

## 1. RESUMEN

### 1. 1.RESUMEN

El objetivo de esta tesis es identificar qué zonas presentan un mayor riesgo de difusión de la Influenza Aviar Altamente Patógena (IAAP) en España y evaluar las consecuencias que supondría dicha difusión, con el fin de contribuirse a la mejora de los planes de vigilancia y control frente a la enfermedad, tanto en aves silvestres como en domésticas. Para ello, se ha desarrollado un modelo de difusión de la IAAP muy adaptado a las características estructurales de nuestro sector avícola, que comprende dos escenarios diferentes, el de la avicultura industrial de gallinas y pollos y el de la avicultura complementaria unida a la producción de autoconsumo que incluye diferentes especies avícolas. El modelo consta de una primera parte en cada escenario en la que se han identificado diferentes zonas en función del riesgo de difusión, en base a la información disponible de las explotaciones avícolas, su localización y sus factores de riesgo. En el escenario de avicultura industrial de gallinas y pollos, se ha realizado una segunda parte consistente en un modelo estocástico dinámico que simula una epidemia de IAAP. Se ha utilizado como modelo territorial la Comunidad Autónoma de Castilla y León (Cyl), que ha sido seleccionada no sólo por ser representativa de la situación de la avicultura española, sino porque en varias de sus provincias se han identificado zonas de alto riesgo de entrada de la IAAP por aves silvestres y comercio de aves vivas (Martínez *et al.*, 2008; Martínez *et al.*, 2009, Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010; Iglesias *et al.*, 2010a).

La IAAP es una de las enfermedades víricas infecciosas más importantes de las aves, debido a su alto poder de contagio, su alta tasa de mortalidad y las enormes pérdidas económicas, tanto directas como indirectas, que ocasiona en los países afectados. Es una enfermedad de declaración obligatoria según la OIE por lo que su presencia en cualquier país acarrea graves repercusiones en el comercio internacional de animales y productos de origen aviar. El subtipo H5N1 AP, ha tenido una rápida dispersión en los últimos años, afectando desde 2004 hasta 2009 a más de 60 países, produciendo importantes pérdidas económicas y también una gran alarma social debida a la ocurrencia de casos fatales en personas. Los brotes han tenido lugar en Asia Central, Oriente Medio, Europa y África tanto en aves domésticas como en silvestres. Aunque España sólo ha sufrido dos brotes puntuales (en 2006 y 2009) que no han experimentado difusión, el riesgo de entrada de la enfermedad es una realidad, debido por una parte a lo que representa este sector (ocupa el tercer puesto en producción de pollo a nivel europeo) y al gran volumen de importaciones de aves vivas del que depende nuestra producción; y, por otra parte, al movimiento de aves

silvestres, ya que España recibe muchas aves silvestres migratorias susceptibles a IAAP que proceden de países con alta probabilidad de infección (Martínez *et al.*, 2009). Por tanto, la gran repercusión que la difusión de la IAAP podría tener a nivel sanitario y económico en un país como el nuestro, ha sido una de las razones fundamentales que ha motivado el desarrollo de este trabajo. Otra de las razones ha sido la ausencia de trabajos previos en nuestro país, ya que hasta la fecha no se ha desarrollado ningún modelo de riesgo de difusión en influenza aviar adaptado a las características ambientales, geográficas y estructurales de España, que permita analizar las consecuencias de una incursión de IAAP. Por ello, el estudio que se presenta es novedoso y permite generar una información hasta ahora no disponible cuya finalidad consiste en mejorar los esfuerzos humanos y económicos empleados en la lucha contra esta enfermedad. El modelo desarrollado puede ser actualizado de manera continuada de acuerdo con las variaciones normativas y las variaciones estructurales del sector, con el fin de ofrecer información actualizada para dar respuestas de acuerdo con la realidad de nuestro país en cada momento.

Inicialmente se identificaron, analizaron y evaluaron todos los factores de riesgo de difusión, mediante estadística espacial, para determinar aquellos más relevantes y valorar la disponibilidad de información para su inclusión en el modelo. En el modelo de zonificación del riesgo de difusión de IAAP en explotaciones de gallinas industriales (Modelo I) se han considerado las características del sistema productivo en sí, basándonos en el grado de bioseguridad de los distintos tipos de explotaciones, según su producción y especies presentes y; en los movimientos de conexión entre granjas. En el modelo de zonificación de la difusión en explotaciones de avicultura complementaria y de autoconsumo, (Modelo III) se han incluido también diferentes factores medioambientales que contemplan la supervivencia del virus y el posible contacto con aves silvestres con probabilidad de estar infectadas. Para la integración de los factores en cada uno de los modelos se han empleado análisis de evaluación multicriterio espaciales que han permitido identificar el riesgo relativo de cada zona. Los resultados se han representado mediante mapas raster que permiten visualizar las áreas de mayor riesgo en los diferentes sistemas de producción avícola en CyL. En ambos modelos se han desarrollado análisis espaciales de los resultados obtenidos para poder interpretar de una manera más precisa los resultados obtenidos. En el modelo de zonificación de la difusión en explotaciones de avicultura complementaria y de autoconsumo se ha aplicado un análisis espaciotemporal que permite identificar las zonas y los periodos de tiempo de mayor riesgo. Los resultados muestran una gran heterogeneidad en cuanto a la distribución del riesgo, identificando con claridad las áreas que deberían ser prioritarias para la vigilancia y control de la difusión de la IAAP. Así mismo, los resultados permiten identificar los humedales de mayor riesgo para la ocurrencia de IAAP, siendo también de gran utilidad para orientar los planes de vigilancia.

La simulación de la difusión una epidemia en gallinas y pollos industriales (Modelo II) desarrollada mediante un modelo estocástico ha permitido, identificar la dinámica de una epidemia, identificar los parámetros más influyentes en la transmisión, analizar las

consecuencias (número de animales infectados, coste etc.), e identificar los puntos críticos en las medidas de prevención y control de la difusión de la enfermedad. Este modelo complementa la fase anterior del mismo mostrándonos las consecuencias de una epidemia en cada una de las zonas de riesgo determinadas por el modelo de zonificación en gallinas y pollos industriales (Modelo I).

Los modelos desarrollados y los análisis realizados pueden ser una herramienta de gran utilidad para implementar los planes sanitarios de Castilla-León sobre IAAP, ya que permiten identificar las zonas de riesgo y gestionar los esfuerzos sanitarios y económicos. Este trabajo se ha desarrollado en el marco de los proyectos "Desarrollo de nuevos métodos para la vigilancia y control de Influenza Aviar en España" (RTA2006-00167-C02-02) y "Avances en epidemiología y diagnóstico de gripe aviar y enfermedad de Newcastle. Papel de las aves silvestres" (FAU2008-00001-C02-01) en los que participan el CISA-INIA y el departamento de Sanidad Animal de la Facultad de Veterinaria de la UCM, en cuyas instituciones se ha realizado esta tesis doctoral.



## 1.2. SUMMARY

The aim of this thesis is to identify which areas present a higher risk of spread of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) in Spain and to evaluate the consequences that this diffusion would involve, to contribute to the improvement surveillance and control plans against the disease, both wild and domesticated birds. To this aim, it has been developed a diffusion model of HPAI highly adapted to the structural characteristics of our poultry sector, which includes two different stages, the industrial poultry farming of chickens, and backyard poultry combined with no-chicken poultry farm wich including several avian species. The model comprises a first part in each scene in which different zones have been identified according to the risk of diffusion, based on information available from poultry farms, their location and their risk factors. Within the industrial poultry farming of chickens, it has been made a second part consisting of a dynamic stochastic model to simulate an epidemic of HPAI. It has been used as a territorial model the region of Castilla-Leon (CyL), which has been selected not only for being the reflect of the Spanish poultry's situation, but because in some of its provinces it has been identified high risk introduction areas of HPAI in wild birds and live poultry trade. (Martínez *et al.*, 2008; Martínez *et al.*, 2009, Sánchez-Vizcaíno *et al.*, 2010; Iglesias *et al.*, 2010a).

HPAI is one of the most important infectious viral diseases of poultry due to its high contagious power, its high mortality rate and the huge economic losses, both direct and indirect, that causes in the affected countries. It is a notifiable disease under the OIE so its presence in any country has serious implications for animal's international trade and avian origin products. HP H5N1 subtype has had a rapid spread in recent years affecting between 2004 and 2009 more than 60 countries, causing significant economic losses and also a large social alarm due to fatal cases in people. Outbreaks have notified in Central Asia Middle East, Europe and Africa in both domestic and wild poultry. Although Spain has just been two occasional outbreaks (in 2006 and 2009) who have not spread, the disease's risk of introduction is a reality, partly due to the importance that this sector represents (ranked third in poultry production European level) and the live birds large amount of import of which depends our production, and, moreover, the wild birds movement, because Spain hosts many susceptible migratory wild birds to HPAI from countries with high infection's probability (Martínez *et al.*, 2009). Therefore, the high impact that the spread of HPAI can have on health and economy in Spain, has been one of the main reasons which has motivated the development of this work. Another reason was the lack of previous work in this subject in our country, and so far it has not been developed any HPAI spreading model of risk adapted to the environmental, geographic and structural characteristics of Spain, in order to analyze an HPAI introduction's consequences. Therefore, the study presented here is innovative and let's generate information so far not available which is designed to improve human and economic efforts in the fight against this disease. The developed model can be updated continuously

according with the policy and structural changes in the sector, to provide current information for answers according with the reality of our country at all times.

Were initially identified, analyzed and evaluated all dissemination risk factors, with spatial statistics to identify those more relevant and evaluate the availability of information to include it in the model. In the zoning risk of HPAI spreading model in industrial chicken (Model I) we have considered the production system's characteristics itself, based on the biosecurity level of different holdings types, according to their production, species found and connecting movements between farms. At the diffusion's zoning model of backyard poultry combined with no-chicken poultry farm (Model III) are also included several environmental factors which consider viral survival and possible contact with wild birds likely to be infected. Multicriteria spatial analysis has been used for the factor's integration in each of the models, which have identified the relative risk of each area. The results have been represented by raster maps to visualize the greatest risk areas in different poultry production systems in Castilla-León. In both models have been developed spatial analyses of the results to deduct more accurately the results. In the zoning's diffusion model spread in backyard poultry combined with no-chicken poultry farm has been applied a spatiotemporal analysis to identify areas and higher risk periods. The results show great heterogeneity in the risk distribution, clearly identifying areas that should be a priority for monitoring and controlling the spread of HPAI. As well, the results make possible to identify the wetlands at higher risk for the presence of HPAI, and is also very useful to guide surveillance plans.

The spread epidemic simulation in industrial chicken (Model II) developed by a stochastic model has identified the dynamic of an epidemic and the most influential parameters in the transmission, has analyzed the impact (number infected animals, cost etc.), and has identified critical points in the prevention and control spread of the disease. This model complements the previous phase of same, showing the consequences of an epidemic in each of the risk areas identified by the zoning model in industrial chicken (Model I).

The models developed and analysis carried out can be a useful tool for implementing health HPAI plans for Castilla-León, since they allow the identification of risk areas and management the health and economic efforts. This work has been developed under the project "Development of new methods for monitoring and control of avian influenza in Spain" (RTA2006-00167-C02-02) and "Advances in epidemiology and diagnosis of avian influenza and Newcastle disease. Role of wild birds "(FAU2008-00001-C02-01) involving the CISA-INIA and the Department of Animal Health, Faculty of Veterinary Medicine, UCM, in whose institutions has been made this thesis.