

INFLUENZA: RECOMBINACIÓN EMERGENTE DE ALTO POTENCIAL ZONOTÓICO

Dra. Milva J. Javitt-Jiménez

Médico Veterinario, Especialista en Gerencia en Salud,
Magister Scientiarum en Salud Pública, Doctora en Salud Pública

Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado

Cátedra Libre Ecosalud

Barquisimeto - Venezuela

milvajavitt@ucla.edu.ve

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-4840-101X>

Resumen

El virus de la influenza representa una amenaza persistente y global, impulsada por su capacidad de sufrir variaciones antigénicas y saltos de especie. La vigilancia tradicional centrada únicamente en la salud humana no logra capturar la compleja ecología viral que amenaza con dar lugar a nuevas cepas con potencial pandémico. A raíz de la circulación de la variante porcina H1N1 en Brasil en el año 2024, surge el interés de presentar este artículo de revisión que sintetiza la evidencia reciente que vincula las dinámicas del virus de la influenza A en la interfaz animal-humano-ambiental, al examinar estudios publicados en diversas fuentes documentales recogidas en bases de datos Google Scholar, Medline, Pubmed, así como de organismos de salud internacionales, como los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades, la Organización Mundial de la Salud y la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura entre los años 2020 y 2025, con el objetivo de evidenciar la importancia de que la vigilancia epidemiológica incluya todas las especies animales susceptibles y las condiciones ambientales que favorecen la diseminación del agente, al coordinar acciones que partan y converjan por igual, desde las organizaciones de salud humana y de salud animal, en el que cada quien aborda las situaciones desde sus experiencias y conocimientos específicos, como lo propone el concepto One Health, y así integrar las acciones de vigilancia que generen una respuesta coordinada entre los sectores de salud pública, salud animal y ciencias ambientales.

Palabras clave: *influenza porcina, zoonosis, enfermedad humana, One Health.*

Recibido: 14/02/2025

Aceptado: 02/03/2026

Revista In Situ/ISSN 2610-8100/Vol. 9 N°9/ Año 2026. San Felipe, Venezuela/ Universidad Nacional Experimental del Yaracuy, pp. 108 - 122

INFLUENZA: EMERGING REASSORTMENT WITH HIGH ZOOONOTIC POTENTIAL

Abstract

The influenza virus represents a persistent and global threat, driven by its capacity for antigenic variation and species jumps. Traditional surveillance focused solely on human health fails to capture the complex viral ecology that threatens to give rise to new strains with pandemic potential. Following the circulation of the porcine H1N1 variant in Brazil in 2024, the interest arose to present this review article, which synthesizes recent evidence linking the dynamics of the Influenza A virus at the animal-human-environmental interface. The review examines studies published in various documentary sources collected from databases such as Google Scholar, Medline, and Pubmed, as well as from international health organizations such as the Centers for Disease Control and Prevention (CDC), the World Health Organization (WHO), and the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), covering the years 2020 to 2025. The objective is to demonstrate the importance of epidemiological surveillance including all susceptible animal species and the environmental conditions that favor the agent's dissemination, coordinating actions that originate from and converge equally among human health and animal health organizations. Each addresses the situations based on their specific experiences and knowledge, as proposed by the One Health concept, thereby integrating surveillance actions that generate a coordinated response among the public health, animal health, and environmental science sectors.

Keywords: *Swine flu, zoonoses, human disease, One Health.*

Introducción

La Influenza, también conocida como gripe, es una de las enfermedades respiratorias más relevantes a nivel mundial, con significativas tasas de morbilidad y mortalidad. Su naturaleza estacional, y la constante mutación antigénica de los virus causantes de la infección, demandan una vigilancia epidemiológica incesante que conlleve al establecimiento de medidas efectivas para la contención de su propagación.

En este contexto, se presenta un análisis de la prevalencia de la Influenza durante la última década, a la luz de los hallazgos reportados en Brasil, con la intención de brindar información actualizada que contribuya a anticipar acciones para atender desafíos futuros y fortalecer las estrategias de mitigación.

Metodología

Se realizó una investigación documental teórica, con el objeto de analizar información relevante relacionada al virus de la Influenza, a la luz de los brotes que se han presentado en diversos países en la última década. Se llevó a cabo una búsqueda de documentos y reportes de estudios científicos sobre Influenza, tanto en español como en inglés, publicados por sociedades científicas y organizaciones relacionadas a la salud en el contexto internacional, como la Organización Mundial de la Salud y los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades, así como una búsqueda de artículos relacionados a la influenza, incluyendo publicaciones tanto en inglés como en español hechas en los últimos cinco años, en diversas bases de datos como Google Scholar, Medline, Pubmed.

La información encontrada se analizó y estructuró ordenadamente para enfatizar la importancia del enfoque One Health, del potencial mutagénico del virus y de las infecciones que puede causar en diferentes especies animales, incluyendo los humanos.

One Health

Concepto diseñado e implementado como un enfoque de colaboración, en el que participan la sociedad y los gobiernos, destinado a comprender, anticipar y abordar los riesgos para la salud mundial. Utilizado a menudo en la coordinación de los esfuerzos multisectoriales de prevención, preparación y respuesta a las enfermedades zoonóticas (transmisibles de los animales a los humanos o viceversa), este concepto resulta esencial para el control de enfermedades zoonóticas prioritarias como la rabia, la influenza aviar o las fiebres hemorrágicas virales como el Ébola. En el marco de la gestión de estos riesgos sanitarios mundiales, es indispensable la plena cooperación de los sectores de la sanidad animal, la salud humana, de las plantas y el medio ambiente (OMSA, 2025).

El Virus de Influenza

La influenza es una enfermedad respiratoria contagiosa, prevenible por inmunización, provocada por un Ortomixovirus capaz de infectar a diferentes especies de animales, incluyendo a los humanos y causar afección en la nariz, la garganta y en algunos casos los pulmones, genera enfermedad leve o grave, que incluso puede llevar a la muerte, según características inherentes al individuo.

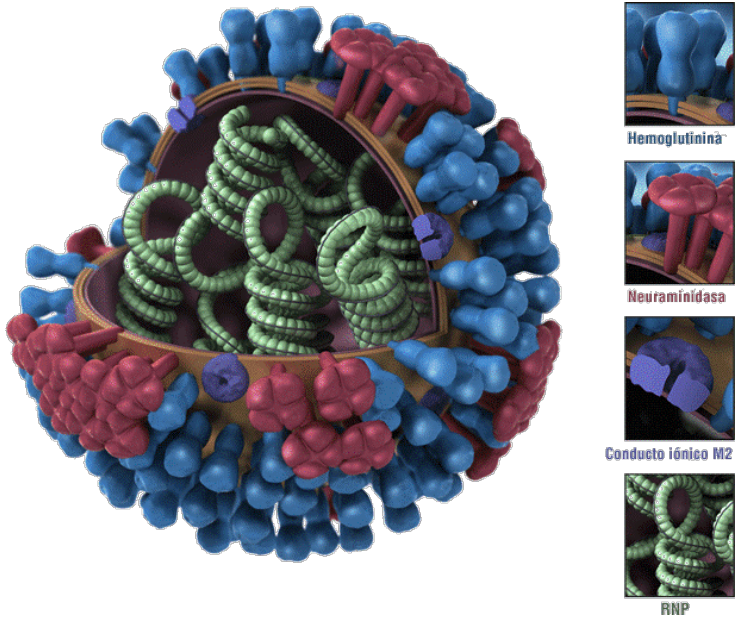
De acuerdo con los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) (2023), hay cuatro tipos de virus de la influenza: A, B, C y D; de

estos, los virus A y B causan epidemias estacionales de la enfermedad en las personas. Un grupo de expertos convocados en 1980 por la Organización Mundial de la Salud (OMS/WHO), consideraron un sistema de nomenclatura para el virus de la influenza, basado en información importante sobre la descripción del antígeno, como su introducción al sistema, la inmunología, la biología, la bioquímica, la genética, epidemiología y la ecología del virus, según se describe en el boletín publicado.

Los virus de la influenza A, que son los únicos capaces de causar pandemias, se dividen en subtipos según dos proteínas que poseen en la superficie: la hemagglutinina (HA) y la neuraminidasa (NA). De conformidad con los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (2023, 2024a) se reconocen 18 subtipos de hemagglutinina y 11 subtipos de neuraminidasa diferentes (de H1 a H18 y de N1 a N11, respectivamente). Asimismo, reportan que, en aves se identificaron 16 subtipos HA y 9 subtipos NA, mientras se detectaron otros dos subtipos, H17N10 y H18N11, en murciélagos; al mencionar que muchas combinaciones diferentes son posibles de las proteínas HA y NA.

A nivel mundial, Jilani et al (2025, p. 2), ha documentado que la “...circulación de tres subtipos de influenza H3N2, H1N2 y H1N1, de las que, la gripe H1N1 precisó la mayor atención como gripe porcina, desde la pandemia de 2009 después de que los virus se recombinaran con cepas preexistentes de H1N1”. Como se observa en la figura 1

Figura N° 1
Virus de Influenza A



Fuente: CDC, 2023

Según publicaciones del CDC (Ob Cit, 2024a) los virus de la influenza A se pueden hallar en patos, pollos, caballos, cerdos, focas, ballenas y gatos, pero los virus de la influenza B circulan solamente entre los humanos; las infecciones por el virus de influenza tipo C por lo general causan una enfermedad leve por lo que se considera que no causan epidemias humanas, y los virus tipo D afectan al ganado principalmente, sin que puedan causar infecciones en los seres humanos.

Figura N° 2
Subtipos de hemaglutinina y especies en las que se han detectado

Subtipo	Personas	Aves (corral)	Influenza porcina	Murciélagos / Otro
H1				
H2				
H3				Otros
H4				Otros
H5				
H6				
H7				Otros
H8				
H9				
H10				
H11				
H12				
H13				
H14				
H15				
H16				
H17				
H18				

Fuente: CDC, 2024b

Figura N° 3
 Subtipos de neuraminidasa y especies en las que se han detectado

Subtipo	Personas	Aves (corral)	Cerdos	Murcié / Otro
N1				
N2				
N3				
N4				
N5				
N6				
N7				Otros
N8				Otros
N9				
N10				
N11				

Fuente: CDC, 2024b

De acuerdo a publicaciones de los CDC (2022, 2022a), los virus influenza pueden sufrir cambios genéticos; que en caso de ser pequeños, se les denomina “antigenic drift” (derivación antigénica), y son mutaciones puntuales a nivel de su ácido nucleico que pueden dar lugar a cambios en las proteínas de la superficie del virus, hemagglutininas (HA) y neuraminidasas (NA) asociados al paso de este por el organismo a medida que se reproduce. Así, un pequeño cambio en un lugar importante de la HA genera un virus diferente, cuyas propiedades antigénicas son tan diferentes, que al sistema inmunitario del organismo se le dificulta identificarlas y atacarlas. De allí que los virus que se producen de esta manera están estrechamente relacionados entre sí y comparten propiedades antigénicas similares, se genera una protección cruzada.

Asimismo, los virus pueden sufrir otro tipo de cambio, los cambios antigénicos mayores a los que se les denomina “antigenic shift”, también llamados “variación antigénica mayor”, en los que se intercambian segmentos completos de su genoma en los virus de la influenza A en virus de la influenza que producen infecciones en los seres humanos, como los subtipos A(H1N1) pdm09 y A(H3N2), que circulan actualmente entre las personas. El cambio que se produce es abrupto lo que genera nuevas proteínas de HA y/o nuevas proteínas de HA y NA y puede ocurrir si un virus proveniente de una especie animal diferente al humano logra infectar a las personas, toda vez que este nuevo virus puede contener HA o combinaciones de HA/NA lo suficientemente diferentes, a virus humanos como para que la mayoría de las personas no tengan inmunidad contra él. Estas variaciones genéticas mayores son poco frecuentes, sin embargo, una variación antigénica mayor resultante de este proceso sucedió en la primavera del año 2009, cuando apareció un virus H1N1 con genes de virus de porcinos de Norteamérica, de Eurasia, seres humanos y aves que infectó a las personas y se propagó rápidamente, causando una pandemia.

Las Infecciones

Los diferentes tipos de virus son capaces de afectar a diferentes especies animales, incluyendo los humanos, se espera cierta incidencia de influenza estacional cada año, en este sentido, Tokars et al (2018), realizaron un estudio Estados Unidos de América, que reveló que 8,0 % de la población se enferma de influenza anualmente, según la temporada y que los niños tienen 9,3 % de riesgo de enfermarse de influenza a diferencia de las personas de 65 años o más, que tienen 3,9 % de riesgo, lo que muestra una tendencia de los resultados globales a bajar el riesgo de enfermarse conforme va en aumento la edad de la persona.

En 2007, una infección humana causada por un virus nuevo de la influenza A se convirtió en una afección de declaración obligatoria a nivel nacional en los Estados Unidos, el laboratorio de influenza de los CDC (2024c) fue el encargado de realizar la confirmación de que un virus de influenza A representó una variante emergente, y compiló los resultados de estos de los últimos 14 años, al mostrar que en todos los años hay al menos un humano infectado por un virus nuevo de influenza.

Figura N° 4
Estimaciones de la incidencia de la influenza sintomática por temporada y grupo etario, Estados Unidos, 2010-2022

Temporada	Virus predominante(s)	Gravedad de la temporada	Incidencia, %, por grupo etario				
			0-4 años	5-17 años	18-49 años	50-64 años	≥65 años
2010-11	A/H3N2, A/H1N1pdm09	Moderada	13.7	8.42	5.5	8.2	4.5
2011-12	A/H3N2	Bajo	4.7	3.7	2.6	3.2	2.3
2012-13	A/H3N2	Moderada	17.8	12.5	8.4	12.8	9.7
2013-14	A/H1N1pdm09	Moderada	12.7	7.4	9.6	13.7	3.8
2014-15	A/H3N2	Alta	16.1	11.9	6.3	11.6	10.1
2015-16	A/H1N1pdm09	Moderada	11	7.7	6.7	10.5	2.9
2016-17	A/H3N2	Moderada	11.9	12	6.8	11.8	7.4
2017-18	A/H3N2	Alta	17.1	13.3	9.9	18.4	10.1
2018-19	A/H1N1pdm09, A/H3N2	Moderada	15.2	12.4	7.1	11.4	4.3
2019-20	A/H1N1pdm09, B	Moderada/alta	19.8	14.5	9.6	12.9	3.5
2020-21*							
2021-22	A/H3N2	Bajo	4.6	5.1	2.6	2.3	1
Medio			13.7	11.9	6.8	11.6	4.3

Fuente: CDC, 2024d

En relación a la presencia de infecciones a nivel mundial, Franco-May y Ayora-Talavera (2024), comentan que durante 2008-2009 se conoció a nivel global una variante del virus de Influenza A(H1N1), sin embargo fue rápidamente desplazada por un virus tipo H1N1(pdm09), que en la actualidad cuenta con un bajo reporte, principalmente en pacientes aislados y vulnerables, como niños y ancianos; Cabe destacar el reporte de cepas virales resistentes a tratamiento antiviral que, aunque la tasa es baja, no debe dejar de hacerse seguimiento y vigilancia al respecto.

De acuerdo con datos publicados por la Organización Panamericana de la Salud (OPS, 2024a), en el año 2020 hubo 4 casos de influenza en el continente Americano, específicamente por la variante H7N3, todos reportados en los Estados Unidos de América. En 2021 se reportaron 2 casos de la enfermedad por la variante H5N1, siendo uno de Canadá y el otro de Estados Unidos de América. En 2022 se reportaron a nivel mundial 88 casos que involucraron las variantes H5N1 con mayor prevalencia, H7N3 en segundo lugar, y H5N4 entre otras

menos frecuentes en último lugar. En 2023 hubo menos casos reportados, pero hubo mayor presencia del virus tipo A, con mayor prevalencia de la variante H5N1 distribuidos en todo el continente americano. Para 2024 ya hay 14 casos reportados con alta incidencia de la variante A(H5N1), al estar ubicados en Canadá 12 de los casos, uno en México y uno en Perú.

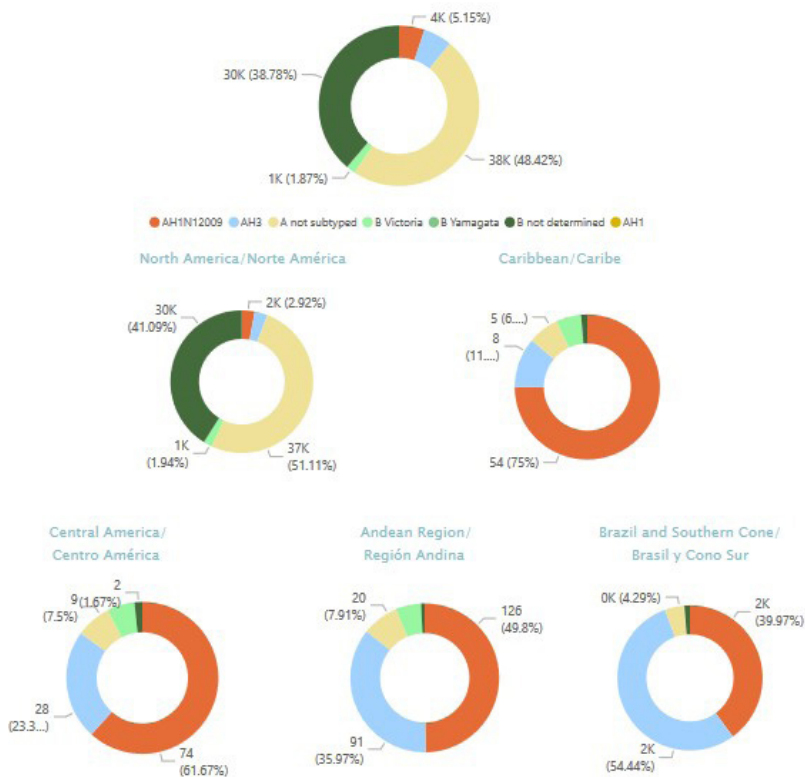
No obstante, las infecciones por virus nuevos de influenza no se limitan a Estados Unidos de América, debido a que el 7 de junio de 2023, las autoridades de Brasil notificaron a la Organización Mundial de la Salud (OMS, 2023) un caso en un humano del estado de Paraná, infectado con una variante del virus de la influenza A(H1N1) confirmado en laboratorio. Esto generó una alerta de salud pública porque esta variante es de origen porcino y resultó ser mortal en el humano, sin embargo, este caso no modifica las recomendaciones de la OMS respecto a las medidas de salud pública y vigilancia de la influenza estacional o el programa de inmunización.

Y es esta vigilancia epidemiológica por la OMS (citado) la que permitió detectar un nuevo caso de un humano afectado con una variante del virus de la influenza A(H1N1), así lo reportó el Diario Veterinario en febrero de 2024, al agregar que el paciente también era residente del municipio de Toledo, estado de Paraná, Brasil; y fue hospitalizado en diciembre de 2023, siendo confirmada la variante del virus en enero de 2024, lo que lo convirtió en el primer caso de la enfermedad del año 2024. Y aunque no se detectaron contactos del caso, el laboratorio Central de Salud Pública del Estado de Paraná confirmó que, de acuerdo a la secuenciación genómica, el virus comparte un 99% de similitud con el virus A detectado anteriormente en la ciudad de Paraná. Las autoridades señalaron que el de 2024, es el noveno caso notificado de infección humana causado por una variante porcina, en el estado desde 2015 (OMS, 2024).

De acuerdo con la Organización Panamericana de la Salud (2024b), para la semana epidemiológica N° 11 (22 de marzo 2024), la actividad de la influenza humana estacional en América del Norte se mantuvo en niveles epidémicos en Estados Unidos de América, siendo los virus de influenza predominantes el tipo A(H1N1)pdm09, con circulación concurrente de influenza A(H3N2) y, en menor medida, influenza B/Victoria (linaje del virus Influenza B, circulante en humanos); asimismo en Canadá y México la influenza se ha mantenido dentro de los niveles epidémicos. En el Caribe, la actividad del virus de Influenza disminuyó en comparación con años anteriores, ya que presenta niveles de circulación bajos; no obstante, se identificaron los virus tipo A(H1N1) pdm09, seguido del A(H3N2) y, en menor medida, el B/Victoria, como predominantes.

Por el contrario, en América Central se reportó un incremento de circulación viral, situándose en los niveles epidémicos intermedios; aunque se mantuvo predominio de virus tipo A(H1N1) pdm09, seguido del A(H3N2) y, en menor medida, el B/Victoria. Los reportes por países revelaron que, en Surinam, Guatemala, Honduras, Panamá, Bolivia, Islas Caimán, Brasil, Cono Sur se reportaron un aumento de casos de influenza, mientras que en la Región Andina, Nicaragua, Ecuador, Colombia, Venezuela, Paraguay se reportó un descenso en los casos.

Figura N° 5
Distribución de virus de influenza entre las
semanas epidemiológicas 8 a 11



Fuente: OPS 2024b

El riesgo

Contrario a lo que se pensaba hace décadas, pueden coexistir la infección por dos virus al mismo tiempo en un organismo; situación que exponen Shure et al (2024), quienes al analizar información de sistema nacional de enfermedades respiratorias agudas graves (IRAG) y de otros sitios de vigilancia centinela de enfermedades, encontraron que el virus SARS-CoV-2 se encontró conjuntamente con el virus de influenza en 57,7% de la población de estudio, siendo el grupo etario más afectado, las personas entre 20 y 39 años de edad. Estos hallazgos sugieren que una infección viral primaria podría comprometer la respuesta inmunológica del hospedador, al incrementar su susceptibilidad ante una coinfección o facilitando la instauración de un segundo agente patógeno.

Lo anterior también permite inferir que el proceso pandémico por SARS-CoV-2 vivido durante los años 2019 - 2021, pudo verse influido por una infección viral concomitante en el hospedador; hipótesis que requiere validación científica, más aún cuando existen cepas del virus Influenza con alto potencial mutagénico y riesgo zoonótico, lo que pudiera influir en la diseminación de los agentes, sin mencionar el incremento en las posibilidades de que se realicen procesos evolutivos dentro del hospedador que impulsen la aparición de nuevas variantes, tal como lo expresan Han et al (2023), convirtiendo a los individuos infectados en posibles receptores de mezcla viral, igual que lo exponen Abdelwhab y Mettenleiter (2023).

En este sentido, Liang (2023), explica que como los virus de la influenza evolucionan mediante la mutación (derivación antigénica) y la recombinación del genoma viral segmentado, generan nuevas variantes, cepas o subtipos, con la potencial capacidad de causar epidemias, epizootias y pandemias, a pesar de la existencia de biológicos y medicamentos antivirales; por lo que la probabilidad de que puedan ser transmitidos por vía aérea a otros animales, incluyendo a los humanos, ciertamente representa una gran preocupación para la humanidad y requiere una respuesta de salud pública oportuna.

Esta situación, plantea Heider et al (2024), requiere un constante monitoreo de las personas y la activación de la vigilancia epidemiológica en regiones con alto riesgo de transmisión de virus de la influenza entre diferentes especies animales, a fin de conocer la frecuencia de presentación de la infección en animales como aves y cerdos con la variante AH1N1, que tiene una variabilidad cruzada sustancial con el virus humanos A(H1N1)pdm09, toda vez que demostraron que los virus animales tienen una notable adaptación para propagarse en los humanos y crecer en sus bronquios; de hecho, Rehman et al (2024), aseveran que el riesgo de infección a humanos por variantes zoonóticas se incrementa cada día, aún más por las altas tasas de adaptación y transmisión del virus en mamíferos particulares.

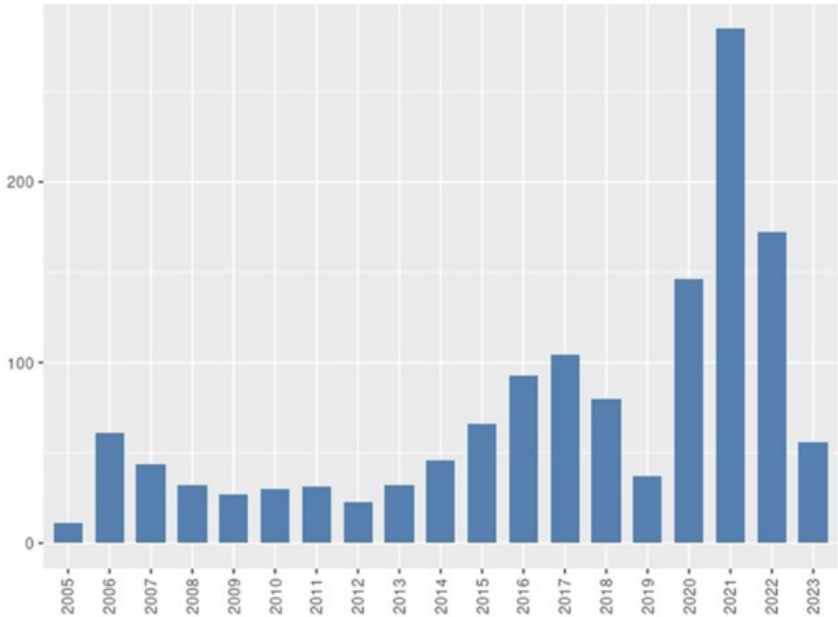
Esta preocupación ha impulsado investigaciones independientes, como la realizada por Ishing et al (2024), en la cual afirman que la propagación mundial del virus de influenza amerita la reevaluación de la implementación en la vacunación para el control de brotes en aves, sin embargo, esta posición también ha sido objeto de señalamientos por la posibilidad de la mutación y propagación al humano y la mortalidad que el proceso de vacunación causa en las explotaciones avícolas. No obstante, es necesario que se haga énfasis en la vigilancia epidemiológica, y no solo por parte de las autoridades de salud sino también de todos los involucrados; se requiere que toda la comunidad se sensibilice e involucre y que se haga responsable de la salud y bienestar propios, de sus familiares y vecinos, para reconocer la sintomatología asociada a la enfermedad en cualquier especie animal y así poder atender a tiempo a los enfermos, e implementar medidas que impidan la propagación de la infección a otros individuos.

La Pandemia por SARS-Cov-2 vivida en los últimos años puso en evidencia la importancia de mantener un sistema de vigilancia epidemiológica y de implementar una estrategia necesaria, que concentre esfuerzos de la salud humana, la salud animal y la salud medioambiental, bajo un mismo paraguas que integre un equipo multidisciplinar con profesionales como médicos veterinarios, biólogos y médicos, entre otros, es momento entonces del concepto de “Una

sola salud” o “One Health”; de esta forma se vigilan los agentes infecciosos con potencial pandémico desde su origen, y al mismo tiempo conocer la relación del humano con la naturaleza, y entender los pormenores del salto de barrera de especie para descubrir cómo paliarlo.

Al respecto, Sanz-Muñoz et al (2024), coinciden en que la amenaza de salud pública en el 2023 no fue tanto por la COVID 19, quizá por la mejora en el tratamiento aplicado a los enfermos o a la reducción en la virulencia del agente; sino que el problema se trasladó al virus gripal de origen aviar del subtipo A(H5N1), cuya amenaza de infección comenzó en el año 1996, y hasta el 2023 ha infectado aves tanto salvajes como domésticas, diferentes especies de mamíferos y alrededor de 850 humanos con una mortalidad cercana al 50%. El primer caso de gripe aviar en humanos fue detectado en el año 1997 en Hong Kong tras un brote de aves de corral, desde entonces los brotes se han incrementado, siendo los años 2020, 2021 y 2022 los peores que se han registrado hasta la fecha.

Figura N° 6
Número de brotes de gripe aviar
en animales desde el año 2005



Fuente: Sanz-Muñoz et al

La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura en el 2024, publicó que el virus de influenza aviar tipo A(H5N1) no ha dejado de amenazar a los humanos desde el año 2005, pero afirmó que los años 2021 a 2023 fueron especialmente notables debido a la diseminación del virus a zonas del mundo en donde nunca se había detectado, observándose casos en mamíferos como focas, visones, zorros, gatos o leones marinos; detectándose

en algunos casos mutaciones de adaptación; período en el que se diagnosticaron seis casos en humanos causados por el mencionado tipo viral.

Surge entonces la preocupación por parte de los profesionales en implementar una vigilancia epidemiológica que permita prevenir las infecciones, por el potencial devastador que estas tienen en las poblaciones de animales de diversas especies, incluyendo a los humanos. Las inmunizaciones, como medida profiláctica, han reducido la gripe en pacientes, al proporcionar protección general contra las variantes circulantes de la gripe A y B del virus; no obstante, A pesar del desarrollo y aplicación de vacunas desde el siglo XX, tanto Bean et al (2024) como Chung et al (2025), consideran que la infección continúa siendo responsable de una sustancial morbilidad y mortalidad a nivel global.

Es preciso que esta vigilancia se haga de manera coordinada, para que permita evitar la propagación de los tipos de virus de la influenza con alto potencial zoonótico, de allí la necesidad de integrar sin letargo el concepto One Health al proceso de vigilancia, para que partan y converjan por igual, acciones desde las organizaciones de salud humana y de las organizaciones de salud animal, donde cada quien aborde las situaciones desde sus experiencias y conocimientos específicos, y así generar sinergias que faciliten el uso eficaz de herramientas para reducir las brechas en la interfaz entre humanos, animales y medio ambiente.

Referencias

- Abdelwhab EM, Mettenleiter TC. (2023). Zoonotic Animal Influenza Virus and Potential Mixing Vessel Hosts. *Viruses* 2023, 15, 980. DOI: <https://doi.org/10.3390/v15040980>
- Bean R, Giurgea IT, Han A, Czajkowski L, Cervantes-Medina A, Gouzoulis M, Mateja A, Hunsberger S, Reed S, Athota R, Baus HA, Kash JC, Park J, Taubenberger JK, Memoli MJ. (2024). Mucosal correlates of protection after influenza viral challenge of vaccinated and unvaccinated healthy volunteers. *mBio* May 2024 Volume 15 Issue 5 15:e02372-23. <https://doi.org/10.1128/mbio.02372-23>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2022). How Flu Viruses Can Change: “Drift” and “Shift”. <https://www.cdc.gov/flu/about/viruses/change.htm>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2022a). Key Facts About Influenza (Flu). <https://www.cdc.gov/flu/about/keyfacts.htm>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2023). Types of Influenza Viruses. <https://www.cdc.gov/flu/about/viruses/types.htm>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2024a). Influenza en Animales. <https://espanol.cdc.gov/flu/other/index.html>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2024b). Influenza (gripe). Subtipos A de influenza y especie afectada. <https://espanol.cdc.gov/flu/other/animal-flu.html>
- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2024c). Novel Influenza A Virus Infections. https://gis.cdc.gov/grasp/fluview/Novel_Influenza.html

- Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. (2024d). Datos clave sobre la Influenza. <https://espanol.cdc.gov/flu/about/keyfacts.htm>
- Chung J., Price A., Zimmerman R., Geffell K., House S., Curley T. et al. (2025). Influenza Vaccine Effectiveness Against Medically Attended Outpatients Illness, United States, 2023–2024 Season, Clinical Infectious Diseases, 2025, ciae658. DOI: <https://doi.org/10.1093/cid/ciae658>
- Diario Veterinario. (2024). Brasil confirma un caso de infección humana por el virus de la Influenza porcina A. lunes, 12 de febrero de 2024, 16:10 CET. <https://www.diarioveterinario.com/t/4716501/brasil-confirma-primero-caso-ano-infeccion-humana-virus-influenza-porcina>
- Franco-May DA, Ayora-Talavera G. (2024). Los antivirales y la Influenza en México. Bioagrociencias Volumen 17, Número 1. <https://www.revista.ccba.uady.mx/ojs/index.php/BAC/article/view/5231>
- Han AX, de Jong SP, Russell CA. (2023). Co-evolution of immunity and seasonal influenza viruses. Nature Reviews Microbiology, 21(12), 805-817. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41579-023-00945-8>
- Heider A, Wedde M, Weinheimer V, Döllinger S, Monazahian M, Dürrwald R, ... y Schweiger B. (2024). Characteristics of two zoonotic swine influenza A (H1N1) viruses isolated in Germany from diseased patients. International Journal of Medical Microbiology, 314, 151609. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2024.151609>
- ISHIN T, Bing-Yi P, Yen-Chen F, Chi-Tai F. (2024). Re-evaluating efficacy of vaccines against highly pathogenic avian influenza virus in poultry: A systematic review and meta-analysis. One Health. Vol. 18. p. 100714. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2024.100714>
- Jilani T. et al. (2025). H1N1 Influenza. En: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2025 Jan-. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK513241/>
- Liang Y. (2023). Pathogenicity and virulence of influenza. Virulence, 14(1), 2223057. DOI: <https://doi.org/10.1080/21505594.2023.2223057>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2024). Global Avian Influenza Viruses with Zoonotic Potential situation update. Animal Health. <https://www.fao.org/animal-health/situation-updates/global-aiv-with-zoonotic-potential/en>
- Organización Mundial de la Salud. (1980) . A revision of the system of nomenclature for influenza viruses: a WHO memorandum. Bull World Health Organ. 1980;58(4). <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC2395936/pdf/bullwho00427-0070.pdf>
- Organización Mundial de la Salud. (2024). Variante del Virus de la Gripe A(H1N1) - Brasil. Noticias sobre brotes de enfermedades. <https://goo.su/mXEsjVf>
- Organización Mundial de Sanidad Animal. (2025). Una Sola Salud. <https://www.woah.org/es/que-hacemos/iniciativas-mundiales/una-sola-salud/>
- Organización Panamericana de la Salud. (2024a). Avian Influenza in the Americas. https://ais.paho.org/philip/viz/ed_hpai.asp
- Organización Panamericana de la Salud. (2024b). Regional Update, Influenza and Other Respiratory Viruses. Epidemiological Week 11. <https://goo.su/O4dTxJ>

- Rehman S, Batool K, Lokapirnasari WP, Ullah S, Khan MS, Abubakar AA, ... y Jamal, M. (2024). The evolution of H5N1 influenza viruses in Indonesia to mammalian hosts: a review of mo
- Shure W, Tayachew A, Berkessa T, Tekla G, Biru M, ... y Gebeyehu A, et al. (2024). SARS-CoV-2 Co-detection with influenza and human respiratory syncytial virus in Ethiopia: Findings from the severe acute respiratory illness (SARI) and influenza-like illness (ILI) sentinel surveillance, January 01, 2021, to June 30, 2022. *PLOS Glob Public Health* 4(4): e0003093. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pgph.0003093>
- Sanz-Muñoz I, Eiros JM y Hernández M. (2024). Importancia de los Centros Nacionales de Gripe en la vigilancia de virus aviares de alta patogenicidad. El momento para One-Health es ahora. *Revista Española de Quimioterapia*, 37(2), 121. DOI: 10.37201/req/137.2023
- Tokars JI, Olsen SJ, Reed C. (2018). Seasonal Incidence of Symptomatic Influenza in the United States. *Clinical Infectious Diseases*. 2018; 66(10):1511–1518. DOI: <https://doi.org/10.1093/cid/cix1060>
- World Health Organization. (2023). Disease Outbreak News; Influenza A(H1N1) variant virus - Brazil. <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2023-DON473>

Milva J. Javitt-Jiménez: Médico Veterinario egresada de la Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado de Venezuela en el año 2000; tuvo el privilegio de realizar estudios de postgrado entre los que se encuentran una Especialización de Gerencia en Salud, una Maestría en Salud Pública y un Doctorado en Salud Pública, siendo por casi 4 años la única Médico Veterinario con formación en Salud Pública, sin embargo desde el año 2021 es la única Médico Veterinario con esa formación académica; al cual se agrega una formación internacional que la en Certifican en Salud Integral Mención Animal, con formación internacional en el Diagnóstico Zoonosanitario mediante Convenio Escuela Socialista de Agricultura Tropical y Universidad Central de Venezuela, durante 2007-2009. En la UCLA ha realizado Diplomados de Docencia Universitaria y de Docencia en Entornos Virtuales del Aprendizaje, y está certificada como Experta en Educación en Entornos Virtuales, Tecnología Educativa y Plataformas Elearning, por VGCORP - Virtual Group Corporation. Su formación se ha enriquecido con una certificación como Terapeuta en Medicina China por la Escuela Internacional Neijing, sede Barquisimeto. Y con dos postdoctorados en estudios libres y en gerencia respectivamente. Ha realizado diversos cursos en el área de las telecomunicaciones que la acreditan como Productora Nacional Independiente, produciendo y moderando desde el año 2017 un programa que inicios fue radial y que en la actualidad ha migrado a plataformas digitales, de realización semanal llamado Programa Una Sola Salud. Ha prestado servicios como voluntaria en movimientos internacionales como Rotary y Cruz Roja, ejerciendo en ambos movimientos cargos gerenciales. Actualmente se desempeña como Docente Universitaria de pregrado y postgrado en la Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado y como docente de postgrado en la Universidad Yacambú. Ha sido tutora de trabajos especiales de grado y trabajos de grado en diferentes instituciones académicos. Desde el año 2018 ejerce el cargo de Directora General de Cátedras Libres de la Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado.