y Albert Bosch



En el año 1988 se creó la Iniciativa Global para la Erradicación de la poliomielitis (GPEI) con el fin de conseguir un mundo libre de poliovirus (PV).

La GPEI usa tres herramientas: vacunación, vigilancia y contención. La vigilancia incluye no sólo la detección sindrómica de casos de parálisis flácida aguda (AFP) si no también el control de la presencia de PV en aguas residuales, que informa sobre la circulación silenciosa del virus en la población. En el agua residual de regiones donde se administra la vacuna oral (OPV), se pueden detectar los virus vacunales originales (Sabin 1, 2 y 3), virus vacunales con mutaciones (Sabin-like de tipos 1, 2 y 3) así como virus derivados de la vacuna (VDPV2, VDPV3 y VDPV1, por orden de frecuencia), o incluso PV salvaje tipo 1 (PV1) en aquellas zonas donde todavía no se ha erradicado, como Afganistán y Pakistán<sup>[1]</sup>. Los VDPV y los Sabin-like pueden presentar mutaciones y eventos de recombinación que les permiten revertir a un fenotipo virulento, de ahí su importancia, sobre todo para pacientes que no han sido convenientemente vacunados o en pacientes inmunosuprimidos.

En las zonas del mundo donde los tres serotipos de PV están erradicados y donde se administra la vacuna inactivada (IPV), como sería España, se pueden detectar OPV, Sabin-like y VDPV, e incluso muy excepcionalmente PV salvajes, por eventos de importación desde países donde se administran las OPV o donde el PV1 salvaje todavía circula. Por ello, en 2014 se declaró la aún vigente [Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional \(PHEIC\) para el control de la circulación de PV](#).

Basándose en criterios epidemiológicos y virológicos, la GPEI definió en 2016 los criterios para distinguir entre los PV derivados de la vacuna (VDPV) así como los derivados de la vacuna circulantes (cVDPV):

- **VDPV:** cepas del virus derivadas de la vacuna oral (OPV) que presentan una divergencia en la secuencia codificante de la proteína VP1 superior al 1 % ( $\geq 10$  sustituciones de nucleótidos) para los serotipos 1 y 3, y superior al 0,6 % ( $\geq 6$  sustituciones de nucleótidos) para el serotipo 2. Todos aquellos PV derivados de la vacuna con una divergencia inferior a las mencionadas, serán considerados Sabin-like.
- **cVDPV:** aislados de VDPV para los cuales hay evidencia de transmisión de persona a persona:
  - i. VDPV genéticamente relacionados aislados de, al menos, dos casos de AFP, o:
  - ii. VDPV genéticamente relacionados aislados de, al menos, dos personas, con o sin síntomas, o:

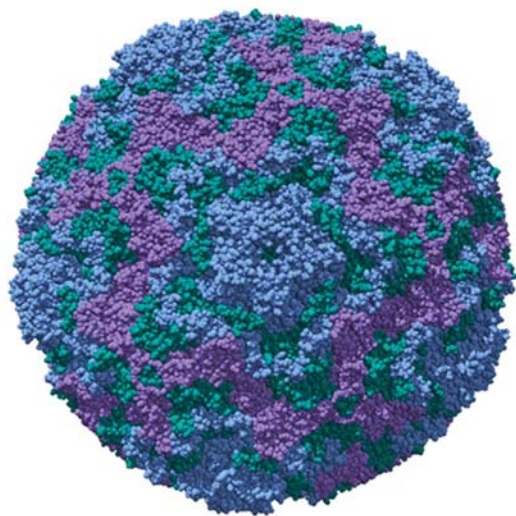
- iii. VDPV aislados de una persona y, al menos, una muestra ambiental, o:
- iv. VDPV aislados de, al menos, dos muestras ambientales de localizaciones distintas, o de la misma localización, pero en fechas distintas.

El 16 de setiembre de 2024 se detectó en las aguas residuales de la depuradora del Besòs, en el norte del área metropolitana de Barcelona (que sirve a una población de 1,8 millones de habitantes), un VDPV2. Dicho virus estaba genéticamente muy cercano a la cepa NIE-ZAS-1 originaria de Nigeria<sup>[3]</sup> y presentaba 48 mutaciones en la región codificante de la proteína VP1 (5,3 % de divergencia respecto a Sabin 2). Posteriormente, cepas muy parecidas fueron detectadas en Varsovia, Múnich, Knostrop, Bonn, Maguncia, Dusseldorf, Hamburgo, Crossness, Beckton, Támpere y Rzeszów<sup>[4]</sup>. El evento se alargó en el espacio y en el tiempo, sobre todo en Alemania. En Barcelona hubo una segunda y última detección el 28 de octubre de 2024. En definitiva, este evento, por su extensión y duración, fue causado por un cVDPV2. Afortunadamente, no se detectaron casos de AFP en ningún país gracias a la alta cobertura vacunal existente en Europa.

La detección de cVDPV2 en cinco países europeos confirma la utilidad de la vigilancia de las aguas residuales para detectar PV. No está claro si la cepa NIE-ZAS-1 de cVDPV2 se importó también en otros países europeos, debido a la falta o limitación de su vigilancia en las aguas residuales.

El hecho de que los PV puedan transmitirse en poblaciones vacunadas, incluso con la IPV, implica que existe la posibilidad de que circulen de manera silenciosa durante largos períodos sin ser detectados, lo que constituye un riesgo para la población que no cuenta con una inmunoprotección adecuada. La vigilancia rutinaria de PV en aguas residuales permite informar a las autoridades de salud pública para que puedan implementar anticipadamente las medidas adecuadas para evitar la extensión de su circulación. En el caso de Cataluña, donde la cobertura vacunal es de alrededor del 90 %, se llevó a cabo una campaña mediante SMS recordando la necesidad de la administración de la cuarta dosis de la vacuna IPV, que debería de ser entre los 4-6 años.

El hallazgo de cepas de cVDPV2 en varios países de Europa demuestra la importancia de mantener la PHEIC, de investigar de inmediato cualquier caso sospechoso de AFP y de continuar con una vigilancia estricta de PV en las aguas residuales, además de reforzar la vacunación para evitar que surjan casos de poliomielitis.



Representación 3D de la partícula icosaédrica de un virión del virus de la polio, compuesta por 60 copias de cada una de las proteínas VP1 (proteína viral 1, azul), VP2 (morado), VP3 (verde) y VP4 (Imagen, cortésia de Vincent Racaniello, 2018).

Para finalizar, cabe destacar que, en el momento de redactar este resumen, estamos siguiendo la evolución de un PV Sabin 3-like, con 6 mutaciones en la región codificante de la proteína VP1 (0,6 % de divergencia respecto a Sabin), detectado en las aguas residuales del Baix Llobregat en el área metropolitana sur de Barcelona.

## Referencias

- [1] Global Polio Eradication Initiative (2025). Polio this week – Country updates [con acceso el 25 de septiembre de 2025].
- [2] World Health Organization (2014). “WHO statement on the second meeting of the International Health Regulations Emergency Committee concerning the international spread of wild poliovirus” [WHO; con acceso el 25 de septiembre de 2025].
- [3] Huseynov, S. *et al.* (2025). “Notes from the Field: Detection of vaccine-derived poliovirus type 2 in wastewater – Five european countries, September–December 2024”. *MMWR Morb. Mortal Wkly. Rep.* **74**: 122–124.
- [4] Böttcher, S. *et al.* (2025). “Detection of circulating vaccine-derived poliovirus type 2 (cVDPV2) in wastewater samples: a wake-up call, Finland, Germany, Poland, Spain, the United Kingdom, 2024”. *Euro Surveill.* **30**: 2500037.

Rosa M. Pintó, Albert Carcereny, David García-Pedemonte, Ian Pérez, Maria Isabel Costafreda, Susana Guix y Albert Bosch forman parte del [Grupo de Investigación de Virus Entéricos](#), en el Departamento de Genética, Microbiología y Estadística de la Universidad de Barcelona.



### La amenaza persistente del H5N1 y la importancia de la vigilancia One Health

Inmaculada Casas  
icasas@isciii.es

Los virus de la influenza A y, en particular, los del subtipo A/H5N1, y perteneciente a este subtipo, los virus del clado 2.3.4.4b, despiertan especial preocupación por ser una amenaza pandémica debido a su capacidad de rápida evolución, su creciente rango de hospedadores y la evidencia reciente de transmisión entre algunos mamíferos concretos como son los visones<sup>[1]</sup> y mamíferos marinos<sup>[2]</sup>. Es preocupante su mayor potencial de diseminación sistémica y su amplio tropismo celular, incluyendo su potencial neurotropismo<sup>[3,4]</sup>. Aunque se conocen parcialmente algunos determinantes genéticos asociados a esta capacidad, aún faltan datos virológicos sobre su patogenicidad relativa al sistema nervioso central.

Los virus A/H5N1, clado 2.3.4.4b, presentan al menos 16 genotipos diferentes y han adquirido el número más alto de características zoonóticas debido a su amplia circulación. Los genes de las polimerasas PB2, PB1 y PA exhiben una presión selectiva 28 veces mayor que en virus A/H5N1 anteriores. El brote de 2024 en vacas lecheras en EE. UU., genotipo B3.13, puso de manifiesto que este virus no se limita a las aves y a la fauna silvestre, sino que puede infectar a especies domésticas, incluyendo el ganado vacuno<sup>[5]</sup>. Este hecho eleva la alarma sobre los riesgos sanitarios y económicos.

Aunque las infecciones humanas por A/H5N1 siguen siendo raras y la mayoría de los casos se relacionan con contacto directo con aves infectadas, el riesgo persiste. Desde 2003 y hasta agosto de 2025, se han registrado 990 casos humanos en 25 países, con 474 fallecimientos, representando una tasa de letalidad cercana al 48 %. A pesar de ello, no se ha documentado transmisión sostenida entre personas, y en España el riesgo para la población general se considera muy bajo.

En humanos, las medidas de contención<sup>[6]</sup> frente a la gripe aviar se aplican a personas con riesgo ocupacional e incluyen protección personal, seguimiento clínico, profilaxis antiviral (oseltamivir, zanamivir, baloxavir) y el intercambio de información genómica clave para el desarrollo de vacunas. La EMA ha autorizado cuatro vacunas en la UE: tres basadas en cepas A/H5N1 (Celldemic, Incellipan y Aflunov) y una basada en A/H5N8 (Zoonotic Influenza Vaccine).

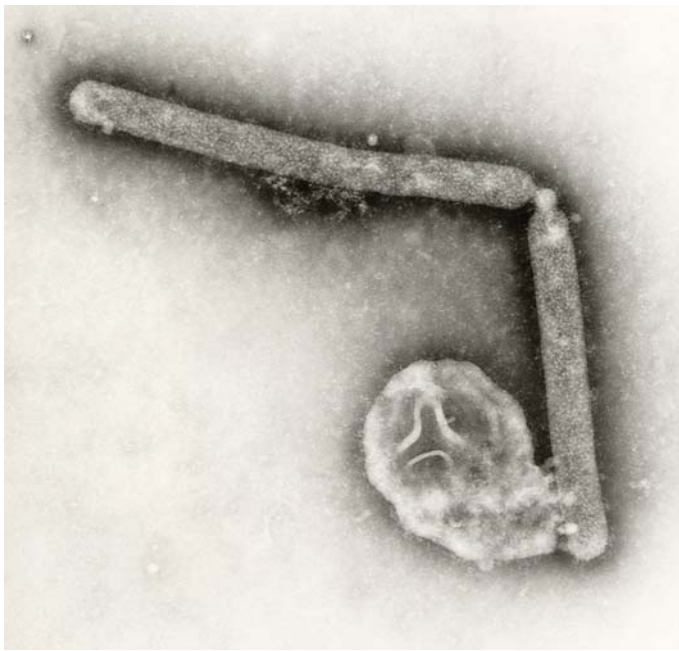


Imagen al microscopio electrónico de transmisión de dos viriones de influenza A (H5N1) (CDC/ Cynthia Goldsmith; Jackie Katz; 2004).

La Estrategia de Vigilancia Genómica 2022-2032 de la OMS contempla la caracterización molecular de virus respiratorios emergentes como la gripe aviar. En este marco, se refuerza la necesidad de consolidar sistemas de vigilancia bajo el enfoque *One Health*, integrando la prevención, control y detección de infecciones por virus zoonóticos. Una estrategia coordinada facilitaría la colaboración entre instituciones humanas y veterinarias, el uso de bases de datos conjuntas y la armonización de protocolos genómicos. Sus beneficios serían notables: detección temprana de brotes, reducción del riesgo de transmisión a humanos y disminución de la mortalidad y morbilidad. Además, permitiría alertar sobre posibles adaptaciones del virus que favorezcan la transmisión sostenida entre personas.

Desde julio de 2025, en España se ha producido un incremento en la notificación de focos tanto en aves silvestres como en aves de corral. De los focos en aves silvestres los que han generado mayor preocupación son los detectados en diferentes

parques y núcleos urbanos y periurbanos en la ciudad de Sevilla debido la posibilidad de interacción entre la población general y las aves en estos entornos<sup>[10]</sup>. En respuesta a este evento, en lo referente a la salud humana, se están siguiendo las medidas que se establecen en el protocolo de prevención<sup>[6]</sup>.

Desde el 2 de enero de 2025 hasta el 25 de septiembre se han notificado un total de 49 focos en aves: 41 en aves silvestres en Andalucía, Extremadura, País Vasco, Castilla-La Mancha, Castilla y León, Cataluña, Galicia, Madrid y Asturias; 6 en aves de corral en Andalucía, Extremadura, Castilla y León y Castilla-La Mancha; y 2 en aves cautivas en el País Vasco y Andalucía.

En definitiva, el H5N1 sigue siendo un recordatorio de la vulnerabilidad global ante patógenos zoonóticos y de la necesidad de respuestas preventivas conjuntas. La implementación de una vigilancia genómica *One Health* se perfilaría como herramienta clave para anticipar y contener futuras amenazas pandémicas.

## Referencias

[1] Agüero, M. *et al.* (2023). "Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) virus infection in farmed minks, Spain, October 2022". *Euro Surveill.* **28**: 2300001.

[2] Uhart, M. M. *et al.* (2024). "Epidemiological data of an influenza A/H5N1 outbreak in elephant seals in Argentina indicates mammal-to-mammal transmission". *Nature Comm.* **15**: 9516.

[3] Bordes, L. *et al.* (2023). "Highly pathogenic avian influenza H5N1 virus infections in wild red foxes (*Vulpes vulpes*) show neurotropism and adaptive virus mutations". *Microbiol. Spectr.* **11**: e02867.

[4] Chothe, S. K. *et al.* (2024). "Marked neurotropism and potential adaptation of H5N1 clade 2.3.4.4.b virus in naturally infected domestic cats". *Emerg. Microbes Infect.* **14**: 2440498.

[5] Caserta, L. C. *et al.* (2024). "Spillover of highly pathogenic avian influenza H5N1 virus to dairy cattle". *Nature* **634**: 669-676.

Burrough, E. R. *et al.* (2024). "Highly pathogenic avian influenza A(H5N1) Clade 2.3.4.4b virus infection in domestic dairy cattle and cats, united states". *Emerg. Infect. Dis.* **30**: 1335-1343.

- [6] Ministerio de Sanidad (2023). "Prevención, detección precoz y control de gripe aviar en personas expuestas a focos en aves y visones. Fecha: 3 de febrero de 2023". [Sanidad; con acceso el 26 de septiembre de 2025].
- [7] European Medicines Agency (2025). Ficha técnica "Celldemic, suspensión inyectable en jeringa precargada; vacuna contra la gripe zoonótica (H5N1) (antígeno de superficie, inactivada, con adyuvante, preparada en cultivos celulares)". [EMA; con acceso el 26 de septiembre de 2025].
- [8] European Medicines Agency (2025). Ficha técnica "Aflunov, suspensión inyectable en jeringa precargada; vacuna contra la gripe zoonótica (H5N1) (antígenos de superficie, inactivada, adyuvada)". [EMA; con acceso el 26 de septiembre de 2025].
- [9] European Medicines Agency (2025). Ficha técnica "Zoonotic Influenza Vaccine Seqirus, suspensión inyectable en jeringa precargada, vacuna contra la gripe zoonótica (H5N8) (antígenos de superficie, inactivada, adyuvada)". [EMA; con acceso el 26 de septiembre de 2025].
- [10] Junta de Andalucía. Consejería de Salud y Consumo (2025). "Medidas preventivas, de vigilancia y control de influenza aviar en parques urbanos o periurbanos. Fecha: 9 de septiembre de 2025". [J. A.; con acceso el 26 de septiembre de 2025]

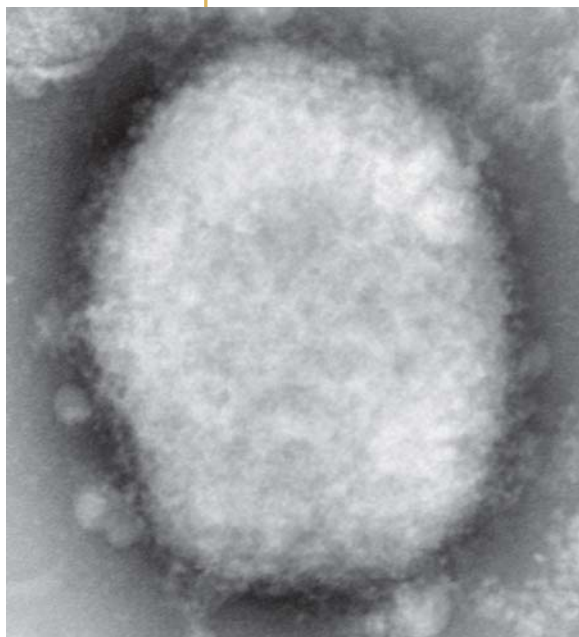
**Inmaculada Casas**, investigadora científica de OPIs, es responsable del Laboratorio de Referencia e Investigación en Virus Respiratorios del Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid. Ha trabajado en el diagnóstico y caracterización de virus, desarrollando sistemas de detección y de caracterización de diferentes genes de virus asociados a infección respiratoria viral. Coordina la vigilancia virológica nacional de los virus gripales como parte del Sistema de Vigilancia de la Gripe en España. Además, en su laboratorio se estudian las alertas sanitarias relacionadas con Salud Pública en las que se impliquen virus respiratorios como gripe aviar, coronavirus u otros posibles virus que puedan saltar la barrera interespecie al ser humano.



## El virus de la viruela del simio. Situación actual

M<sup>a</sup> Paz Sánchez-Seco  
paz.sanchez@isciii.es

Anabel Negrodo  
anabelnegredo@isciii.es



Micrografía electrónica de transmisión (MET) con tinción negativa mostrando una partícula del virus mpox de tipo M, o de tipo morera, hallada en fluido vesicular humano (CDC/ Charles D. Humphrey, Tiara Morehead y Russell Regnery, 2003; [imagen de dominio público](#)).

El virus de la viruela M o mpox (previamente conocido como virus de la viruela del mono o del simio) se hizo popular en 2022 cuando aparecieron, fuera de África, casos de infección por el virus que se propagaron de forma explosiva fundamentalmente a través de redes sexuales. También en la República de Sudán, en campos de refugiados, y en la República Democrática del Congo (RDC) comenzó un resurgimiento de casos. Todo esto hizo que la Organización Mundial de la Salud (OMS) declarara el evento como una ESPII (Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional). El grupo genético asociado a la dispersión fuera de África fue el clado II, que produce una enfermedad más leve que el clado I. El clado I, que en 2022 también causó un brote, apareció con mayor protagonismo en agosto de 2024 y la OMS declaró que el aumento de casos que se estaba produciendo, fundamentalmente en la RDC y países vecinos, constituía una nueva ESPII y se instó a los países a que revisaran la capacidad diagnóstica debido a que se identificó una nueva variante genética, el subclado Ib.



Esta imagen del brote de 2022 muestra una vista de la cara de un paciente de mpox, que revela lesiones maculopapulares (© Eva Orviz, 2022).

Dentro del clado I se distinguen dos subclados. El clado Ia se encuentra fundamentalmente en RDC, República Centroafricana (en ambos países con una alta tasa de infección en niños) y República del Congo. En general, parece que la mayoría de casos son saltos desde animales (“spillover”) con transmisión secundaria, pero hay cada vez mayor evidencia de transmisión humano-humano sostenida mediante contacto sexual. Con fecha 26 de septiembre de 2025, se han detectado varios casos de infección importada en Irlanda, Turquía y China.

El clado Ib circula en RDC y países vecinos y otros países con casos importados. No se han visto casos asociados a transmisión zoonótica desde animales. En la mayoría de las ocasiones se ha visto un contacto sexual relacionado con individuos de zonas endémicas que posteriormente puede dar lugar a transmisión intradomiciliaria. Se han detectado, con fecha 26 de septiembre de 2025, casos

importados en 29 países, 9 de ellos europeos: Suecia, Alemania, Reino Unido, Bélgica, Francia, Irlanda, Suiza, Italia y, recientemente, España, donde se han detectado dos casos, uno autóctono, sin vínculo epidemiológico con las zonas endémicas. La mayoría han sido casos aislados, aunque algunos han dado lugar a transmisión secundaria.



Se muestran las palmas de las manos de un paciente con mpox en Lodja, ciudad ubicada en la Zona Sanitaria de Katoko-Kombe, República Democrática del Congo (RDC). Cabe destacar la similitud de esta erupción maculopapular con la erupción de la viruela, también un ortopoxvirus (CDC/ Brian W.J. Mahy, 1997; imagen de dominio público).

El clado II se considera menos patogénico que el clado I y también se distinguen dos subclados. El IIa se había detectado solo asociado a animales, pero recientemente se han diagnosticado varios casos en adultos y niños sin vínculo epidemiológico conocido. En cuanto al IIb, el que causó el brote de 2022, sigue circulando mayoritariamente en hombres que tienen sexo con hombres.

En global, se ha reportado mpox, con confirmación de laboratorios, en más de 100 000 casos de 120 países con más de 220 muertes. En España, a fecha 9 de septiembre se habían notificado un total de 8916 casos confirmados desde el inicio del brote en abril de 2022 (7 521 en 2022; 325 en 2023; 695 en 2024; y 398 en 2025) procedentes de 17 comunidades autónomas. Ceuta y Melilla no han notificado casos en el periodo.

En resumen, la viruela del mono continúa representando una **amenaza global** especialmente en **África central y occidental**, por el rebrote del más agresivo clado I, mientras que el clado II mantiene una circulación residual pero persistente en otras regiones. Las autoridades internacionales insisten en mantener la vigilancia epidemiológica, fortalecer la detección precoz y garantizar el acceso a vacunas, especialmente entre grupos de alto riesgo.

**M<sup>a</sup> Paz Sánchez-Seco** es investigadora científica del Laboratorio de Referencia e Investigación en Arbovirus y Serología del Centro Nacional de Microbiología-Instituto de Salud Carlos III, en Majadahonda, Madrid; y jefa de grupo en el CIBER de Enfermedades infecciosas (CIBERINFEC), al que pertenece **Anabel Negrodo**, doctora en Farmacia y científica titular de Organismos Públicos de Investigación.



## Caso de rabia humana importada en España

Juan E. Echevarría  
jeecheva@isciii.es

El día 6 de junio de 2025 falleció de rabia un hombre de 44 años en el Hospital de Alcoy (Alicante), tras haber ingresado días antes con un cuadro clínico compatible, que fue confirmado por el laboratorio nacional de referencia del Centro Nacional de Microbiología (Instituto de Salud Carlos III) mediante detección de genomas víricos en muestras de saliva, líquido cefalorraquídeo y biopsia de piel de nuca. El paciente había sido mordido diez meses antes por un perro durante un viaje a Etiopía. La relación causal entre la mordedura y la enfermedad pudo ser establecida mediante la secuenciación del genoma viral, que presentó una elevada homología con secuencias etíopes disponibles en las bases de datos.

Los lisavirus no alcanzan el cerebro a través del torrente sanguíneo, como es lo habitual, sino que penetran en células nerviosas en el lugar de la mordedura, para ascender por su interior hasta el encéfalo en una progresión muy lenta, del orden de unos pocos milímetros diarios, siendo esta la razón del largo período de incubación

que caracteriza a la rabia, que habitualmente suele ser de unas cuatro a ocho semanas, dependiendo de la distancia de la herida causada por la mordedura al cerebro. Llama la atención lo excesivamente dilatado del tiempo transcurrido en este caso entre la mordedura y los síntomas, aunque existen varios antecedentes bibliográficos en los que este fue superior, incluso de varios años. Esto es difícil de documentar cuando las personas expuestas son residentes en zonas endémicas, ya que no se puede descartar con seguridad que haya podido haber exposiciones inadvertidas en momentos posteriores al evento identificado como origen de la infección. Por esta razón, los casos bien documentados de períodos de incubación extremos suelen corresponder a infecciones contraídas en zonas endémicas tras las que los pacientes retornan a sus domicilios en países libres de rabia, como ha ocurrido en esta ocasión. Existen antecedentes de casos importados de rabia humana en España en los años 2004, 2014 y 2019, todos ellos en personas que habían sufrido mordeduras caninas en Marruecos y que, lamentablemente, también fallecieron.

La rabia es una enfermedad altamente letal (100 % tras la aparición de síntomas), pero totalmente prevenible ya que existe una vacuna que puede ser administrada de forma preventiva, o como profilaxis postexposición tras el contacto con un animal sospechoso. Estos tratamientos son absolutamente eficaces, carecen de efectos adversos graves y existen desde hace 140 años, por lo que es inadmisibles que todavía sigan muriendo de rabia alrededor de 60 000 personas al año en el mundo por falta de acceso a ellos.

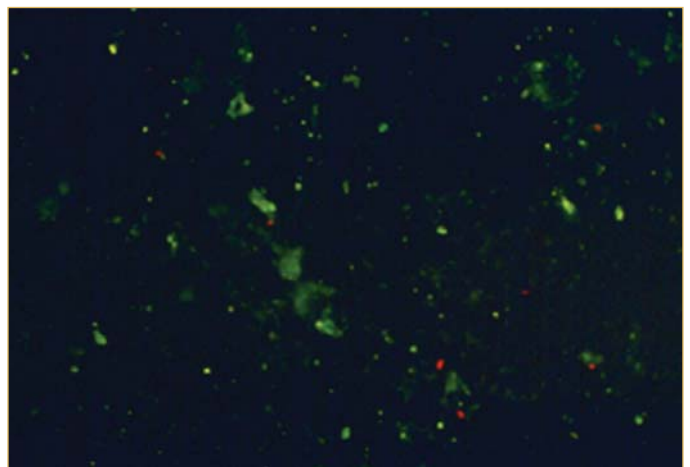


Figura 1. Microscopía de fluorescencia de un ensayo de detección de antígenos víricos por inmunofluorescencia, realizado en una impronta de tejido cerebral de un perro infectado por virus de la rabia (Imagen del autor).

Pero la mejor protección contra la rabia es mantener vacunadas a nuestras mascotas y seguir estrictamente las normas de movimientos transfronterizos de animales para mantenernos libres de la enfermedad, así como conseguir su eliminación en los países endémicos a través de una cooperación internacional decidida y activa. El objetivo "0 en 2030" pretende que, para ese año, no haya más muertes humanas por rabia de origen canino (más del 99 % de ellas) en ningún lugar del mundo. Se intenta conseguir mediante acciones globales lideradas de forma conjunta por la OMS, la OMSA, la FAO y la Alianza Internacional Contra la Rabia bajo la perspectiva de "Una sola salud" (*One Health*). Es una buena causa para la Virología.

**Juan E. Echevarría** es virólogo, doctor en Farmacia e investigador científico en el Centro Nacional de Microbiología (CNM) del Instituto de Salud Carlos III. Responsable del laboratorio nacional de referencia de rabia e investigador principal de una línea de investigación en virus asociados a murciélagos, es, además, coordinador del Sistema de Respuesta Rápida ante alertas del CNM. Actualmente es el presidente de la Sociedad Española de Virología.



## Reemergencia global del sarampión: desafíos y llamada a la acción

Aurora Fernández-García  
aurorafg@isciii.es

Noemí López-Perea  
nlopezp@isciii.es

El sarampión es una de las mayores causas de morbilidad y mortalidad infantil en el mundo, especialmente en los países empobrecidos, a pesar de disponer de una vacuna asequible, segura y eficaz<sup>[1]</sup>. El agente causal de la enfermedad es el virus del sarampión, perteneciente al género *Morbillivirus*, de la familia *Paramyxoviridae*. Debido a su alta transmisibilidad ( $R_0=12-18$ ), se precisan coberturas de al menos el 95 % con dos dosis para interrumpir la circulación. La presentación clínica típica incluye fiebre y exantema maculopapuloso, acompañada de tos, coriza o conjuntivitis. Hasta el 30 % de los casos presentan complicaciones, que pueden llevar a la muerte.

La OMS planteó su eliminación a finales del siglo xx. España –que había incluido su vacuna en calendario en 1981– tras el logro y mantenimiento de elevadas coberturas y la reducción drástica en la incidencia, obtuvo el certificado de eliminación por la OMS en 2017<sup>[2]</sup>. Sin embargo, los casos en trabajadores de entornos sanitarios y las presentaciones clínicas atípicas en personas vacunadas, suponen un reto en esta fase de poseliminación<sup>[3,4]</sup>.

Desde 2022 se está produciendo una expansión global del sarampión, con un aumento de casos y brotes en todas las regiones de la OMS, debido fundamentalmente a la disminución de las coberturas de vacunación. Las principales causas son: la atención prioritaria a la pandemia de COVID-19, los conflictos bélicos y crisis humanitarias, así como el auge



La mejilla de un niño infectado con el virus del sarampión muestra la erupción característica (CDC/ Tatiana Lanzieri, 2024; imagen de dominio público).

de movimientos contrarios a la vacunación. El sarampión es un marcador claro de inequidad en los sistemas de salud<sup>[5]</sup>.

Se estima que en 2023 se produjeron 10,3 millones de casos (20 % más que 2022)<sup>[6]</sup> y 107 500 muertes, principalmente niños menores de cinco años<sup>[7]</sup>. En 2024, la UE/EEE registró un aumento de casos diez veces superior al de 2023, con más de 35 000 notificaciones (227 en España), recuperando el patrón estacional previo a la pandemia<sup>[8]</sup>. Durante 2025, hasta agosto, se han notificado 7 155 casos en la UE/EEE, con 351 casos confirmados en España (datos provisionales al 13/10/2025)<sup>[9]</sup>.

Ante esta situación, la OMS hace un llamamiento urgente a extremar los esfuerzos para: alcanzar coberturas adecuadas de vacunación con dos dosis de la vacuna triple vírica; reforzar los sistemas sanitarios; implementar una vigilancia exhaustiva integrada (epidemiológica y virológica); asegurar una respuesta rápida ante brotes; y combatir activamente la desinformación.

## Referencias

- <sup>[1]</sup> World Health Organization (2025). Immunization data. "Measles and rubella global update. October 2025". [WHO; con acceso el 24 de octubre de 2025].
- <sup>[2]</sup> Ministerio de Sanidad (2015). Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud: "Plan estratégico para la eliminación del sarampión y la rubeola en España 2021-2025. Enero 2021". [Sanidad; con acceso el 24 de octubre de 2025].
- <sup>[3]</sup> Centro Nacional de Epidemiología, Instituto de Salud Carlos III (2024). Sarampión. Planes de eliminación y protocolo de vigilancia: "Protocolo de vigilancia de sarampión" (última actualización julio 2024). [CNE; con acceso el 24 de octubre de 2025].
- <sup>[4]</sup> López-Perea, N. *et al.* (2021). "Measles in vaccinated people: epidemiology and challenges in surveillance and diagnosis in the post-elimination phase. Spain, 2014–2020". *Viruses* **13**: 1982.
- <sup>[5]</sup> World Health Organization (2020). "Measles and rubella strategic framework 2021–2030". Ginebra [WHO, Iris; con acceso el 24 de octubre de 2025].
- <sup>[6]</sup> Minta, A. A. *et al.* (2024). "Progress toward measles elimination – Worldwide, 2000–2023". *MMWR Morb. Mortal Wkly. Rep.* **73**: 1036-1042.
- <sup>[7]</sup> OMS (2024). Sarampión. [WHO; con acceso el 24 de octubre de 2025].
- <sup>[8]</sup> European Centre for Disease Prevention and Control (2025). Measles. Annual Epidemiological Report for 2024. 28 April 2025. [ECDC; con acceso el 24 de octubre de 2025].
- <sup>[9]</sup> Centro Nacional de Epidemiología. Instituto de Salud Carlos III (2025). Boletín epidemiológico semanal en red. Número 40: "Informe semanal de vigilancia epidemiológica en España". [CNE, ISCIII; con acceso el 24 de octubre de 2025].

**Aurora Fernández-García** es científica titular de Organismos Públicos de Investigación en el Laboratorio de Referencia e Investigación en Infecciones Virales Inmunoprevenibles del Centro Nacional de Microbiología (CNM-Instituto de Salud Carlos III) y responsable del Programa Específico de Vigilancia Microbiológica de Sarampión y Rubeola. Es miembro del CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP). **Noemí López-Perea** es técnico superior de Organismos Públicos de Investigación en la unidad de Vigilancia de Enfermedades Prevenibles por Vacunación del Centro Nacional de Epidemiología (CNE-Instituto de Salud Carlos III) y miembro del CIBER de Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP).



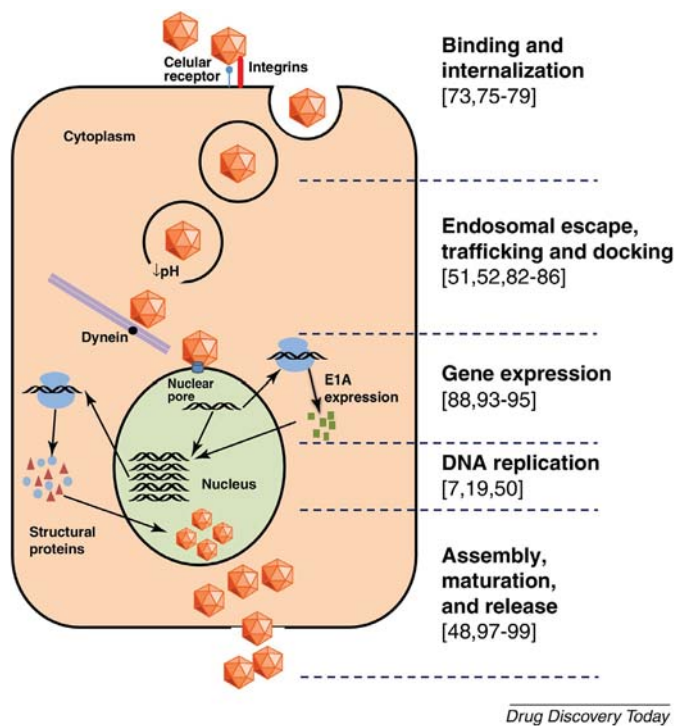


Figura 2. Ciclo replicativo del adenovirus y posibles dianas terapéuticas (Reproducida con permiso de © Elsevier Ltd., 2015<sup>[5]</sup>).

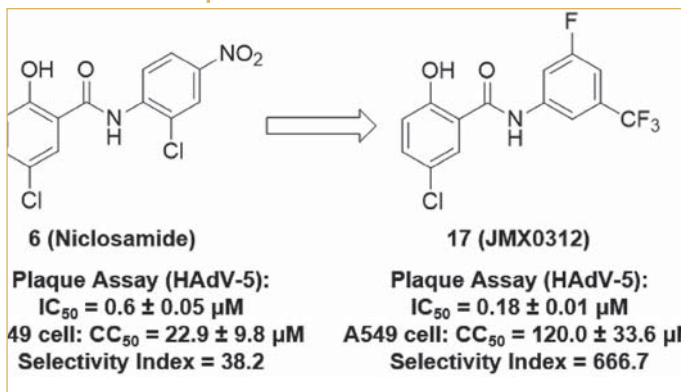


Figura 3. Optimización de derivados de salicilamida (Reproducida con permiso de © American Chemical Society, 2020<sup>[7]</sup>).

ción, y con uso muy limitado por su elevada nefrotoxicidad. En el ciclo replicativo del HAdV [Figura 2] existen diversas dianas posibles para nuevas moléculas que inhiban su replicación<sup>[5]</sup>.

Nuestros esfuerzos en el desarrollo de nuevas moléculas antivirales han estado dirigidos en los últimos años a los derivados de la salicilamida, con base en la actividad antiviral identificada previamente para la niclosamida<sup>[6]</sup>. Tras diversas fases de optimización *in vitro*, se identificó la molécula JMX0312<sup>[7]</sup> como candidata idónea por su potente efecto antiviral y baja citotoxicidad frente al HAdV [Figura 3] y otros virus ADN y ARN. Estudios mecánicos han revelado que la molécula JMX0312 actúa en etapas tardías del ciclo replicativo del HAdV; lo que fue confirmado tras la generación de HAdV mutantes resistentes que presentaban una mutación en la proteína ADP del virus, relacionada con procesos de lisis y liberación de la nueva progenie viral. Además, las mejores propiedades farmacocinéticas del derivado JMX0312, en comparación con la niclosamida, han hecho posible la evaluación de su eficacia y seguridad en modelos animales: en un modelo de infección diseminada por HAdV-6 en hámster sirio inmunodeprimido<sup>[8]</sup>, y utilizando una dosis equivalente a la mitad de la dosis máxima tolerada, se confirma la seguridad *in vivo* de la molécula JMX0312 y su eficacia, tanto en la reducción de la carga viral de adenovirus en hígado y sangre, como en la mejora de la supervivencia, a pesar de que la concentración máxima alcanzada en plasma es ligeramente superior a la  $IC_{50}$  ( $0,18 \mu M$ ) de la molécula. Ello apoya la evaluación *in vivo* de esta molécula JMX0312 frente a otros virus ADN y ARN, utilizando dosis optimizada de acuerdo al análisis de los objetivos farmacodinámicos; y, en su caso, la realización de los ensayos preclínicos regulatorios requeridos antes de su potencial evaluación clínica.

## Referencias

- [1] Paixao, E. S. *et al.* (2016). "Dengue during pregnancy and adverse fetal outcomes: a systematic review and meta-analysis". *Lancet Infect. Dis.* **16**: 857-865.
- [2] Mukhopadhyay, K. *et al.* (2024). "Trends in emerging vector-borne viral infections and their outcome in children over two decades". *Pediatr. Res.* **95**: 464-479.
- [3] Echavarría, M. (2008). "Adenoviruses in immunocompromised hosts". *Clin. Microbiol. Rev.* **21**: 704-715.
- [4] Kotton C. N. *et al.* (2010). "International consensus guidelines on the management of cytomegalovirus in solid organ transplantation". *Transplantation* **89**: 779-795.
- [5] Martínez-Aguado, P. *et al.* (2015). "Antiadenovirus drug discovery: potential targets and evaluation methodologies". *Drug Discov. Today* **20**: 1235-1242.

[6] Marrugal-Lorenzo J. A. *et al.* (2019). "Repositioning salicylanilide anthelmintic drugs to treat adenovirus infections". *Sci. Rep.* **9**: 17.

[7] Xu, J. *et al.* (2020). "Structure-activity relationship studies on diversified salicylamide derivatives as potent inhibitors of human adenovirus infection". *J. Med. Chem.* **63**: 3142-3160.

[8] Carretero-Ledesma, M. *et al.* (2025). "Salicylamide derivative JMX0312 protects immunosuppressed Syrian hamsters against adenovirus lethal challenge". *Antiviral Res.* **238**: 106155.

**Javier Sánchez-Céspedes** es científico titular del CSIC y coinvestigador responsable (co-IR) del grupo "Infecciones víricas y en pacientes inmunodeprimidos", en el Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBiS). **María Eugenia Pachón Ibáñez** es investigadora del Programa Nicolás Monardes, del Servicio Andaluz de Salud (SAS) de la Junta de Andalucía, y co-IR del grupo "Resistencias bacterianas y antimicrobianas", en el IBiS.



## Nueva etapa para ToBRFV en la UE: hacia un control más efectivo y realista

Jesús Navas-Castillo  
jnavas@eelm.csic.es

Pedro Gómez  
pglopez@cebas.csic.es



Síntomas causados por el ToBRFV en frutos de tomate (Foto: Aviv Dombrovsky; con permiso de uso).

El virus rugoso del tomate (tomato brown rugose fruit virus, ToBRFV) es un tobamovirus emergente que afecta principalmente a tomate y pimiento, y que fue identificado por primera vez en Israel y Jordania entre 2014 y 2015. Desde su detección en España en 2019, ha representado una amenaza significativa para la horticultura, especialmente en las provincias de Almería y Murcia, donde la producción intensiva de tomate facilita su propagación. El ToBRFV se transmite principalmente por contacto mecánico, es decir, a través de herramientas, ropa o manos contaminadas. El virus también se transmite por semilla, lo que puede favorecer su dispersión a larga distancia y, aunque la tasa de transmisión por semilla es baja –documentada entre 0,08 % y 2,8 %–, eliminarlo de ellas no resulta tan sencillo como con otros tobamovirus. Una característica preocupante del ToBRFV es su capacidad para eludir la resistencia genética proporcionada por el gen *Tm-2<sup>2</sup>*, comúnmente utilizado en tomate para proteger contra otros tobamovirus. La superación de esta resistencia está dificultando el desarrollo de variedades específicas resistentes contra el ToBRFV. Las hojas de las plantas de tomate infectadas por ToBRFV, particularmente las hojas jóvenes, exhiben síntomas de mosaico de leves a intensos, con protuberancias de color verde oscuro, estrechamiento y deformación. Los frutos desarrollan manchas amarillas, puntos marrones o negros, y rugosidad. En plantas de pimiento, la infección provoca fruncimiento de hojas y moteado amarillo, con crecimiento atrofiado en plántulas jóvenes. Para la detección del virus se han desarrollado técnicas moleculares específicas basadas en RT-PCR con oligonucleótidos específicos, lo que permite discriminar claramente al ToBRFV de otros virus del género *Tobamovirus*.

**Cambio regulatorio:** La clasificación inicial del ToBRFV como plaga de cuarentena en la Unión Europea impuso restricciones estrictas al intercambio y estudio de materiales vegetales infectados. Aunque a primera vista podría parecer un asunto “solo agrícola”, la emergencia del ToBRFV es un ejemplo claro de cómo los virus de plantas pueden expandirse rápidamente y desafiar las estrategias de control, algo que conecta con la experiencia de muchos virólogos en enfermedades animales y humanas. Estas limitaciones obstaculizaron el avance de estudios fundamentales para comprender la biología del virus y desarrollar estrategias de control efectivas. Desde el 1 de enero de 2025, el ToBRFV ha sido reclasificado como organismo regulado no cuarentenario con tolerancia cero en la Unión Europea, según la Directiva de Ejecución 2024/3010. Esta decisión responde a su amplia distribución y presencia estable en varios países de la Unión, incluidas Andalucía y la Región de Murcia en España.

Aunque la obligación de erradicación ha sido eliminada, se mantienen medidas de control, como la certificación de semillas libres del virus y restricciones en la importación desde países afectados. Este cambio de estatus representa un enfoque más pragmático y realista en la gestión del ToBRFV, permitiendo un control más efectivo y adaptado a la situación epidemiológica actual. Los esfuerzos actuales para controlar el ToBRFV se centran en el uso de estrictas prácticas de sanidad y detección en semilla y planta mediante técnicas moleculares.

En conclusión, el ejemplo del ToBRFV subraya la importancia de no subestimar los virus fuera del ámbito animal y humano: la biología viral comparte principios comunes, y la vigilancia, la resistencia genética y la regulación efectiva son cruciales en todos los sistemas, sean plantas, animales o personas.

El texto completo del reglamento en español puede consultarse en el siguiente enlace: [Directiva de Ejecución \(UE\) 2024/3010](#). Es importante subrayar que este tipo de “Directiva de Ejecución” tiene relevancia legal a nivel europeo y es firmada personalmente por la Presidencia de la Comisión Europea, en este caso Ursula von der Leyen, lo que refuerza su autoridad y aplicación obligatoria en todos los Estados miembros.

**Agradecimientos.** Esta nota de divulgación se ha elaborado en el marco del proyecto europeo VIRTIGATION, financiado por el programa de investigación e innovación Horizonte 2020 de la Unión Europea (Grant Agreement No. 101000570). JNC agradece el apoyo recibido de este proyecto.

**Jesús Navas-Castillo** –profesor de investigación del CSIC– y **Pedro Gómez** –investigador científico del CSIC– trabajan en el Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora” (IHSM-CSIC), de Algarrobo-Costa (Málaga), y el Centro de Edafología y Biología Aplicada del Segura (CEBAS-CSIC), de Murcia, respectivamente. Ambos son virólogos de plantas con un especial interés en los cultivos hortícolas. Pedro Gómez forma parte del Panel de Sanidad Vegetal de la EFSA.

