



Madrid, lunes 8 de abril de 2024

## Un equipo científico internacional identifica la dispersión de la gripe aviar de alta patogenicidad a través de la región de la Península Antártica

- La expedición, con investigadores del CSIC, halla restos de ejemplares de aves muertas infectados con el virus HPAI en el área del norte del Mar de Wedell, lo que puede suponer una amenaza para la conservación de la fauna salvaje
- La presencia del virus fue confirmada por múltiples pruebas de laboratorio (como PCR) en restos de aves skuas en cuatro puntos: Bahía Esperanza, isla Devil, isla Paulet e isla Beak



Ejemplar de ave skua junto a pingüinos papúa. RV

Un equipo científico internacional con investigadores del CSIC que examina la presencia y el impacto de la gripe aviar de alta patogenicidad entre la fauna antártica ha identificado que el virus se ha extendido al área antártica del norte del Mar de Weddell y que podría suponer una amenaza para la conservación de la fauna salvaje.

Investigadores del CSIC liderados por el virólogo Antonio Alcamí, del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa (CSIC-UAM), con la coordinación del Comité Polar Español y el apoyo de la Agencia Española de Investigación, los tres dependientes del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades, instalaron un laboratorio de diagnóstico molecular en la base antártica española Gabriel de Castilla y confirmaron el pasado 24 de febrero la presencia del virus de la gripe aviar de alta patogenicidad (HPAI) H5N1 en restos de skuas muertas, un tipo de ave emparentada con las gaviotas, halladas en la base antártica argentina Primavera.

Tras el hallazgo, el pasado 13 de marzo se puso en marcha una expedición internacional a bordo del velero Australis (HPAI Australis Expedition) con la participación de los investigadores del CSIC Begoña Aguado y Antonio Alcamí para rastrear la presencia del virus en la región de la Península Antártica y la zona norte del Mar de Weddell.

El equipo ha observado que hasta ahora las aves skuas han sido las especies más gravemente afectadas, y que los altos niveles de mortalidad detectados muestran que podría tener consecuencias a largo plazo para su conservación a nivel regional.

## La evolución del virus HPAIV

El virus HPAI H5N1 evolucionó inicialmente en aves de corral, pero recientemente se ha adaptado para propagarse mejor entre la fauna salvaje. Desde 2020, su propagación sin precedentes ha causado mortalidades importantes de aves salvajes y mamíferos en casi todo el mundo. Tras su llegada a Suramérica a finales de 2022, su llegada a la Antártida estaba prevista para los siguientes años y finalmente se ha confirmado en febrero de 2024.

Su llegada al continente austral ha despertado la preocupación sobre sus efectos en las poblaciones de fauna salvaje en la Antártida, puesto que muchas especies ya están clasificadas entre amenazadas y en peligro crítico. Además, la alta mortalidad entre la fauna salvaje, como se ha observado en otros continentes como Suramérica, podría pasar desapercibida aquí debido a la distancia del continente Antártico y su acceso limitado a un seguimiento regular.

“Por ello, poner en marcha herramientas de vigilancia que son factibles en un contexto antártico podrían ayudar a monitorizar el impacto del virus HPAI en los próximos años”, señala Meagan Dewar, líder de la expedición.

## Equipo multidisciplinar

"La estrecha colaboración de un equipo científico interdisciplinar, formado por biólogos, veterinarios, virólogos y una tripulación veterana en el área antártica, ha sido determinante del éxito de la expedición", señala el investigador del CSIC Antonio Alcamí. Este equipo estaba capacitado para pasar de las meras sospechas a la toma de muestras y análisis. La expedición partió para investigar la región de la Península Antártica y el norte del Mar de Weddell, una región donde los esfuerzos de vigilancia de los Programas Nacionales Antárticos han sido limitados, pero donde el Comité Científico sobre Investigación Antártica (SCAR)- Red Sanitaria de la Fauna Antártica (AWHN) ha recibido notificaciones sobre investigadores, ornitólogos y el público en general sobre eventos potencialmente mortales o enfermedades entre la fauna salvaje.

Una vez in situ, el equipo realizó un examen preliminar de individuos enfermos o de mortalidad inusual entre la fauna, y a continuación recogió muestras para analizar el virus. Además de recoger muestras no invasivas de individuos enfermos, también se tomaron cientos de muestras fecales de animales aparentemente sanos, para investigar la prevalencia del virus en estos. Asimismo, también se recogieron muestras de aire y agua que ayudarán a determinar la presencia del virus en el medio ambiente de la zona.

## Laboratorio de diagnóstico molecular a bordo

A bordo de la embarcación, los investigadores del CSIC instalaron un laboratorio de diagnóstico. "Contar con un laboratorio especializado a bordo del velero ha sido clave para la expedición ya que ha permitido al equipo usar métodos avanzados para detectar rápidamente el virus HPAI y secuenciar su genoma", señala Begoña Aguado. Este análisis a bordo, que no se había realizado hasta ahora, representa un avance logístico notable para la vigilancia del virus HPAI en la región antártica, ya que la confirmación es rápida y no depende del envío de muestras a instalaciones de análisis lejanas.

Durante la expedición, el equipo examinó 10 áreas densas en fauna localizadas entre las islas Shetland del Sur, el norte del Mar de Weddell y las islas Danger. La presencia del virus HPAI fue confirmada por múltiples pruebas de laboratorio, incluyendo PCR específicas para el virus de la gripe y el subtipo H5, seguidas de una secuenciación de la región de corte de la proteasa, lo que define con una certeza del 100% la presencia del virus HPAI. El virus fue identificado en restos de skuas en cuatro puntos de desembarco (Bahía Esperanza, isla Devil, isla Paulet e isla Beak), detectándose en numerosos tipos de muestra, incluyendo el cerebro, lo que sugiere un neurotropismo de la infección del virus HPAI en esta especie.

De los sitios visitados, la isla de Beak destaca, ya que tiene una gran colonia de skuas. Mientras que durante la visita se contarán 80 skuas vivas, se encontraron más de 50 muertas. De estas 50, se analizaron 10 y todas dieron positivo.

Así mismo, en otra isla del mismo archipiélago (Isla Heroína), en la que hay una gran colonia de pingüinos de Adelia, se observó una mortalidad masiva de estos animales con más de 500 cadáveres en el lugar investigado, lo que sugiere que puede haber ocurrido un evento de mortalidad anormal en el que varios miles de pingüinos habrían perecido. Aunque el equipo sospecha que el evento puede haber sido causado por el virus HPAI, la presencia del virus no ha sido confirmada por PCR y se van a desarrollar otras pruebas en los próximos meses para determinar la causa de las muertes.

## Pruebas a la fauna sana

Los institutos que forman parte de la expedición también van a analizar, mediante múltiples técnicas, muestras de fauna salvaje aparentemente sana, así como un conjunto adicional de muestras de cadáveres. Estos próximos análisis aportarán más información sobre la presencia del virus en animales aparentemente sanos y sobre la genética de los virus detectados. Estos datos ayudarán a entender cómo el virus se ha extendido a lo largo del tiempo y del espacio. Además, tejidos de cadáveres infectados se analizarán para entender cómo el virus causa la enfermedad y la muerte, y ayudar a comprender qué tejidos son los más idóneos para detectar el virus.

La misión está financiada por la Asociación Internacional de Turoperadores de la Antártida (IAATO), el proyecto Kappa-Flu del programa Horizonte Europa de la UE y por el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC).

**CSIC Comunicación**

[comunicacion@csic.es](mailto:comunicacion@csic.es)