

Fecha: 06-05-2026
Medio: Crónica de Chillán
Supl.: Crónica de Chillán
Tipo: Noticia general
Título: LA GRIPE AVIAR EN EXPLOTACIONES LECHERAS PUEDE TRANSMITIRSE POR MÚLTIPLES VÍAS

Pág.: 10
Cm2: 192,6
VPE: \$ 159.871

Tiraje: 2.400
Lectoría: 7.200
Favorabilidad: ☐ No Definida

LA GRIPE AVIAR EN EXPLOTACIONES LECHERAS PUEDE TRANSMITIRSE POR MÚLTIPLES VÍAS

El virus de la cepa N5H1 de la gripe aviar altamente patógena se transmite por múltiples vías en las explotaciones lecheras, no solo por contacto directo con leche contaminada, y algunos animales no muestran signos clínicos de infección, sugiere un estudio realizado en Estados Unidos.

La investigación encabezada por la Facultad de Medicina de la Universidad de Emory (EE. UU.) analizó catorce explotaciones lecheras que dieron positivo en H5N1 en dos regiones diferentes de California entre octubre de 2024 y enero de 2025.

La amplia contaminación ambiental de las explotaciones lecheras infectadas sugiere un mayor riesgo de propagación del virus de las vacas a los seres humanos y a otros animales, indicó Plos, que publica el artículo.

La detección de virus infecciosos en el aire y en los flujos de residuos de las granjas "fue sorprendente, pero pone de relieve que existe una cantidad considerable de virus infecciosos en las granjas y que existen múltiples fuentes de infección", escribió el equipo.

Las intervenciones específicas en las salas de ordeño para reducir la cantidad de aero-

soles en el aire y la inactivación de la leche contaminada antes de su eliminación supondrán -agregó- "medidas de protección adicionales contra la infección de los trabajadores de la granja y, probablemente, de otros animales de la explotación".

Para el estudio, se tomaron muestras de aire, aguas residuales de las granjas y de leche en catorce explotaciones lecheras que dieron positivo en H5N1, con el objetivo de comprender mejor las vías de transmisión de la gripe aviar en las explotaciones lecheras.

Las muestras se analizaron para detectar la presencia del



GRANJA LECHERA EN CALIFORNIA.

virus y se secuenció el genoma para identificar posibles variantes genéticas y mutaciones.

El virus fue detectado en el aire procedente del aliento exhalado por las vacas infectadas y en la sala de ordeño, así

como en las aguas residuales; además se observó una alta prevalencia de animales que dieron positivo en las pruebas a pesar de ser asintomáticas.

El análisis secuencial del H5N1 infeccioso "reveló va-

riantes virales relevantes para la posible susceptibilidad humana", señaló el estudio.

Estos resultados identifican fuentes adicionales de exposición viral para las vacas, la fauna silvestre peridoméstica y los seres humanos, destacó la investigadora principal Seema Lakdawla de la Universidad de Emory, citada por Plos.

Esta circunstancia "pone de relieve la necesidad de múltiples estrategias de mitigación para reducir la propagación del H5N1 dentro de un rebaño y a los seres humanos".

Los investigadores apuntaron que hacen falta nuevos estudios para validar estos resultados, ya que el muestreo longitudinal de vacas individuales se limitó a solo catorce animales y durante más tiempo. 