



**UNL**

Universidad  
Nacional  
de Loja

**Universidad Nacional de Loja**  
**Facultad Agropecuaria y de Recursos Naturales Renovables**  
**Maestría en Sanidad Animal**

Análisis espacial del brote de influenza aviar en el Ecuador  
2022 - 2023

Trabajo de Titulación previo a  
la obtención del título de  
Magíster en Sanidad Animal

**AUTOR**

MVZ. Karen Tamara Córdova Ávila

**DIRECTOR:**

MVZ. Roberto Bustillos Huilca, MSc.

**CO-DIRECTOR:**

Ing. Alfredo Acosta Batallas, PhD.

**Loja-Ecuador**  
**2025**

## **Certificación de director**

Loja, 15 de enero del 2025

Mvz. Roberto Claudio Bustillos Huilca, MSc

**DIRECTOR DEL TRABAJO DE TITULACIÓN**

### **CERTIFICO:**

Que he revisado y orientado todo el proceso de la elaboración del Trabajo de Titulación denominado: **Análisis espacial del brote de influenza aviar en el Ecuador 2022 - 2023**, previo a la obtención del título de **Magíster en Sanidad Animal**, de la autoría de la estudiante **Karen Tamara Córdova Ávila** con **cédula de identidad Nro. 1401080641**, una vez que el trabajo cumple todos los requisitos exigidos por la Universidad Nacional de Loja, para el efecto, autorizo la presentación del mismo para la respectiva sustentación y defensa.



Mvz. Roberto Claudio Bustillos Huilca, MSc

**DIRECTOR DEL TRABAJO DE TITULACIÓN**

## **Autoría**

Yo, **Karen Tamara Córdova Ávila**, declaro ser autora del presente Trabajo de Titulación y eximo expresamente a la Universidad Nacional de Loja y a sus representantes jurídicos, de posibles reclamos y acciones legales, por el contenido del mismo. Adicionalmente acepto y autorizo a la Universidad Nacional de Loja la publicación de mi Trabajo de Titulación en el Repositorio Digital Institucional - Biblioteca Virtual.

### **Firma:**

**Autora:** Karen Tamara Córdova Ávila.

**Cédula:** 1401080641

**Correo electrónico:** [karen.cordova@unl.edu.ec](mailto:karen.cordova@unl.edu.ec)

**Celular:** +5939 939 132 725.

**Fecha:** 26/03/2025.

## **Carta de autorización**

Yo, **Karen Tamara Córdova Ávila**, declaro ser autor del Trabajo de Titulación denominado: **Análisis espacial del brote de influenza aviar en el Ecuador 2022-2023**, como requisito para optar por el título de **Magister en Sanidad Animal** al sistema Bibliotecario de la Universidad Nacional de Loja para que, con fines académicos, muestre la producción intelectual de la Universidad, a través de la visibilidad de su contenido en el Repositorio Institucional.

Los usuarios pueden consultar el contenido de este trabajo en el Repositorio Institucional, en las redes de información del país y del exterior con las cuales tenga convenio la Universidad.

La Universidad Nacional de Loja, no se responsabiliza por el plagio o copia del Trabajo de Titulación, que realice un tercero.

Para constancia de esta autorización, en la ciudad de Loja, a los dos días del mes de marzo del dos mil veinte y cinco.

### **Firma:**

**Autora:** Karen Tamara Córdova Ávila.

**Cédula:** 1401080641

**Dirección:** Azuay, Cuenca, Challuabamba

**Correo electrónico:** [karen.cordova@unl.edu.ec](mailto:karen.cordova@unl.edu.ec)

**Celular:** +5939 939 132 725.

### **DATOS COMPLEMENTARIOS:**

Director del Trabajo de Titulación: Mvz. Roberto Claudio Bustillos Huilca, MSc.

## **Dedicatoria**

Este trabajo va dedicado a mi persona, por tener todo el ahínco para seguir preparándome en la vida profesional.

Para mi querida madre y hermana que han sido un gran apoyo en esta y toda mi trayectoria de vida. A mi padre (+) que aunque no esté sé que estaría orgulloso.

Para mi amado Diego que estuvo siempre presente dándome ánimos y acompañándome.

Para todas mis amistades y familiares que de una u otra manera estuvieron con sus mensajes y llamadas de apoyo.

**Karen Tamara Córdova Ávila**

## **Agradecimiento**

A la Agencia de Regulación y Control Fito y Zoonosanitario (Agrocalidad), por facilitarme la información y brindarme su apoyo en este proceso de investigación.

A mi director Roberto por guiarme, y acompañarme, durante toda esta trayectoria.

Agradezco de manera especial a mi co-director Alfredo por apoyarme en este trabajo de titulación, por saber guiarme y estar siempre presente, gracias por su motivación, mi admiración y respeto.

## Índice de contenidos

|  |                                      |
|--|--------------------------------------|
| Portada .....  | i                                    |
| Certificación de director .....  | <b>¡Error! Marcador no definido.</b> |
| Autoría .....  | iii                                  |
| Carta de autorización .....  | iv                                   |
| Dedicatoria.....   | v                                    |
| Agradecimiento .....   | vi                                   |
| Índice de contenidos .....   | vii                                  |
| Índice de figuras .....  | ix                                   |
| Índice de tablas .....   | x                                    |
| Índice de anexos .....   | xi                                   |
| 1. Título .....  | 1                                    |
| 2. Resumen .....   | 2                                    |
| 3. Introducción.....   | 4                                    |
| 4. Marco teórico.....  | 6                                    |
| 4.1. Producción avícola en Ecuador .....                                     | 6                                    |
| 4.2. Influenza aviar .....   | 6                                    |
| 4.2.1. Etiología.....  | 7                                    |
| 4.2.2. Patogenicidad.....  | 7                                    |
| 4.2.3. Transmisión .....   | 8                                    |
| 4.2.4. Signos clínicos.....  | 8                                    |
| 4.2.5. Métodos de diagnóstico serológico y molecular utilizados en IAAP..... | 9                                    |
| 4.3. Análisis espacial de enfermedades .....                                 | 10                                   |
| 4.4. Estadística descriptiva .....   | 11                                   |
| 4.4.1. Clúster espacio temporales .....                                      | 11                                   |
| 4.5. Modelos lineales generalizados .....                                    | 11                                   |
| 4.5.1. Odds ratio .....  | 12                                   |
| 4.5.2. Caso control.....   | 12                                   |
| 5. Metodología.....  | 13                                   |

|       |  |    |
|-------|--|----|
| 5.1.  | Área de estudio y base de datos.....             | 13 |
| 5.2.  | Procedimiento.....                               | 14 |
| 5.2.1 | Enfoque metodológico.....                        | 14 |
| 5.2.2 | Diseño de la investigación.....                  | 14 |
| 5.2.3 | Tamaño de la muestra y tipo de muestreo .....    | 14 |
| 5.2.4 | Técnicas .....                                   | 14 |
| 5.2.5 | Procesamiento y análisis de la información ..... | 15 |
| 6.    | Resultados.....                                  | 17 |
| 6.1   | Análisis descriptivo .....                       | 17 |
| 6.2   | Detección de conglomerados de la IAAP.....       | 19 |
| 7.    | Discusión .....                                  | 23 |
| 8.    | Conclusiones.....                                | 26 |
| 9.    | Recomendaciones .....                            | 27 |
| 10.   | Bibliografía.....                                | 28 |
| 11.   | Anexos .....                                     | 41 |

## Índice de figuras

|   |    |
|---|----|
| <b>Figura 1.</b> Mapa del Ecuador continental con las provincias que reportaron brotes entre 2022 y 2023. ....            | 13 |
| <b>Figura 2.</b> Clústeres retrospectivos puramente espaciales (2022-2023) tomando el 50% de la población en riesgo. .... | 21 |
| <b>Figura 3.</b> Clúster retrospectivo espacio temporal (2022-2023) tomando el 50% de la población en riesgo. ....        | 22 |

## Índice de tablas

|   |    |
|---|----|
| Tabla 1. Distribución de los brotes de IA en las diferentes provincias del Ecuador en el periodo 2022-2023..... | 17 |
| Tabla 2. Descripción del tiempo de la atención de reportes de IAAP en el año 2022 y 2023 .....                  | 18 |
| Tabla 3. Descripción de las variables significativas en los brotes de IAAP .....                                | 19 |
| Tabla 4. Datos obtenidos en el análisis espacial retrospectivo con el 50% de la población en riesgo.....        | 20 |
| Tabla 5. Datos obtenidos en el análisis espacio temporal retrospectivo con 50 % de la población en riesgo.....  | 21 |

## Índice de anexos

|  |    |
|--|----|
| <b>Anexo 1.</b> Odds ratio de casos y controles para aves traspatio que se reportaron en el año 2022 y 2023..... | 41 |
| <b>Anexo 2.</b> Odds ratio de casos y controles cuando existía bioseguridad en las granjas avícolas.....         | 41 |
| <b>Anexo 3.</b> Resultado de análisis de datos en el software SatScan<br>.....                                   | 42 |
| <b>Anexo 4.</b> Certificado de idioma inglés<br>.....  | 43 |

## **1. Título**

Análisis espacial del brote de influenza aviar en el Ecuador 2022-2023.

## 2. Resumen

La influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP) es una enfermedad viral que afecta mundialmente a aves de corral y silvestres. Ecuador confirmó el primer brote en Cotopaxi el 25 de noviembre del 2022 y el último del 2023 el 04 de diciembre en Tungurahua. El objetivo de esta investigación fue determinar los patrones espaciales de los brotes de IAAP detectados en el Ecuador e identificar los factores de riesgo asociados con la presencia de la enfermedad. Se realizó un análisis espacial retrospectivo utilizando los datos de los brotes registrados por Agrocalidad en los años 2022 y 2023, se identificaron patrones geoespaciales y se evaluaron los factores de riesgo a través de la prueba Chi<sup>2</sup> y modelos univariados de regresión logística. De los 139 reportes, 32 fueron brotes IAAP siendo su pico en noviembre 2022 a abril 2023, localizados en la parte central del país asociados con la alta densidad de granjas avícolas, impactando en mayor número a Cotopaxi (34,38 %) y Tungurahua (28,13 %). La población afectada fue traspatio (53 %) y ponedoras (47 %). Entre los factores de riesgo identificados se cuentan la presencia de aves traspatio (OR = 3,32), e identificación del síndrome presuntivo respiratorio (OR= 3,24), mientras que el notificador Agrocalidad (OR=0,33) fue un factor de protección. En el análisis puramente temporal se encontraron 3 clústeres: C1 (Cotopaxi), C2 (Bolívar, Chimborazo, Tungurahua, Los Rios y Cotopaxi) y C3 (Zamora Chinchipe, Loja, El Oro, Azuay y Morona Santiago) y en el análisis espacio-temporal retrospectivo 1 clúster: C1 (Cotopaxi, Tungurahua, Bolívar, ichincha, Los Rios, Sto. Domingo de los Tsáchilas). Se concluye que el análisis espacio-temporal identificó patrones clave para mejorar la vigilancia y control de la enfermedad así como la bioseguridad en las granjas.

**Palabras clave:** Influenza aviar altamente patógena, análisis espacial, brote, Ecuador

## Abstract

Highly pathogenic avian influenza (HPAI) is a viral disease affecting both domestic and wild birds globally. Ecuador confirmed its first outbreak in Cotopaxi on November 25, 2022 and the last case reported was on December 04, 2023 in Tungurahua. This study aimed to determine the spatial patterns of HPAI detected in Ecuador and identify the risk factors associated with its presence. A retrospective spatial analysis was performed using data from outbreaks recorded by Agrocalidad in the years 2022 and 2023, geospatial patterns were identified and risk factors were evaluated through the Chi2 test and univariate logistic regression models. Out of 139 reports, 32 were HPAI outbreaks, peaking from November 2022 to April 2023, located in the central part of the country, associated with a high density of poultry farms, impacting Cotopaxi (34,38%) and Tungurahua (28,13%) the most. The affected populations included backyard (53%) and layer (47 %) birds. Identified risk factors included the presence of backyard birds (OR = 3.32), and the identification of presumptive respiratory syndrome (OR = 3.24), while the notifier Agrocalidad (OR = 0.33) was a protective factor. In the purely temporal analysis, 3 clusters were found: C1 (Cotopaxi), C2 (Bolivar, Chimborazo, Tungurahua, Los Rios and Cotopaxi) and C3 (Zamora Chinchipe, Loja, El Oro, Azuay and Morona Santiago) and in the retrospective spatiotemporal analysis 1 cluster: C1 (Cotopaxi, Tungurahua, Bolivar, ichincha, Los Rios, Sto. Domingo de los Tsáchilas). It is concluded that spatiotemporal analysis identified key patterns to enhance disease surveillance and control, as well as biosecurity in farms.

Key words: highly pathogenic avian influenza, spatial analysis, outbreak, Ecuador.

### 3. Introducción

La avicultura en el Ecuador es una actividad comercial y productiva que aporta el 3 % del Producto Interno Bruto (PIB) Nacional (Ministerio de Agricultura y Gandería [MAG], 2021), es así que en el año 2021 el valor bruto anual que se produjo fue de \$3 700 millones (CONAVE, 2022). Ecuador es un país autosustentable en la producción tanto de carne como de huevos de gallina, consumidos por sus 16,9 millones de habitantes (INEC, 2023). Datos expuestos por la Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador (CONAVE, 2023) mostraron que en el año 2023 la producción de carne proveniente de aves fue de 549 mil toneladas y 3 648 millones de huevos con una población avícola de 292 millones de pollos de engorde y 13,14 millones de ponedoras al año (Barajas, 2023). Una de las enfermedades que afecta a la producción avícola es la influenza aviar de alta patogenicidad (IAAP); es altamente contagiosa, ocasionada por un virus ARN de la gripe A, de la familia *Orthomyxoviridae* (International Committee on Taxonomy of Viruses [ICTV], 2024). Esta enfermedad afecta a una gran variedad de aves, incluidas las aves silvestres o en cautiverio, patos domésticos, pollos, pavos, codornices, y otras aves de corral domésticas (Organización Mundial de la Salud Animal [OMSA], 2024). Los efectos ocasionados por el virus de la IAAP subtipos H5 y H7 han sido muertes de aproximadamente 422 millones de aves domésticas a partir del año 2005 (Shi et al., 2022), alcanzando altas tasas de mortalidad y grandes pérdidas económicas en el sector avícola comercial y traspatio a nivel mundial (Rehman et al., 2022).

En el Ecuador, la Agencia de Regulación y Control Fito y Zoosanitario (Agrocalidad) que es el ente encargado de monitorear la enfermedad a través del sistema de vigilancia epidemiológica y el sistema de información zoonosológica (SIZSE) reportó a finales de 2022 y las primeras semanas de 2023 cerca de un millón de aves muertas en granjas comerciales por IAAP. Se detectaron 26 brotes en varias provincias: Cotopaxi, Bolívar, Chimborazo, Tungurahua, Azuay, Cañar, Napo, Morona Santiago, Pichincha, Imbabura y Guayas. Dando un total de 125 242 aves afectadas en explotaciones comerciales y de traspatio (Agrocalidad, 2023).

Al disponer de datos sobre la IAAP es importante realizar análisis epidemiológicos espaciales que proporcionen datos predictivos sobre la enfermedad; contribuyendo al avance del conocimiento en la rama de la medicina veterinaria y la salud pública (Valbuena & Rodríguez, 2018). Así Branda et al. (2024) publicaron un estudio sobre la

estandarización de la base de datos para identificar fuentes comunes de exposición, los grupos de infección, asociación de factores de riesgo, y obtener tendencias de la enfermedad en el espacio-tiempo, todo esto con el objetivo de modelar y pronosticar futuras epidemias, similar al trabajo de Ahmed et al. (2010) que mediante un análisis espacial de brotes de IAAP que se dieron en Bangladesh en los años 2007 - 2008 demostraron que realizar estos análisis contribuye en la planificación para tener buenas estrategias en el control, prevención y vigilancia.

En Latinoamérica existen algunos trabajos de influenza aviar con enfoque espacial, por ejemplo en Argentina se ha realizado una modelización espacial de la influenza aviar de baja patogenicidad en aves silvestres y de corral (La Sala et al., 2019), en Chile se evaluó el riesgo relativo espacial y factores de riesgo en aves y cerdos de producción traspatio para virus de la gripe A (Bravo et al., 2020), también en otro estudio en Chile se realizó un análisis espacial para correlacionar los eventos de mortalidad masiva y los brotes de IAAP en pingüinos (Muñoz et al., 2024), y por último en un trabajo de Cuba se realizó un análisis geoespacial multicriterio, sobre la apreciación del riesgo en la influenza aviar (de las Nieves et al., 2020). No obstante, en Ecuador no existen trabajos espaciales sobre Influenza Aviar. Por consiguiente, este estudio dará un aporte al conocimiento con respecto a la salud aviar en la actualidad del país, identificando áreas en donde se pueda hacer una mejora en las prácticas de manejo y producción avícola, y de esta manera contribuir en el diseño de estrategias del control de la IAAP.

Para realizar el presente trabajo se planteó los siguientes objetivos: (i) determinar los patrones espaciales de los brotes de IAAP detectados en el Ecuador e (ii) identificar los factores de riesgo que pueden estar asociados con la presencia de la IAAP.

## **4. Marco teórico**

### **4.1. Producción avícola en Ecuador**

La producción avícola en el país ha crecido de manera gradual, siendo la carne de pollo y huevos parte de la canasta básica familiar, por lo que es muy importante preservar una óptima producción para mantener las necesidades (Sánchez et al., 2020). Para el año 2024 el Instituto Latinoamericano del Pollo (ILP) reportó que de las 29,3 millones de toneladas de carne de pollo producidas en América Latina en el 2023 el 79,86 % proviene de América del Sur, y solo Ecuador produjo 549 000 toneladas equivalente al 1,87 %. Además el ILP menciona que el consumo de carne de pollo per cápita ecuatoriano llega a ser de 30,4 kg considerado menor que las estimaciones en otros países como: Panamá 54 kg, Perú 52,1 kg, Argentina con 49,8 kg o Brasil con 45,1 kg. Asia es el mayor productor de huevo con el 60 % de la producción mundial equivalente al 54,11 millones de toneladas, le sigue América con el 20 % con 17,60 millones de toneladas y Europa 13 % con 11,09 millones de toneladas (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura [FAO], 2022). El consumo del huevo de mesa en Ecuador es bajo en comparación con otros países; mientras que Ecuador tiene un consumo de 6,27 kg/persona/año versus China continental con 20,81 kg/persona/año o México con 20,33 kg/persona/año de consumo de huevo (FAO, 2019). No obstante, esta producción puede verse amenazada por enfermedades que afectan a las aves, llegando a ser mortales para la industria avícola, tal es el caso de la IAAP que puede afectar a toda la población de la granja teniendo que sacrificar a todos los animales afectados (Agrocalidad, 2023).

### **4.2. Influenza aviar**

La influenza aviar (IA) es una enfermedad que constituye una amenaza a la industria avícola, presentando cuadros desde muertes súbitas, hasta una enfermedad característica con síntomas respiratorios, y en aves de postura la caída en la producción de huevos (Perera et al., 2011) lo que ocasiona grandes pérdidas económicas (Capua & Dennis, 2004) de manera particular cuando existe una alta tasa de densidad avícola (OMSA, 2024). Pero con un buen manejo sanitario se puede disminuir el riesgo de enfermedades mortales como la IA (Agrocalidad, 2023).

#### 4.2.1. Etiología

El agente etiológico de la IA es un virus ARN monocatenario de sentido negativo, y que tiene ocho segmentos (Seiler et al., 2018; Wille & Holmes, 2020) clasificados en la familia *Orthomyxoviridae* especie *Alphainfluenzavirus influenzae* (Lefkowitz et al., 2018; ICTV, 2024). La familia *Orthomyxoviridae* incluye varios virus segmentados, cuatro géneros de la influenza: el tipo A incluyen a todos los virus de la IA afectando a aves silvestres y domésticas, mientras que; los tipos B, C y D pueden infectar a una gran variedad de animales, como patos salvajes, pollos, pavos, cerdos, caballos, visones, focas y seres humanos (Hassan et al., 2020).

El virus de la IA tipo A se componen de una nucleocápside y proteínas de la matriz que guardan una relación antigénica, el virus codifica 10 proteínas, de las cuales dos son las que más sufren de variación antigénica, son las glicoproteínas: hemaglutinina (H) y neuraminidasa (N) (Herrero, 2008). Se han reconocido actualmente 16 subtipos de hemaglutinina (H1 - H16) y 9 subtipos de neuraminidasa (N1- N9) (Blaurock et al., 2020; Shi et al., 2022; Yoon et al., 2014).

#### 4.2.2. Patogenicidad

Los virus de la IA tipo A que infectan a las aves de corral se clasifican en dos patotipos, basados en el sitio de clivaje de la H y en la capacidad de producir la enfermedad y mortalidad en pollos (More et al., 2017): virus de la IA levemente patógena (virus IALP) y virus de la IA altamente patógena (virus IAAP). La patogenicidad de estos virus IA se miden con el índice de patogenicidad intravenosa (IPIV), de acuerdo con los reportes de European Union Scientific Committee on Animal Health and Animal Welfare (EU SCAHAW, 2000) y Perera et al. (2011) el IPIV de la IA o cualquier virus de la gripe A de los subtipos H5 y H7 después de 10 días de observación es superior a 1,2.

Generalmente, los virus IALP causan infecciones asintomáticas en las aves acuáticas salvajes, pero si son introducidos en aves domésticas puede ocasionar infecciones asintomáticas o bien que induzcan lesiones y signos clínicos reveladores de trastornos fisiopatológicos en los sistemas respiratorio, digestivo y reproductor (Abdelwhab et al., 2013; Busani et al., 2007).

En un inicio el virus IAAP fue visto en gallináceas, ocasionando una enfermedad sistémica; órganos viscerales, sistema nervioso, cardiovascular y piel en estado de

inflamación y necrosis; alcanzando hasta el 100 % de mortalidad (Babatunde et al., 2020; Comisión de las comunidades Europeas [COTEC], 2006). En cambio, en las aves acuáticas domésticas o salvajes el virus IAAP es poco común, pero lamentablemente en los últimos diez años la cepa H5N1 euroasiático-africana ha evolucionado para infestar a patos domésticos y aves salvajes; ocasionando en estos animales infecciones asintomáticas en el sistema respiratorio, digestivo, o también una enfermedad sistémica localizado generalmente en cerebro, corazón y páncreas (Lo et al., 2022).

#### **4.2.3. Transmisión**

La exposición al virus es a través del contacto con animales infectados o fómites, y un hospedador susceptible. La transmisibilidad es la propagación natural de hospedador a hospedador, esta depende de las características del virus y del huésped; juntos, delimitan la probabilidad de que un ave se infecte, así como, la infectividad del ave después de contraer la enfermedad (More et al., 2017); por otro lado, la eficacia de la transmisión según Brown & Stallknecht (2008) está influenciada por tres elementos:

- Excreción del virus por el huésped al medio ambiente, en términos de título viral, duración y fuente (oral, cloacal).
- Estabilidad del virus en el medio ambiente, que depende de la temperatura, la humedad, y el contenido de materia orgánica.
- Dosis mínima de infección del virus.

#### **4.2.4. Signos clínicos**

La infección de las aves de corral domésticas por el virus de la IA produce desde una infección asintomática, pasando por la enfermedad respiratoria y la disminución de la producción de huevos, hasta llegar a la falla sistémica grave del ave con una mortalidad cercana al 100 % cuando es IAAP (Simancas et al, 2023).

La IAAP se desarrolla de acuerdo con el hospedador, edad, medio ambiente y si existen otros microorganismos; suele presentarse con muerte súbita con escasos o ningún signo evidente, o únicamente los clásicos signos respiratorios con lagrimeo excesivo, disnea, sinusitis, edema en cara y cabeza, diarrea, tejido epitelial cianótico sin plumas, y en aves ponedoras la producción de huevos cae repentinamente (Perera et al., 2011).

Lo contrario con la IALP la cual no produce la enfermedad o es muy leve, el cuadro clínico se observa cuando existen condiciones exacerbantes y es parecido al de las cepas

de IAAP (More et al., 2017). A pesar de ello, no se puede estimar ningún signo patognomónico en la IA, considerando fundamental un diagnóstico confirmatorio justificado en pruebas de laboratorio valederas (Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals, 2008).

#### **4.2.5. Métodos de diagnóstico serológico y molecular utilizados en IAAP.**

Dentro de los métodos de diagnóstico están los de detección indirecta como la técnica de serología, que sirve para identificar anticuerpos específicos tipo HA y NA (Guan et al., 2002) presentes 7 días post-infección pero no diferencia el subtipo. Otra técnica es el ensayo por inmovinabsorción ligado a enzimas (*ELISA* por sus siglas en inglés), su fundamento se basa en buscar el complejo inmune (Starick et al., 2006); esta prueba presenta un anticuerpo monoclonal frente a la nucleoproteína, siendo capaz de identificar cualquier virus de la IA tipo A. Presenta baja sensibilidad, por lo que tras aplicarla en campo en casos clínicos se debe realizar una prueba confirmatoria de mayor sensibilidad (Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals, 2008).

Por otra parte, las técnicas de detección directa, como el aislamiento viral e identificación, son consideradas como “gold standard”; entre estas están el aislamiento viral en embrión de pollo libre de patógenos específicos (LPE), embriones específicamente libres de anticuerpos (LA) y/o cultivos celulares (MDCK) (Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals, 2008). También existen otras técnicas como los ensayos de detección molecular RT-PCR convencional que se realiza con la finalidad de determinar su patogenicidad, además de obtener datos filogenéticos del gen de la hemaglutinina (Banks et al., 2001). Otro es la transcripción inversa reacción en cadena de polimerasa en tiempo real (rRT-PCR), que tiene como ventaja ser un método rápido; es altamente sensible y específico al momento que se realiza un diagnóstico por IA, además, debido a que los resultados se obtienen en tiempo real existe una baja probabilidad de contaminaciones cruzadas (Spackman et al., 2002); por lo que es el método de elección diagnóstica ante un brote de IA (Fu et al., 2023). En el Ecuador el método utilizado por el Centro Nacional de Influenza del Instituto Nacional de Salud Pública e Investigación (INSPI) fue la RT-PCR, y también ensayos de RT-qPCR para la detección y caracterización del tipo y el subtipo de la influenza aviar (Bruno et al., 2023).

### **4.3. Análisis espacial de enfermedades**

El análisis espacial de enfermedades es una disciplina dentro de la epidemiología que se enfoca en estudiar la distribución geográfica de las enfermedades y los factores que influyen su propagación; usa técnicas geoespaciales y herramientas de análisis geográfico para comprender la distribución y los patrones de enfermedades en el espacio y el tiempo (Valbuena & Rodríguez, 2018; Banerjee, 2016).

La descripción adecuada del patrón espacial de un evento puede proporcionar elementos para realizar hipótesis de sus causas. Describir el lugar en donde los individuos viven puede servir para identificar patrones de una enfermedad; sin embargo, las exposiciones a agentes infecciosos no necesariamente se encuentran en el lugar donde viven, sino en todo el entorno en el cual conviven y pasan tiempo (Organización Panamericana de la Salud, 2017; Shaheen, 2022). Es por esta razón que el análisis espacial es de utilidad para identificar patrones de enfermedades y analizar la distribución espacial de estructuras, patrones ocupacionales y las exposiciones ambientales en las cuales se encuentra una población (Waller & Gotway, 2004).

En una investigación que presente valores cuantitativos, se puede estudiar la distribución geográfica de los valores asociados a los individuos, de manera particular si es que se presenta una relación con la proximidad entre estos individuos; en donde caracteriza la dependencia de los valores, dando como resultado una autocorrelación positiva cuando existe una correlación entre el valor de los individuos y su proximidad, en cambio, si se dispersan el resultado es una autocorrelación espacial aleatoria (Bonnet et al, 2020).

Se presentan cuatro tipos de características espaciales: la primera característica es el punto, conocido como la georreferenciación con dos coordenadas: la latitud y la longitud, la segunda característica es la línea, que son puntos que se conectan secuencialmente, como tercera está el área, que se define como la región cercada por líneas, y la cuarta característica es el volumen, conocido como un objeto tridimensional con una expansión vertical y horizontal (Waller & Gotway, 2004); dentro de estas características existen propiedades específicas para cada una de ellas, que son: tamaño, forma y orientación espacial específica; los cuales forman el soporte de los datos, y los datos espaciales presentan atributos asociados que pueden ser observaciones o medidas (Valbuena & Rodríguez, 2018).

#### **4.4. Estadística descriptiva**

El análisis descriptivo tiene un enfoque de analizar la frecuencia y distribución de enfermedades dentro de una población específica considerando variables como el tiempo, el lugar o características del animal (Jaramillo & Martinez, 2011), todo esto con la finalidad de identificar patrones y tendencias en la presentación de la enfermedad (Thrusfield, 2007).

##### **4.4.1. Clúster espacio temporales**

La epidemiología de una enfermedad se puede comprender de mejor manera cuando se analiza su presentación espacio-temporal. La ubicación, el alcance y la fuerza de los límites geográficos son utilizados y mediante un análisis de datos como resultado los clusters espacio-temporales pueden detectar brotes de enfermedades (Jacquez & Goovaerts, 2010; Zhang et al., 2021). En contexto, una base de datos que contengan ciertas características necesarias para realizar los análisis espacio-temporales se dividen mediante “clustering”; este término puede definirse como una partición del conjunto de datos, de modo que cada partición los datos presentan características similares entre sí, y a su vez tienen diferencias de los datos que se encuentran en otras particiones (Ale & Navas, 2004). Entonces, un clúster espacio-temporal sería un grupo de eventos que ocurren en el espacio (localización geográfica) y en un tiempo específico (distribución del tiempo de los casos) que sirve para cuantificar la fuerza de sus agrupaciones y su importancia estadística (Kulldorff, 2005).

#### **4.5. Modelos lineales generalizados**

Un modelo lineal es una representación matemática que sirve para expresar de manera cuantitativa relaciones entre un conjunto de variables (variable dependiente y variables independientes) (López & Ruiz, 2011) teniendo tres supuestos, la primera es que la relación entre las variables debe ser lineal, la varianza debe ser constante y la tercera que debe existir una distribución normal del error (Cayuela, 2010). Sin embargo, existen casos en donde los supuestos no se cumplen, es por eso que en esos casos se utilizan los modelos lineales generalizados.

Los modelos lineales generalizados (GLM por sus siglas en inglés) según Cayuela (2010) son una herramientas metodológicas que hacen posible el uso de distribuciones no normales de los errores y varianzas no constantes. Tres componentes especifican a un

GLM: permite que la variable independiente tenga diferentes distribuciones mediante distintos tipos de distribución de errores como poisson, binomiales, gamma, exponenciales, otro componente es que pueda expresar la relación que existe entre las variable dependiente y variables independiente, y el tercero es que utilice una función de vínculo por ejemplo logit, log, recíproca o raíz cuadrada exponencial con la finalidad de transformar la relación que existen entre las variables (Dobson & Barnett, 2018).

#### **4.5.1. Odds ratio**

El odds ratio se entiende como una medida estadística en el cual se mide la fuerza de asociación entre el factor de riesgo y la ocurrencia de una enfermedad; es decir la probabilidad de que un evento ocurra en comparación de que no ocurra en dos grupos diferentes (Thrusfield, 2007). Puede interpretarse de acuerdo con Jaramillo & Martinez (2011) cuando:

- $< 1$ : cuando el sujeto se expone la probabilidad de la enfermedad disminuye.
- $= 1$ : no existe diferencia entre probabilidad de que la enfermedad se dé entre los sujetos expuestos y los no expuestos.
- $> 1$ : cuando el sujeto se expone la probabilidad de enfermedad aumenta.

El odds ratio es muy utilizado en estudios de caso-control; en donde, se realiza una comparación entre sujetos con la enfermedad y los sujetos sin la enfermedad.

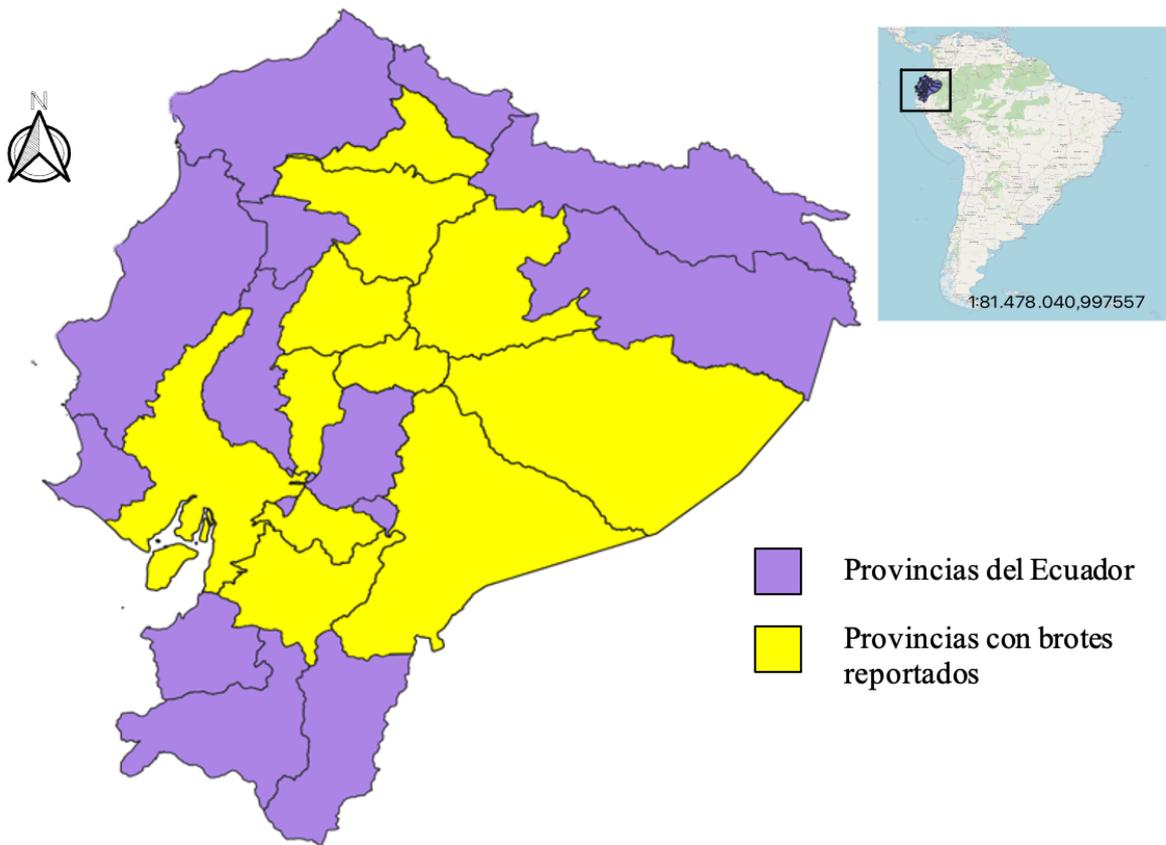
#### **4.5.2. Caso control**

El estudio de caso control es un tipo de diseño epidemiológico el cual es empleado para determinar la asociación entre una enfermedad y factores de riesgo (Celentano & Szklo, 2020). Para realizar el estudio se necesitan dos grupos; el grupo de casos en el cual se encuentra la enfermedad, y el grupo de controles en donde no hay enfermedad, es útil para medir la probabilidad de exposición a un factor de riesgo en animales enfermos y sanos, y se mide la fuerza de asociación entre una enfermedad y los factores de riesgo (Jaramillo & Martinez, 2011).

## 5. Metodología

### 5.1. Área de estudio y base de datos

En el presente trabajo se utilizaron datos de los casos de IAAP del 2022 al 2023 en el Ecuador continental. El mismo tiene una división administrativa de 23 provincias, 221 cantones y 1204 parroquias, cuenta con una extensión de 256 370 km<sup>2</sup> (INEC, 2022). El Ecuador presenta un clima fragmentado en las 3 regiones, las cuales tienen dos estaciones definidas, la húmeda y la seca; la estación húmeda en la región costa va de diciembre a mayo, en la región sierra de noviembre a abril, y en la región oriental de enero a septiembre (León, 2015). Se encuentra ubicado en la parte noroccidental de América del sur; limita al norte con Colombia, al sur y este con Perú, y al oeste con el Océano Pacífico (Cancillería del Ecuador, 2021). Las coordenadas de la parte continental son: entre latitud 01° 30' N y 03° 23.5' S y longitud 75° 12' W y 81° 00' W (Instituto Oceanográfico y Antártico de la Armada del Ecuador, 2012) (Figura 1).



**Figura 1.** Mapa del Ecuador continental con las provincias que reportaron brotes entre 2022 y 2023.

## **5.2. Procedimiento**

### **5.2.1 Enfoque metodológico**

El enfoque metodológico de la investigación fue cuantitativo, las técnicas del análisis para esta investigación fueron un análisis descriptivo de los brotes confirmados de IAAP para comprender cuál fue su distribución en el Ecuador continental, luego de esto se realizó un análisis espacial entre los brotes de IAAP mediante la interpretación y modelización de datos en el Sistema de Información Geográfica (SIG), en el cual los datos son una representación en pantalla (EOS Data Analytics, 2022) y también un análisis temporal para examinar cómo la IAAP fue variando a través del periodo de tiempo 2022-2023.

### **5.2.2 Diseño de la investigación**

El presente trabajo tuvo un diseño observacional de casos y controles mediante un análisis de regresión para evaluar los factores de riesgo que pueden estar asociados con la enfermedad, en relación a la variable dependiente presencia o ausencia de la enfermedad y las variables independientes que puedan estar asociadas con la probabilidad que se presente la IAAP (Thrusfield, 2007).

### **5.2.3 Tamaño de la muestra y tipo de muestreo**

Se analizaron y se ordenaron registros desde el 01 de junio del 2022 al 19 de diciembre del 2023. Periodo en el cual se notificaron 139 sospechas, de los cuales hubo 32 brotes de IAAP de acuerdo a la provincia, parroquia y fecha de notificación.

### **5.2.4 Técnicas**

#### **5.2.4.1 Proceso de atención de sospechas**

Tras la notificación del evento sanitario a Agrocalidad, el personal técnico recopiló la información *in situ* mediante un formulario, la misma que consta de información personal sobre el productor, datos del predio, información sobre la explotación, y su georreferenciación. Además, los técnicos realizaron una reseña de lo ocurrido en las explotaciones afectadas así como una anamnesis para evaluar la presunción de enfermedad.

Dentro de las granjas, se evaluaron clínicamente a los animales afectados, para confirmar la presencia de alguna enfermedad, el muestreo se realizó aplicando normas de bioseguridad para obtener el suero sanguíneo, hisopados cloacales e hisopados orofaríngeos; las mismas fueron enviadas al laboratorio oficial a nivel nacional ubicado en la Agencia de Tumbaco, para su

posterior análisis. En el laboratorio se realizó la prueba screening Elisa-Ag, y la prueba confirmatoria por RT-PCR (Agrocalidad, 2022).

#### 5.2.4.2 Procesamiento de datos y brotes positivos.

Los brotes confirmados de IAAP fueron notificados al Sistema Mundial de Información Zoonosaria (WAHIS) debido a que es una enfermedad de declaración obligatoria; se implementó un plan de emergencia con la finalidad de frenar la propagación y controlar los focos de infección; mientras que, para los resultados negativos se realizó un seguimiento, además se aumentaron las medidas de bioseguridad y control como prevención.

La información epidemiológica fue registrada la base de datos de Servicio Veterinario Oficial (SVO) llamado SIZSE con la siguiente información: notificaciones de IAAP, casos confirmados de IAAP, registro de establecimientos avícolas, tipo de explotación, fecha de la notificación y de la primera visita, síndrome presuntivo y la patología de la enfermedad, determinación diagnóstica, si existió vacunación contra la IAAP, cantidad de animales enfermos, muertos, sacrificados, afectados y el diagnóstico final.

Adicionalmente, se trabajó con los datos de población de aves de la ESPAC del censo realizado en el 2015, esta entidad es la fuente oficial de información del sector agropecuario por lo que se utilizaron los datos de la población avícola por parroquias de todas las provincias del Ecuador continental.

### 5.2.5 Procesamiento y análisis de la información

Los datos fueron manipulados y depurados a través de lenguaje R V 4.3.3 (R Core Team, 2024 <https://cran.r-project.org/>), Rstudio (<https://www.R-project.org/>) y el programa Excel (Microsoft Corporation, 2008); se corroboró esta información con los datos que se encuentran en el WAHIS para confirmar los brotes positivos a IAAP.

Para determinar conglomerados de espacio y tiempo de alto riesgo de IAAP en Ecuador se empleó el software SaTScan (versión 10.1 <http://www.satscan.org>), se consideraron tres bases de datos: brotes positivos, población en riesgo, coordenadas de todas las parroquias; todos ellos con extensión .csv. mientras que con el programa Qgis (<https://qgis.org/>) se utilizaron los archivos de extensión .shp.

#### 5.2.5.1 Clusters espacio temporales

Se realizó un análisis retrospectivo espacio-temporal y un análisis retrospectivo temporal de Kulldorff mediante el modelo discreto de Poisson. La unidad espacial del análisis fueron las 23 provincias, tamaño de grupo espacial y temporal, con un tamaño máximo de grupo espacial del 50 %, y tamaño máximo de grupo temporal del 50%, Para la población en riesgo se tomó el 50

% como valor de referencia. Se consideró un valor p estadísticamente significativo cuando  $p < 0,05$ . Para la elaboración de mapas se utilizó el programa Qgis V 3.36.2 para representar los brotes de IAAP en el país.

#### 5.2.5.2 Análisis de factores de riesgo

Para el análisis de factores de riesgo de la IAAP, se utilizó un modelo lineal generalizado (GLM) aplicando un análisis de regresión logística univariable (Thrusfield, 2018) considerando una distribución binomial para la variable respuesta. El total de la base de datos presentó 49 variables, gran parte de ellas se tomaron con fines administrativos. Sin embargo, se seleccionaron solo 6 variables para el análisis univariable, 5 cuantitativas y 1 cualitativa:

- La primera variable fue el número de días entre el reporte y la primera visita que realiza Agrocalidad expresada en número de días,
- La segunda variable fue el tiempo que se tardaba entre la 1er ave enferma y en reportar a Agrocalidad, para de esta variable se realizó una nueva clasificación de tres categorías tomando en cuenta el tiempo: hasta 48 horas, hasta 1 semana y mayor a 1 semana.
- La tercera variable fue el tamaño de la población; en donde se realizó una nueva clasificación de dos grupos: industrial aves que superan los 87 animales y traspatio aves que tienen hasta 86 animales, en el caso de las silvestres se las incluyó en traspatio. Se consideró este punto de corte para clasificar a las aves debido a que se consideran aves traspatio cuando la producción es a pequeña escala (Hotúa et al., 2021) por lo que dentro de los datos luego de la población 86 aves el número que le seguía fue 91 aves, y consideramos que esta población pertenece al grupo industrial.
- Como cuarta variable incluida fue la persona que notificó el evento: Agrocalidad, propietario, otros.
- Y la última variable fue el síndrome presuntivo: muerte súbita, gastroentérico y respiratorio (incluye el respiratorio agudo y respiratorio crónico).

En cambio, para la variable cualitativa dicotómica fue la bioseguridad: si existe o no bioseguridad en las granjas.

## 6. Resultados

### 6.1 Análisis descriptivo

Según la ESPAC en el año 2023 la población avícola en Ecuador fue de 61 074 516 aves. En el país cuenta con alrededor de 1 819 granjas avícolas (MAG, 2019), con mayor producción en las provincias de Guayas, Pichincha y Tungurahua (Sánchez et al., 2020).

Con respecto a los brotes y notificaciones, se documentaron 139 reportes, de los cuales 107 fueron notificaciones y 32 brotes. De estos, 5 fueron en el año 2022 con el 80 % de brotes en la provincia de Cotopaxi, mientras que 27 en el año 2023 destacando la provincia de Tungurahua con 33,33 %, seguido por Cotopaxi con un 25,9 % (Tabla 1). La distribución de los brotes se presentó de la siguiente manera: en la región costa hubo una provincia afectada con 1 brote, en la región sierra existieron 7 provincias afectadas con un total de 27 brotes y en la región amazónica 3 provincias afectadas con 4 brotes. El primer brote fue el 25 de noviembre del 2022 en la provincia de Cotopaxi, mientras que el último brote reportado en el 2023 fue el 04 de diciembre en la provincia de Tungurahua.

**Tabla 1.** Distribución de los brotes de IA en las diferentes provincias del Ecuador en el periodo 2022-2023.

| Provincias | Número de brotes |             | Total (%)    |
|------------|------------------|-------------|--------------|
|            | 2022 (%)         | 2023 (%)    |              |
| Azuay      |                  | 1 (3,70 %)  | 1 (3,13 %)   |
| Bolívar    | 1 (20 %)         | 1 (3,70 %)  | 2 (6,25 %)   |
| Cañar      |                  | 1 (3,70 %)  | 1 (3,13 %)   |
| Cotopaxi   | 4 (80 %)         | 7 (25,9 %)  | 11 (34,38 %) |
| Guayas     |                  | 1 (3,70 %)  | 1 (3,13 %)   |
| Imbabura   |                  | 1 (3,70 %)  | 1 (3,13 %)   |
| Morona     |                  | 1 (3,70 %)  | 1 (3,13 %)   |
| Santiago   |                  | 1 (3,70 %)  | 1 (3,13 %)   |
| Napo       |                  | 2 (7,41 %)  | 2 (6,25 %)   |
| Pastaza    |                  | 1 (3,70 %)  | 1 (3,13 %)   |
| Pichincha  |                  | 2 (7,41 %)  | 2 (6,25 %)   |
| Tungurahua |                  | 9 (33,33 %) | 9 (28,13 %)  |

En relación con el tiempo en el cual se atendió el reporte y la primera visita por parte de Agrocalidad, hubo un promedio entre  $0,43 \pm 0,50$  días con un rango entre 0 a 1 días, mientras que el tiempo que se tardaba el productor en reportar a Agrocalidad a la primera ave que se encontraba enferma fue de  $17,43 \pm 23,10$  días con un rango de 1 a 102 días para el año 2022. Por otro lado para el año 2023 el tiempo en el cual se atendió el reporte y la primera visita por parte de Agrocalidad hubo un promedio entre  $0,59 \pm 1,55$  días con un rango entre 0 a 12 días, mientras que el tiempo que se tardaba el productor en reportar a Agrocalidad a la primera ave que se encontraba enferma fue de  $5,96 \pm 8,03$  días con un rango de 0 a 62 días (Tabla 2).

**Tabla 2.** Descripción del tiempo de la atención de reportes de IAAP en el año 2022 y 2023

|   | media $\pm$ DE    |                 | mediana |      | rango   |      |
|---|-------------------|-----------------|---------|------|---------|------|
|   | 2022              | 2023            | 2022    | 2023 | 2022    | 2023 |
| Días entre reporte y primera visita                       | $0,43 \pm 0,50$   | $0,59 \pm 1,55$ | 0       | 0    | 0 - 1   | 0-12 |
| Días entre primer ave enferma y en reportar a Agrocalidad | $17,43 \pm 23,10$ | $5,96 \pm 8,03$ | 8       | 4    | 1 - 102 | 0-62 |

Nota: tamaño de la población para 2022 = 30 y 2023 = 109

Las explotaciones afectadas por la IAAP fueron de tipo industrial (47 %) y traspatio (53 %). Al comparar las proporciones mediante el test de chi cuadrado se demostró que existe una diferencia significativa entre los predios ( $p = 0,003$ ). Luego de esto se realizó una regresión logística univariable en donde se obtuvo un OR = 3,32 y un p valor = 0,004, dando como resultado una asociación positiva entre el tipo de explotación y la presencia de la IAAP, lo que significa que animales de traspatio presentan mayor riesgo para contagiarse de IAAP versus aves industriales (Tabla 3).

En la variable bioseguridad de las granjas (Si 22 % vs No 78 %) no hubo diferencia significativa ( $p = 0,29$ ) entre las categorías. Esto se confirmó al realizar la regresión logística univariable (OR = 0,58;  $p = 0,28$ ), a pesar de ser un factor de protección ante la IAAP la asociación no fue significativa.

En la variable notificador no se evidenció una diferencia estadística entre el tipo de persona que notifica el evento ( $p = 0,09$ ). Sin embargo, en la regresión logística se pudo constatar que cuando el notificador fue Agrocalidad, se encontró una asociación negativa (OR = 0,33;  $p =$

0,04), lo que significa que cuando notifica Agrocalidad se presenta menor riesgo para contagiarse de IAAP comparado cuando notifica el propietario, por lo que fue considerado como factor de protección.

Por último, en la variable síndrome presuntivo, hubo diferencia estadística al comparar sus categorías ( $p = 0,02$ ). Esto se pudo corroborar al estimar el riesgo, determinando que cuando el síndrome presuntivo es respiratorio hay mayor riesgo de IAAP vs cuando los animales presentaron muerte súbita ( $OR = 3,24$ ;  $p = 0,03$ ) (Tabla 3).

**Tabla 3.** Descripción de las variables significativas en los brotes de IAAP

| VARIABLES                  | BROTES    | ODDS RATIO (OR) | P VALOR |
|----------------------------|-----------|-----------------|---------|
| <b>Tipos de granja</b>     |           |                 |         |
| Industrial (ponedoras)     | 15 (47 %) | 1               |         |
| Traspatio                  | 17 (53%)  | 3,32            | 0,004   |
| <b>Bioseguridad</b>        |           |                 |         |
| No                         | 25 (78 %) | 1               |         |
| Si                         | 7 (22 %)  | 0,58            | 0,28    |
| <b>Notificador</b>         |           |                 |         |
| Propietario                | 18 (56 %) | 1               |         |
| Agrocalidad                | 7 (22 %)  | 0,33            | 0,04    |
| Otros                      | 7 (22 %)  | 0,55            | 0,24    |
| <b>Síndrome presuntivo</b> |           |                 |         |
| Muerte súbita              | 9 (28 %)  | 1               | 0,65    |
| Respiratorio               | 23 (72 %) | 3,24            | 0,03    |
| Gastroentérico             | 0 (0 %)   | inf             | 0,99    |

## 6.2 Detección de conglomerados de la IAAP

### **Análisis retrospectivo puramente espacial de clústeres con áreas altas o bajas de brotes.**

En este primer análisis se trabajó con el tiempo de precisión fue en días, considerando una población en riesgo del 50 %. Se determinaron tres clústeres (Figura 4) que fueron estadísticamente significativos ( $p \text{ valor} < 0,05$ ) (Tabla 4).

**Tabla 4.** Datos obtenidos en el análisis espacial retrospectivo con el 50 % de la población en riesgo.

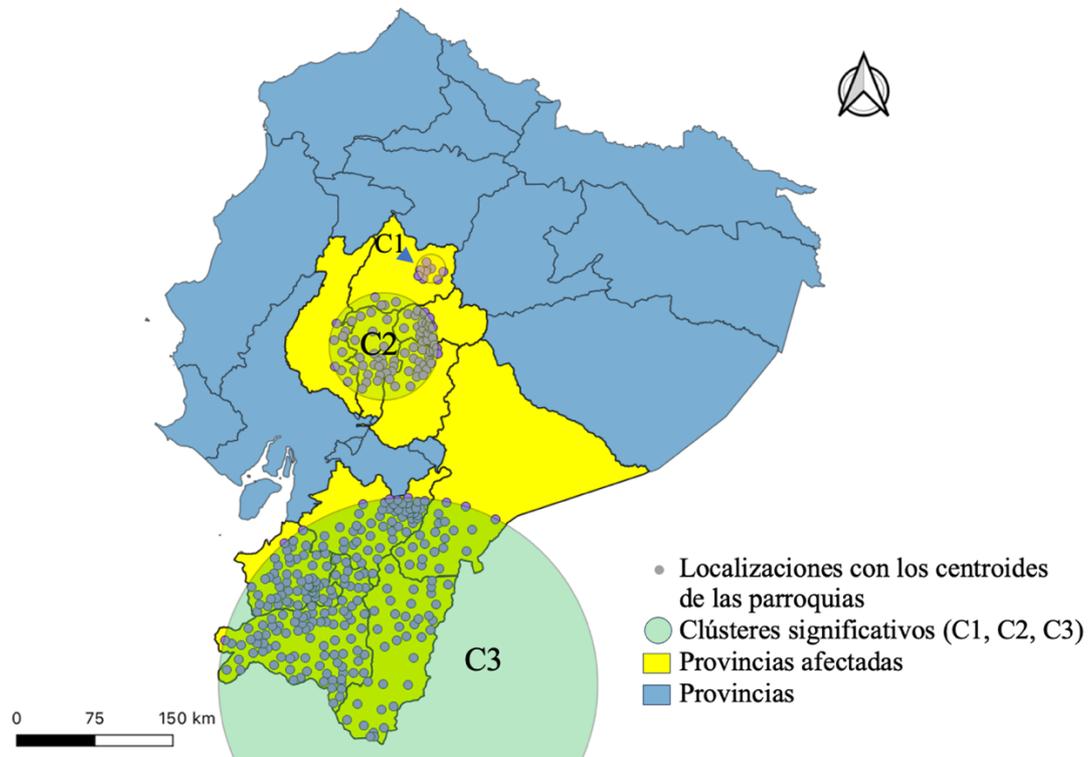
| Detalles              | Clúster 1                  | Clúster 2                  | Clúster 3                  |
|-----------------------|----------------------------|----------------------------|----------------------------|
| Centro de coordenadas | 0.823622 S,<br>78.602054 O | 1.510327 S,<br>79.013624 O | 4.489138 S,<br>78.796251 O |
| Radio                 | 14,04 km                   | 52,52 km                   | 183 km                     |
| Ventana de tiempo     | 01/11/2022 a<br>31/12/2023 | 01/11/2022 a<br>31/12/2023 | 01/11/2022 a<br>31/12/2023 |
| Población             | 9                          | 87                         | 663                        |
| Número de casos       | 10                         | 10                         | 0                          |
| Casos esperados       | 0,13                       | 1,28                       | 9,75                       |
| Riesgo relativo       | 112,89                     | 11,23                      | 0                          |
| P valor               | < 0,001                    | 0,001                      | 0,003                      |

El conglomerado número uno (clúster 1) tuvo un alto número de brotes y se encontró en la zona sierra norte del país, en la provincia de Cotopaxi distribuido en 9 parroquias. Su ventana de tiempo fue de 14 meses, entre el 01 de noviembre del 2022 al 31 de diciembre del 2023. La población avícola identificada en esta provincia fue de 1 842 800 aves, con un total de 45 granjas avícolas, en donde se describieron 0,13 casos esperados, con un valor significativo de  $p < 0,001$  (Figura 2).

El conglomerado número dos (clúster 2) también tuvo un alto número de brotes ubicándose en la zona sierra centro del país y costa centro. Específicamente en las provincias de: Bolívar con 24 parroquias, Chimborazo con 22 parroquias, Tungurahua con 21 parroquias, Los Ríos con 9 parroquias, y Cotopaxi con 4 parroquias. La ventana de tiempo fue de 14 meses, entre el 01 de noviembre del 2022 al 31 de diciembre del 2023. La población total avícola de estas provincia fueron 9 369 296 aves, con un total de 391 granjas avícolas, en donde se describieron 1,28 casos esperados, con un valor significativo de  $p = 0,001$  (Figura 2).

El conglomerado número tres (clúster 3) se identificó como un área baja de brotes, se registró en la zona sur del país en las provincias de: Zamora Chinchipe con 37 parroquias, Loja con 93 parroquias, El Oro con 56 parroquias, Azuay con 52 parroquias, y Morona Santiago con 21 parroquias. La ventana de tiempo fue de 14 meses, entre el 01 de noviembre del 2022 al 31 de diciembre del 2023. La población total avícola de estas provincias fueron 4 944 562 aves, con

un total de 701 granjas avícolas, en donde se describieron 9,75 casos esperados, con un valor significativo de  $p = 0,003$  (Figura 2).



**Figura 2.** Clústeres retrospectivos puramente espaciales (2022-2023) tomando el 50 % de la población en riesgo.

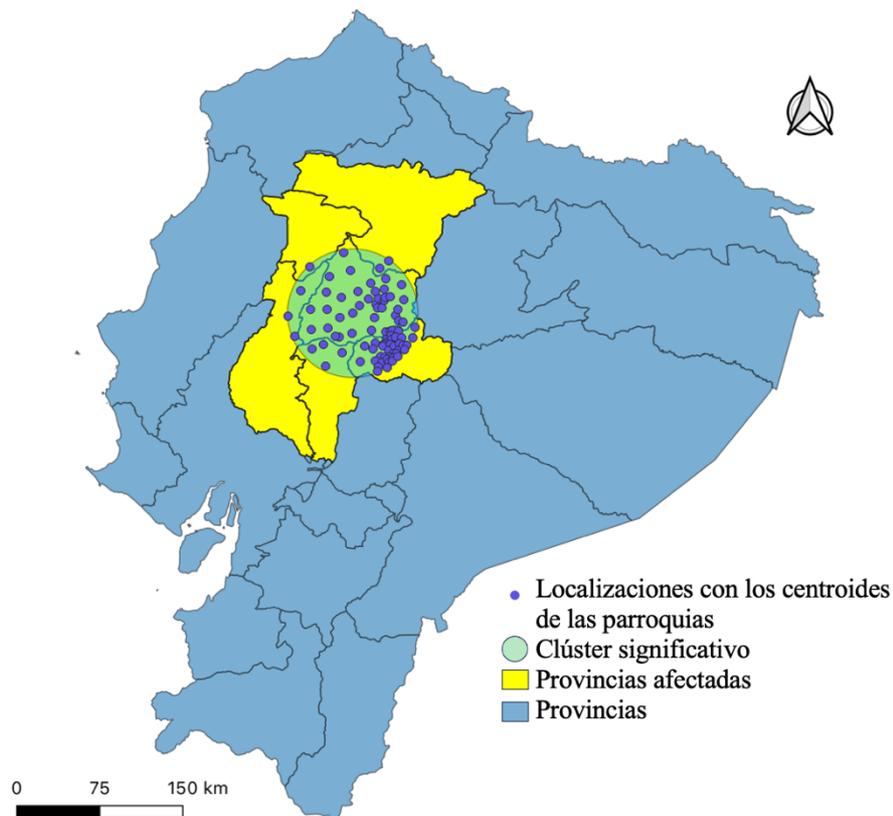
**Análisis retrospectivo espacio-temporal de clústeres con áreas altas o bajas de brotes.**

En este segundo análisis el tiempo de agregación fue en meses, en donde se consideró un 50 % de la población en riesgo dando como resultado dos clústeres (Figura 3) de los cuales uno fue estadísticamente significativo ( $p < 0,05$ ) (Tabla 5).

**Tabla 5.** Datos obtenidos en el análisis espacio temporal retrospectivo con 50 % de la población en riesgo.

| Detalles              | Clúster 1               |
|-----------------------|-------------------------|
| Centro de coordenadas | 0.957206 S, 78.896325 O |
| Radio                 | 57,13 km                |
| Ventana de tiempo     | 01/12/2022 a 28/02/2023 |
| Población             | 171                     |
| Número de casos       | 17                      |
| Casos esperados       | 0,31                    |
| Riesgo relativo       | 125,29                  |
| P valor               | < 0,001                 |

El conglomerado número uno (clúster 1) que fue significativo, tuvo un alto número de brotes, el mismo fue registrado en la zona centro del país englobando a varias provincias: Cotopaxi con 39 parroquias, Tungurahua con 38 parroquias, Bolívar con 4 parroquias, Pichincha con 2 parroquias, Los Ríos con 3 parroquias y Sto. Domingo de los Tsáchilas con 1 parroquia. La ventana de tiempo fue de 3 meses, entre el 01 de diciembre del 2022 al 28 de febrero del 2023. La población total avícola de estas provincias fueron 16 133 828 aves, con un total de 774 granjas avícolas, en donde se describieron 0,31 casos esperados ( $p < 0,001$ ) (Figura 3).



**Figura 3.** Clúster retrospectivo espacio temporal (2022-2023) tomando el 50 % de la población en riesgo.

## 7. Discusión

En los años 2022 y 2023, El Ecuador sufrió un brote de IAAP en donde existieron 139 reportes, de los cuales 107 fueron notificaciones y 32 brotes. El mayor número de brotes se dió en la región sierra con un total de 27, seguido por la región amazónica con 4, y 1 en la región costa. Estos resultados concuerdan con estudios que demuestran la presencia de la IAAP en países de todo el mundo, Korea del Sur (Baek et al., 2021), Egipto (El-Shesheny et al., 2021), Norteamérica (Ramey et al., 2022), China (Cui et al., 2022), Chile (Jimenez et al., 2023), Argentina (Artuso et al., 2024) quienes notificaron brotes de IAAP en aves de corral, aves silvestres o mamíferos, así también está el estudio de Bruno et al. (2023) que reportó IAAP en Ecuador.

El mayor número de brotes fue reportado durante el periodo noviembre 2022 a abril 2023, esto puede deberse a la presencia de aves migratorias, pues, la IAAP es una enfermedad con una amplia gama de huéspedes y una alta propagación a nivel mundial (Mao et al., 2024). Ecuador se encuentra dentro de las rutas migratorias para las aves neotropicales que migran en los meses de septiembre y noviembre, siendo un país que brinda diversidad de ecosistemas y hábitats, presenta un clima favorable para el descanso y alimentación, y existen sitios de invernadas para las aves. El periodo de migración es entre octubre y abril de cada año (Santander et al., 2022); estudios de Dugan et al. (2008), Kim et al. (2021) y Grant et al. (2022) demuestran que aves migratorias presentaron el virus de IA ocasionado por la IAAP.

El número de brotes se redujo a 4 en el último trimestre del año 2023, esto puede deberse a la vacunación que se dió desde marzo del 2023 a nivel nacional. Se aplicó la cepa H5N1 en las zonas próximas a los lugares donde se detectaron los brotes por IAAP (Agrocalidad, 2023), no se evitó el contagio de la enfermedad, pero se disminuyó la mortalidad entre un 40 % y 80 % (MAG, 2023). Estos resultados coinciden con lo reportado por Liu et al. (2020) en donde mencionan que la vacunación trivalente masiva en China contribuyó de manera positiva al control eficaz de los virus de la influenza aviar, o al igual que la European Food Safety Authority [EFSA] en el año 2023 mencionaron que tras la vacunación se reduce la mortalidad, signos clínicos y excreción del virus. En general, se respalda la eficacia y el uso de la vacunación ante la IAAP.

Con respecto a los factores de asociación entre la presencia de Influenza Aviar y las variables informativas se encontró que aves traspatio con una población de hasta 86 aves

tienen mayor riesgo de contagiarse con IAAP (OR= 3,32; p = 0,003) a diferencia de aves de producciones industriales, lo cual es similar a la investigación de Yupiana et al. (2010) realizada en Indonesia, demostrando que la densidad de población de aves en las naves tiene una asociación negativa en cuanto al número de brotes de IAAP. Esto puede ser debido a que los animales traspatio no presentaban medidas de bioseguridad, pudiendo contagiarse a través de agua, superficies o fómites que estén contaminados (Guinat et al., 2022), además en varias granjas traspatio las aves cohabitan con otras especies predisponiendo a un riesgo para el contagio de la IAAP (Wang et al., 2014), a diferencia de las aves de producción industrial que algunas si presentaban medidas de bioseguridad en sus producciones avícolas. Se ha demostrado que las granjas industriales tienen mayor densidad poblacional y por tanto presentan buenas prácticas de manejo y programas de bioseguridad, mientras que en la crianza de aves de traspatio hay falta de bioseguridad y saneamiento.

Bien es conocido que la bioseguridad implementada en las granjas avícolas es fundamental para mitigar brotes de IAAP (WOAH, 2022; EFSA, 2023), aunque en el presente estudio la presencia de bioseguridad no estuvo asociada, existen trabajos que demuestran lo contrario; como Guinat et al. (2020) en Francia demostró que fortalecer ciertas medidas de bioseguridad ayuda a controlar la vulnerabilidad de las granjas ante la influenza aviar, o Islam et al. (2024) midieron las normas de bioseguridad que sirven como estrategias de mitigación. Existe falta de bioseguridad en las granjas avícolas, ya que solo el 22 % de las granjas afectadas presentaba bioseguridad, lo que significa que la bioseguridad no fue homogénea en la muestra.

Otro factor de riesgo que fue estadísticamente significativo es el síndrome presuntivo respiratorio (OR = 3,24), estos resultados coinciden con investigaciones que describen a los signos respiratorios como una de las manifestaciones clínicas en el caso de la IAAP (Moratorio et al., 2024; WOAH, 2021). También Ross & Herzberg (2016) mencionan que el virus de la IA ataca inicialmente a la mucosa respiratoria, en donde el sistema inmune responde como primera línea de defensa contra la infección y trata de evitar el ingreso del virus. Por tanto, cuando el síndrome presuntivo es respiratorio se tiene un alto riesgo de que sea debido a la IAAP.

La pronta notificación del evento sanitario también estuvo relacionada con la presencia de la enfermedad, esta variable fue un factor de protección (OR = 0,33) cuando el

notificador fue Agrocalidad, por lo que una notificación oficial puede influir en la reducción del impacto de la enfermedad. Es importante mencionar que la rápida notificación y respuesta por parte del sistema de vigilancia, y la detección temprana son primordiales para aminorar los brotes de IAAP (Liu et al., 2020) así como programas de vigilancia activa para monitorizar la aparición de nuevos virus y controlar su propagación en las primeras etapas (Sagong et al., 2023).

En cuanto al análisis espacial se obtuvo un clúster de valores altos en el centro del país en las provincias de Cotopaxi, Tungurahua, Bolívar, Pichincha, Los Ríos y Sto. Domingo de los Tsáchilas, mientras que el clúster de valores bajos en la parte sur en las provincias de Zamora Chinchipe, Loja, El Oro, Azuay y Morona Santiago. La World Organisation for Animal Health [WOAH] (2022), demostró que mientras las granjas estén más próximas entre sí, existe un mayor riesgo de contagio, ya que pueden transmitirse mediante partículas en el aire o fómites. Ecuador presenta una gran concentración de granjas avícolas en el centro del país, por lo que el alto número de granjas avícolas de la zona (Sánchez et al., 2020) predispone a un mayor número de brotes. Es importante considerar que la vigilancia epidemiológica para eventos posteriores se debe concentrar con mayor atención en estas áreas identificadas en el análisis, para monitorear posibles mutaciones o nuevas cepas de virus que son un riesgo para la sanidad animal y salud pública (Liu et al., 2013).

## **8. Conclusiones**

Los hallazgos de la investigación demuestran que los patrones espaciales de la IAAP en los años 2022 y 2023 se agruparon en el centro y en la parte sur del país, siendo la mayor concentración de brotes en el periodo noviembre 2022 a abril 2023 y en las provincias de Cotopaxi y Tungurahua debido a que en estas provincias se concentra la mayor cantidad de granjas.

Dentro de factores de riesgo asociados a la IAAP, el tipo de granja, el síndrome presuntivo y el notificador presentaron asociación, así las aves traspatio y con síndrome respiratorio tienen mayor riesgo de contagiarse, mientras que la notificación por parte de Agrocalidad es un factor de protección.

Este estudio realizado mediante el análisis espacio-temporal, en conjunto con el análisis descriptivo, demuestra que existen patrones de agrupación de los datos en el espacio y el tiempo así como factores de riesgo. Los hallazgos pueden propiciar información útil para futuras investigaciones y constituir una referencia fundamental en la vigilancia y control de la IAAP

## **9. Recomendaciones**

La influenza aviar es una enfermedad que afecta a toda la población de la granja e incluso a granjas circundantes, ocasionando grandes pérdidas para los productores; por lo que se recomienda desarrollar mejores estrategias de control y reforzar medidas zoonosanitarias en las granjas con el objetivo de mitigar el impacto que ocasiona la IAAP.

Implementar medidas de bioseguridad para disminuir el riesgo de exposición en las diferentes enfermedades, esto se puede lograr a través de la capacitación de los productores por parte de profesionales encargados de la sanidad animal.

Es recomendable notificar de manera inmediata los signos de enfermedades en la población avícola ya que es clave para que las autoridades sanitarias puedan actuar, dar contingencia al lugar afectado y minimizar los daños así como las pérdidas que ocasiona la IAAP en la industria avícola.

## 10. Bibliografía

- Abdelwhab, E.S. M., Veits, J., & Mettenleiter, T. C. (2013). Genetic changes that accompanied shifts of low pathogenic avian influenza viruses toward higher pathogenicity in poultry. *Virulence*, 4(6), 441–452. <https://doi.org/10.4161/viru.25710>
- Agencia de Regulación y Control Fito y Zoosanitario - Agrocalidad. (2023). Agrocalidad trabaja para contener la influenza aviar en el Ecuador. <https://influenzaviar.agrocalidad.gob.ec/#:~:text=¿QUÉ%20ES%20LA%20INFLUENZA%20AVIAR,de%20compañía%20y%20aves%20silvestres>
- Agencia de Regulación y Control Fito y Zoosanitario - Agrocalidad. (2022). 250 nuevas muestras tomarán técnicos en zona donde se detectó la influenza aviar. <https://www.agrocalidad.gob.ec/250-nuevas-muestras-tomaran-tecnicos-en-zona-donde-se-detecto-la-influenza-aviar/>
- Agencia de Regulación y Control Fito y Zoosanitario - Agrocalidad. (2023). *Resolución 0011 - Autorización de uso de vacuna contra la influenza aviar*. <https://www.agrocalidad.gob.ec/wp-content/uploads/2023/03/Resolución-0011-Autorización-Uso-de-vacuna-contra-IA.pdf>
- Ahmed, S.S., Ersbøll, A. K., Biswas, PK., Christensen, J.P. (2010). The space-time clustering of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1 outbreaks in Bangladesh. *Epidemiology and infection*, 138(6), 843-852. <https://doi.org/10.1017/S0950268810000178>
- Ale, Juan Maria & Navas, Maria Daniela. (2004). Un modelo de clustering temporal. [X Congreso Argentino de ciencias de la computación]. Red de Universidades con Carreras en Informática (RedUNCI). <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/22324>
- Artuso, M. C., Marchione, V. D., Benedetti, E., Bonastre, P., Alvarez, A. M., Piccini, L., Ponde, A., Barrios Benito, E., Fabeiro, M., Waisman, K., Coppola, L., Poklepovich, T., Chamorro, A., Avaro, M., Riva, D. A., Pontoriero, A., Ferrer, M. E., Marcos, A., Dassa, L., Caria, D., ... Nicola, A. M. (2024). Detection and characterization of highly pathogenic avian influenza A (H5N1) clade 2.3.4.4b virus circulating in Argentina in 2023. *Revista Argentina de microbiología*, S0325-7541(24)00115-9. Advance online publication. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2024.08.002>

- Babatunde Akanbi, O., Olusegun Taiwo, V., Tumininu Obishakin, E., Stephen Ekong, P., Joshua Barde, I., & Adebajo Meseko, C. (2020). Features of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1 in Domestic Poultry. *IntechOpen*. doi: 10.5772/intechopen.86098
- Baek, Y. G., Lee, Y. N., Lee, D. H., Shin, J. I., Lee, J. H., Chung, D. H., Lee, E. K., Heo, G. B., Sagong, M., Kye, S. J., Lee, K. N., Lee, M. H., & Lee, Y. J. (2021). Multiple Reassortants of H5N8 Clade 2.3.4.4b Highly Pathogenic Avian Influenza Viruses Detected in South Korea during the Winter of 2020-2021. *Viruses*, 13(3), 490. <https://doi.org/10.3390/v13030490>
- Banerjee S. (2016). Spatial Data Analysis. *Annual review of public health*, 37, 47–60. <https://doi.org/10.1146/annurev-publhealth-032315-021711>
- Banks, J., Speidel, E. S., Moore, E., Plowright, L., Piccirillo, A., Capua, I., Cordioli, P., Fioretti, A., & Alexander, D. J. (2001). Changes in the haemagglutinin and the neuraminidase genes prior to the emergence of highly pathogenic H7N1 avian influenza viruses in Italy. *Archives of virology*, 146(5), 963–973. <https://doi.org/10.1007/s007050170128>
- Barajas, Alexander. (2023). Producción avícola, aún lejos de pre pandemia en Ecuador. Cátedra avícola LATAM. <https://catedralatam.com/produccion-avicola-aun-lejos-de-prepandemia-en-ecuador/#:~:text=Ecuador%20es%20considerado%20un%20país,y%203.812%20millones%20de%20huevos.>
- Blaurock, C., Scheibner, D., Landmann, M., Vallbracht, M., Ulrich, R., Böttcher-Friebertshäuser, E., Mettenleiter, T. C., & Abdelwhab, E. M. (2020). Non-basic amino acids in the hemagglutinin proteolytic cleavage site of a European H9N2 avian influenza virus modulate virulence in turkeys. *Scientific reports*, 10(1), 21226. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-78210-8>
- Bonnet Emmanuel, Ouédraogo Samiratou & Saré Diane (2020). Análisis espacial. Un caso de intervención comunitaria para controlar el mosquito *Aedes aegypti* en Burkina Faso. *Evaluación de las intervenciones sanitarias en salud global. Métodos avanzados*. Bajo la dirección de Valéry Ridde y Christian Dagenais, (pp. 347-364). Québec: Éditions science et bien commun y Marseille: IRD Éditions

- Branda, F., Ciccozzi, A., Romano, C., Casu, M., Sanna, D., Ceccarelli, G.,... Scarpa, F. (2024). Información sobre los eventos de influenza aviar A (H5N1): patrones epidemiológicos y análisis genético. *Enfermedades infecciosas*, 56 (8), 678–681. <https://doi.org/10.1080/23744235.2024.2369152>
- Bravo-Vasquez, N., Baumberger, C., Jimenez-Bluhm, P., Di Pillo, F., Lazo, A., Sanhueza, J., Schultz-Cherry, S., & Hamilton-West, C. (2020). Risk factors and spatial relative risk assessment for influenza A virus in poultry and swine in backyard production systems of central Chile. *Veterinary medicine and science*, 6(3), 518–526. <https://doi.org/10.1002/vms3.254>
- Brown, J. D., & Stallknecht, D. E. (2008). Wild bird surveillance for the avian influenza virus. *Methods in molecular biology (Clifton, N.J.)*, 436, 85–97. [https://doi.org/10.1007/978-1-59745-279-3\\_11](https://doi.org/10.1007/978-1-59745-279-3_11)
- Bruno, A., Alfaro-Núñez, A., de Mora, D., Armas, R., Olmedo, M., Garcés, J., Vaca, M. S., De la Torre, E., Jarrin, D., Burbano, L., Salas, J., Imbacuan, C., Chanatasig, J., Barrionuevo, M., Galante, M. C., Salas, V., Goñi, N., Cristina, J., Domingues, C. S., Oliveira Montesino, L., ... Garcia-Bereguain, M. A. (2023). Phylogenetic analysis reveals that the H5N1 avian influenza A outbreak in poultry in Ecuador in November 2022 is associated with the highly pathogenic clade 2.3.4.4b. *International journal of infectious diseases: IJID: official publication of the International Society for Infectious Diseases*, 133, 27–30. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2023.04.403>
- Busani, L., Dalla Pozza, M., Bonfanti, L., Toson, M., Ferrè, N., & Marangon, S. (2007). Intervention strategies for low-pathogenic avian influenza control in Italy. *Avian diseases*, 51(1 Suppl), 470–473. <https://doi.org/10.1637/7553-033106R.1>
- Cancillería del Ecuador. (2021). Ecuador. <https://www.cancilleria.gob.ec/bolivia/wp-content/uploads/sites/22/2021/07/ECUADOR.pdf>
- Capua, I. & Dennis J. A. (2004). Avian influenza: recent developments, *Avian Pathology*, 33(4), 393-404. <https://doi.org/10.1080/03079450410001724085>
- Cayuela, Luis. (2010). Modelos lineales generalizados (GLM). Universidad de Granada. [https://www.academia.edu/6847226/Modelos\\_lineales\\_generalizados\\_GLM](https://www.academia.edu/6847226/Modelos_lineales_generalizados_GLM)
- Celentano, David, Szsklo, Moyses. (2020). Capítulo 7: Estudios Observacionales. (6.<sup>a</sup> edición., p, 359-386) Gordis Epidemiología. Universidad de Granada. [https://www.academia.edu/6847226/Modelos\\_lineales\\_generalizados\\_GLM](https://www.academia.edu/6847226/Modelos_lineales_generalizados_GLM)

[http://students.aiu.edu/submissions/profiles/resources/onlineBook/u7C6e8\\_Epidemiolog%C3%ADa\\_2019.pdf](http://students.aiu.edu/submissions/profiles/resources/onlineBook/u7C6e8_Epidemiolog%C3%ADa_2019.pdf)

Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador (CONAVE). (2022). El sector avicultor y su aporte en la generación de fuentes de empleo en el Ecuador. <https://conave.org/el-sector-avicultor-y-su-aporte-en-la-generacion-de-fuentes-de-empleo-en-el-ecuador/>

Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador (CONAVE). (2023). Información del sector avícola público. <https://conave.org/informacion-sector-avicola-publico/>

Comisión de las comunidades Europeas (COTEC). (2006) Diagnostic manual for avian influenza as provided for in council directive 2005/94/EC. *Official Journal of the European Union*. <https://eur-lex.europa.eu/legal-content/EN/TXT/?uri=celex%3A32006D0437>

Cui, P., Shi, J., Wang, C., Zhang, Y., Xing, X., Kong, H., Yan, C., Zeng, X., Liu, L., Tian, G., Li, C., Deng, G., & Chen, H. (2022). Global dissemination of H5N1 influenza viruses bearing the clade 2.3.4.4b HA gene and biologic analysis of the ones detected in China. *Emerging microbes & infections*, 11(1), 1693–1704. <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2088407>

de las Nieves Montano, Damarys, Irian Percedo, María, Vioel Rodríguez, Silvio, Fonseca, Osvaldo, Centelles, Yosdany, Ley, Oshin, Abreu, Yandy, Delgado, Beatriz, Capdevila, Yolanda, Regis Santoro, Kleber, Quesada, Teresita, Peláez, Manuel, & Alfonso, Pastor. (2020). Influenza aviar. Oportunidades de mejora del sistema de vigilancia activa basado en riesgo en Cuba. *Revista de Salud Animal*, 42(3), . Epub 01 de diciembre de 2020. Recuperado en 27 de marzo de 2025, de [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0253-570X2020000300003&lng=es&tlng=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-570X2020000300003&lng=es&tlng=es).

Dobson, A.J., & Barnett, A.G. (2018). *An Introduction to Generalized Linear Models* (4th ed.). Chapman and Hall/CRC. <https://doi.org/10.1201/9781315182780>

Dugan, V. G., Chen, R., Spiro, D. J., Sengamalay, N., Zaborsky, J., Ghedin, E., Nolting, J., Swayne, D. E., Runstadler, J. A., Happ, G. M., Senne, D. A., Wang, R., Slemmons, R. D., Holmes, E. C., & Taubenberger, J. K. (2008). The evolutionary genetics and emergence of avian influenza viruses in wild birds. *PLoS pathogens*, 4(5), e1000076. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1000076>.

- El-Shesheny, R., Kandeil, A., Mostafa, A., Ali, M. A., & Webby, R. J. (2021). H5 Influenza Viruses in Egypt. *Cold Spring Harbor perspectives in medicine*, 11(6), a038745. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038745>
- EOS Data Analytics. (2022). Mapa SIG: Tipos de mapas interactivos y aplicaciones. <https://eos.com/es/blog/mapa-sig/>
- European Food Safety Authority (EFSA). (2023). *Scientific opinion on vaccination strategies for controlling avian influenza outbreaks in poultry*. *EFSA Journal*, 21(4), e8271. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2023.8271>
- European Union Scientific Committee on Animal Health and Animal Welfare (EU SCAHAW). (2000). The definition of avian influenza. The use of vaccination against avian influenza. Report 17 of the European Union Scientific Committee on Animal Health and Animal Welfare, adopted 27 June 2000, Sanco/B3/AH/R17/2000n [https://food.ec.europa.eu/system/files/2020-12/sci-com\\_scah\\_out45-final\\_en.pdf](https://food.ec.europa.eu/system/files/2020-12/sci-com_scah_out45-final_en.pdf)
- Fu, X., Wang, Q., Ma, B., Zhang, B., Sun, K., Yu, X., Ye, Z., & Zhang, M. (2023). Advances in Detection Techniques for the H5N1 Avian Influenza Virus. *International journal of molecular sciences*, 24(24), 17157. <https://doi.org/10.3390/ijms242417157>
- Globig, A., Staubach, C., Sauter-Louis, C., Dietze, K., Homeier-Bachmann, T., Probst, C., Gethmann, J., Depner, K. R., Grund, C., Harder, T. C., Starick, E., Pohlmann, A., Höper, D., Beer, M., Mettenleiter, T. C., & Conraths, F. J. (2018). Highly Pathogenic Avian Influenza H5N8 Clade 2.3.4.4b in Germany in 2016/2017. *Frontiers in veterinary science*, 4, 240. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00240>
- Grant, M., Bröjer, C., Zohari, S., Nöremark, M., Uhlhorn, H., & Jansson, D. S. (2022). Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI H5Nx, Clade 2.3.4.4.b) in Poultry and Wild Birds in Sweden: Synopsis of the 2020-2021 Season. *Veterinary sciences*, 9(7), 344. <https://doi.org/10.3390/vetsci9070344>
- Guan, Y., Peiris, J. S., Lipatov, A. S., Ellis, T. M., Dyrting, K. C., Krauss, S., Zhang, L. J., Webster, R. G., & Shortridge, K. F. (2002). Emergence of multiple genotypes of H5N1 avian influenza viruses in Hong Kong SAR. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 99(13), 8950–8955. <https://doi.org/10.1073/pnas.132268999>
- Guinat, C., Comin, A., Kratzer, G., Durand, B., Delesalle, L., Delpont, M., Guérin, J. L., & Paul, M. C. (2020). Biosecurity risk factors for highly pathogenic avian influenza

- (H5N8) virus infection in duck farms, France. *Transboundary and emerging diseases*, 67(6), 2961–2970. <https://doi.org/10.1111/tbed.13672>
- Guinat, C., Valenzuela Agüí, C., Vaughan, T. G., Scire, J., Pohlmann, A., Staubach, C., King, J., Świętoń, E., Dán, Á., Černíková, L., Ducatez, M. F., & Stadler, T. (2022). Disentangling the role of poultry farms and wild birds in the spread of highly pathogenic avian influenza virus in Europe. *Virus evolution*, 8(2), veac073. <https://doi.org/10.1093/ve/veac073>
- Hassan, M. M., El Zowalaty, M. E., Islam, A., Khan, S. A., Rahman, M. K., Järhult, J. D., y Hoque, M. A. (2020). Prevalence and Diversity of Avian Influenza Virus Hemagglutinin Sero-Subtypes in Poultry and Wild Birds in Bangladesh. *Veterinary sciences*, 7(2), 73. <https://doi.org/10.3390/vetsci7020073>
- Herrero-Uribe, Libia. (2008). El virus influenza y la gripe aviar. *Acta Médica Costarricense. Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales (CIET), Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica.* 50. 13-19. <https://doi.org/10.51481/amc.v50i1.346>
- Hotúa-López, L. C., Cerón-Muñoz, M. F., Zaragoza-Martínez, M. de L., & Angulo-Arizala, J. (2021). Backyard poultry: contributions and opportunities for the peasant family. *Agronomía Mesoamericana*, 32(3), 1019–1033. <https://doi.org/10.15517/am.v32i3.42903>
- Instituto Nacional de Estadística y Censos - INEC. (2022). Ecuador en cifras. <https://www.ecuadorencifras.gob.ec/estadisticas/>
- Instituto Nacional de Estadística y Censos - INEC. (2023). Ecuador creció en 2.5 millones de personas entre 2010 y 2022. [https://www.ecuadorencifras.gob.ec/institucional/ecuador-crecio-en-2-5-millones-de-personas-entre-2010-y-2022/#:~:text=Quito%2C%20Ecuador%20\(13%20de%20septiembre,16%2C938%2C986%20de%20personas%20en%20Ecuador.](https://www.ecuadorencifras.gob.ec/institucional/ecuador-crecio-en-2-5-millones-de-personas-entre-2010-y-2022/#:~:text=Quito%2C%20Ecuador%20(13%20de%20septiembre,16%2C938%2C986%20de%20personas%20en%20Ecuador.)
- Instituto Latinoamericano del Pollo (ILP). (2023). Informe carne de pollo 2024. Datos 2023 América Latina y Caribe. <https://ilp-ala.org/wp-content/uploads/2024/05/VF-Relatorio-ILPALA-2023-1-Desktop.pdf>
- Instituto Oceanográfico y Antártico de la Armada del Ecuador (INOCAR). (2012). Información General de la República del Ecuador. Capítulo 1.

- [https://www.guayaquil.gob.ec/wp-content/uploads/Documentos/Dragado/9\)%20DERROTERO%20INOCAR%202011/derrotero\\_cap\\_I.pdf](https://www.guayaquil.gob.ec/wp-content/uploads/Documentos/Dragado/9)%20DERROTERO%20INOCAR%202011/derrotero_cap_I.pdf)
- International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). (2024). <https://ictv.global/taxonomy>.
- Islam, A., Rahman, M. Z., Hassan, M. M., Epstein, J. H., & Klaassen, M. (2024). Farm biosecurity practices affecting avian influenza virus circulation in commercial chicken farms in Bangladesh. *One health (Amsterdam, Netherlands)*, *18*, 100681. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2024.100681>
- Jacquez, G. M., y Goovaerts, P. (2010). El papel emergente y los beneficios del análisis de límites en la epidemiología espacio-temporal y la salud pública. *Epidemiología espacial y espacio-temporal*, *1*(4), 197–200. <https://doi.org/10.1016/j.sste.2010.09.001>
- Jaramillo Arango, C & Martínez Maya, J (2011). Asociación causal (pp. 60-62). *Epidemiología Veterinaria*. Cuauhtémoc, México: Editorial El Manual Moderno. [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/826121/8548\\_Epidemiologia\\_Veterinaria\\_-\\_Jaramillo\\_Aragon.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/826121/8548_Epidemiologia_Veterinaria_-_Jaramillo_Aragon.pdf)
- Jaramillo Arango, C & Martínez Maya, J (2011). Investigación epidemiológica (pp. 94-95). *Epidemiología Veterinaria*. Cuauhtémoc, México: Editorial El Manual Moderno. [https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/826121/8548\\_Epidemiologia\\_Veterinaria\\_-\\_Jaramillo\\_Aragon.pdf](https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/826121/8548_Epidemiologia_Veterinaria_-_Jaramillo_Aragon.pdf)
- Jimenez-Bluhm, P., Siegers, J. Y., Tan, S., Sharp, B., Freiden, P., Johow, M., ... Schultz-Cherry, S. (2023). Detection and phylogenetic analysis of highly pathogenic A/H5N1 avian influenza clade 2.3.4.4b virus in Chile, 2022. *Emerging Microbes & Infections*, *12*(2). <https://doi.org/10.1080/22221751.2023.2220569>
- Kim, E. H., Kim, Y. L., Kim, S. M., Yu, K. M., Casel, M. A. B., Jang, S. G., Pascua, P. N. Q., Webby, R. J., & Choi, Y. K. (2021). Pathogenic assessment of avian influenza viruses in migratory birds. *Emerging microbes & infections*, *10*(1), 565–577. <https://doi.org/10.1080/22221751.2021.1899769>
- Kulldorff, M., Heffernan, R., Hartman, J., Assunção, R., & Mostashari, F. (2005). A space-time permutation scan statistic for disease outbreak detection. *PLoS medicine*, *2*(3), e59. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.0020059>

- La Sala, L. F., Burgos, J. M., Blanco, D. E., Stevens, K. B., Fernández, A. R., Capobianco, G., Tohmé, F., & Pérez, A. M. (2019). Spatial modelling for low pathogenicity avian influenza virus at the interface of wild birds and backyard poultry. *Transboundary and emerging diseases*, 66(4), 1493–1505. <https://doi.org/10.1111/tbed.13136>
- Lefkowitz, E. J., Dempsey, D. M., Hendrickson, R. C., Orton, R. J., Siddell, S. G., & Smith, D. B. (2018). Virus taxonomy: the database of the International Committee on Taxonomy of Viruses (ICTV). *Nucleic acids research*, 46(D1), D708–D717. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx932>
- León Velasco Juan B. (2015). Capítulo 2. Ecuador en el planeta tierra (pp. 20-35). Geografía del Ecuador: medio natural, población y organización del espacio. Corporación Editorial Nacional Quito.
- Liu, W., Yang, K., Qi, X., Xu, K., Ji, H., Ai, J., Ge, A., Wu, Y., Li, Y., Dai, Q., Liang, Q., Bao, C., Bergquist, R., Tang, F., & Zhu, Y. (2013). Spatial and temporal analysis of human infection with avian influenza A(H7N9) virus in China, 2013. *Euro surveillance: bulletin Europeen sur les maladies transmissibles = European communicable disease bulletin*, 18(47), 20640. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.es2013.18.47.20640>
- Liu, S., Zhuang, Q., Wang, S., Jiang, W., Jin, J., Peng, C., Hou, G., Li, J., Yu, J., Yu, X., Liu, H., Sun, S., Yuan, L., & Chen, J. (2020). Control of avian influenza in China: Strategies and lessons. *Transboundary and emerging diseases*, 67(4), 1463–1471. <https://doi.org/10.1111/tbed.13515>
- Lo, F. T., Zecchin, B., Diallo, A. A., Racky, O., Tassoni, L., Diop, A., Diouf, M., Diouf, M., Samb, Y. N., Pastori, A., Gobbo, F., Ellero, F., Diop, M., Lo, M. M., Diouf, M. N., Fall, M., Ndiaye, A. A., Gaye, A. M., Badiane, M., Lo, M., ... Monne, I. (2022). Intercontinental Spread of Eurasian Highly Pathogenic Avian Influenza A(H5N1) to Senegal. *Emerging infectious diseases*, 28(1), 234–237. <https://doi.org/10.3201/eid2801.211401>
- López-González, E., & Ruiz-Soler, M. (2011). Análisis de datos desde el Modelo Lineal Generalizado. Una aplicación con R. *Revista Española de Pedagogía*, 69(248). <https://www.revistadepedagogia.org/rep/vol69/iss248/5>
- Manual of Diagnostic Test and Vaccines for Terrestrial Animals. (2008).Part 2. Section 2.1. Chapter 2.3.4. Avian Influenza.; 465-481.

- [https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Animal\\_Health\\_in\\_the\\_World/docs/pdf/2.03.04\\_AI.pdf](https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/2.03.04_AI.pdf)
- Mao, Q., Li, Z., Li, Y., Zhang, Y., Liu, S., Yin, X., Peng, C., Ma, R., Li, J., Hou, G., Jiang, W., & Liu, H. (2024). H5N1 high pathogenicity avian influenza virus in migratory birds exhibiting low pathogenicity in mallards increases its risk of transmission and spread in poultry. *Veterinary microbiology*, 292, 110038. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2024.110038>
- Ministerio de Agricultura y Ganadería – MAG. (2019). Ecuador celebra a la carne de pollo. Gobierno de Ecuador. <https://www.agricultura.gob.ec/ecuador-celebra-a-la-carne-de-pollo/>
- Ministerio de Agricultura y Ganadería – MAG. (2021). MAG impulsa el consumo de carne de pollo. Gobierno de Ecuador. <https://www.agricultura.gob.ec/mag-impulsa-el-consumo-de-carne-de-pollo/#:~:text=Actualmente%2C%20la%20avicultura%20aporta%20el,PIB%20Agricopecuario%20es%20del%2023%25.>
- Ministerio de Agricultura y Ganadería - MAG. (2023). *Con 4 millones de dosis inicia vacunación contra influenza aviar.* Gobierno de Ecuador. <https://www.agricultura.gob.ec/con-4-millones-de-dosis-inicia-vacunacion-contra-influenza-aviar/>
- Microsoft Corporation. (2018). *Microsoft Excel*. Retrieved from <https://office.microsoft.com/excel>
- Moratorio, G., Kesavardhana, S., Lakdawala, S. S., Poon, L., Worobey, M., Nuzzo, J., & Su, S. (2024). H5N1 influenza: Urgent questions and directions. *Cell*, 187(17), 4546–4548. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2024.07.024>
- More, S., Bicout, D., Bøtner, A., Butterworth, A., Calistri, P., Depner, K., Edwards, S., Garin-Bastuji, B., Good, M., Schmidt, C. G., Michel, V., Miranda, M. A., Nielsen, S. S., Raj, M., Sihvonen, L., Spooler, H., Thulke, H., Velarde, A., Willeberg, P., . . . Stegeman, J. A. (2017). Avian influenza. *EFSA Journal*, 15(10). <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2017.4991>
- Muñoz, G., Ulloa, M., Alegría, R., Quezada, B., Bennett, B., Enciso, N., Atavales, J., Johow, M., Aguayo, C., Araya, H., & Neira, V. (2024). Stranding and mass mortality in

- humboldt penguins (*Spheniscus humboldti*), associated to HPAIV H5N1 outbreak in Chile. *Preventive veterinary medicine*, 227, 106206. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2024.106206>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO). (2019). División de estadística. <https://www.fao.org/faostat/es/#home>
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO). (2022). Statistical Yearbook 2022. <https://doi.org/10.4060/cc2211en>
- Organización Mundial de Sanidad Animal - OMSA. (2024). Influenza aviar. [https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/highly\\_pathogenic\\_avian\\_influenza.pdf](https://www.cfsph.iastate.edu/Factsheets/pdfs/highly_pathogenic_avian_influenza.pdf)
- Organización Panamericana de la Salud - OPS. (2017). Módulos de principios de epidemiología para el control de enfermedades (MOPECE). Tercera edición. Serie PALTEX para Técnicos Medios y Auxiliares No 26. Washington, D.C.
- Perera, Carmen Laura., Díaz de Arce, Heidy., & Pérez, L.J. (2011). Actualización y perspectivas en el diagnóstico del virus de la influenza aviar. *Revista de Salud Animal*, 33(1), 01-07. [http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0253-570X2011000100001&lng=es&tlng=es](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0253-570X2011000100001&lng=es&tlng=es).
- R Core Team (2024). *\_R: A Language and Environment for Statistical Computing\_*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.
- Ramey, A. M., N. J. Hill, T. J. DeLiberto, S. E. J. Gibbs, M. Camille Hopkins, A. S. Lang, R. L. Poulson, D. J. Prosser, J. M. Sleeman, D. E. Stallknecht, and X.-F. Wan. (2022). Highly pathogenic avian influenza is an emerging disease threat to wild birds in North America. *Journal of Wildlife Management* 86:e22171. <https://doi.org/10.1002/jwmg.22171>
- Rehman, S., Effendi, M. H., Witaningruma, A. M., Nnabuikeb, U. E., Bilal, M., Abbas, A., Abbas, R. Z., & Hussain, K. (2022). Avian influenza (H5N1) virus, epidemiology and its effects on backyard poultry in Indonesia: a review. *F1000Research*, 11, 1321. <https://doi.org/10.12688/f1000research.125878.2>
- Ross, K. F., & Herzberg, M. C. (2016). Autonomous immunity in mucosal epithelial cells: fortifying the barrier against infection. *Microbes and infection*, 18(6), 387–398. <https://doi.org/10.1016/j.micinf.2016.03.008>

- Sagong, M., Lee, K. N., Lee, E. K., Kang, H., Choi, Y. K., & Lee, Y. J. (2023). Current situation and control strategies of H9N2 avian influenza in South Korea. *Journal of veterinary science*, 24(1), e5. <https://doi.org/10.4142/jvs.22216>
- Sánchez, Ana María., Vayas, Tatiana., Mayorga, Fernando & Freire, Carolina., (2020). Sector avícola Ecuador. Universidad técnica de Ambato. <https://obest.uta.edu.ec/wp-content/uploads/2020/09/Sector-avicola-Ecuador.pdf>
- Santander T., E. Obando y L. Calapi. (2022). Protocolo participativo para el registro de Aves Migratorias. Conservación de las aves en el Chocó de Ecuador. Aves y Conservación/BirdLife en Ecuador. Quito, Ecuador.
- Seiler, P., Kercher, L., Feeroz, M. M., Shanmuganatham, K., Jones-Engel, L., Turner, J., Walker, D., Alam, S. M. R., Hasan, M. K., Akhtar, S., McKenzie, P., Franks, J., Krauss, S., Webby, R. J., & Webster, R. G. (2018). H9N2 influenza viruses from Bangladesh: Transmission in chicken and New World quail. *Influenza and other respiratory viruses*, 12(6), 814–817. <https://doi.org/10.1111/irv.12589>
- Shaheen M. N. F. (2022). The concept of one health applied to the problem of zoonotic diseases. *Reviews in medical virology*, 32(4), e2326. <https://doi.org/10.1002/rmv.2326>
- Shi, J., Zeng, X., Cui, P., Yan, C., & Chen, H. (2022). Alarming situation of emerging H5 and H7 avian influenza and effective control strategies. *Emerging Microbes & Infections*, 12(1). <https://doi.org/10.1080/22221751.2022.2155072>
- Simancas-Racines, A., Cadena-Ullauri, S., Guevara-Ramírez, P., Zambrano, A. K., & Simancas-Racines, D. (2023). Avian Influenza: Strategies to Manage an Outbreak. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 12(4), 610. <https://doi.org/10.3390/pathogens12040610>
- Spackman, E., Senne, D. A., Myers, T. J., Bulaga, L. L., Garber, L. P., Perdue, M. L., Lohman, K., Daum, L. T., & Suarez, D. L. (2002). Development of a real-time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes. *Journal of clinical microbiology*, 40(9), 3256–3260. <https://doi.org/10.1128/JCM.40.9.3256-3260.2002>
- Starick, E., Werner, O., Schirrmeier, H., Köllner, B., Riebe, R., & Mundt, E. (2006). Establishment of A Competitive ELISA (cELISA) System for the Detection of Influenza A Virus Nucleoprotein Antibodies and its Application to Field Sera from

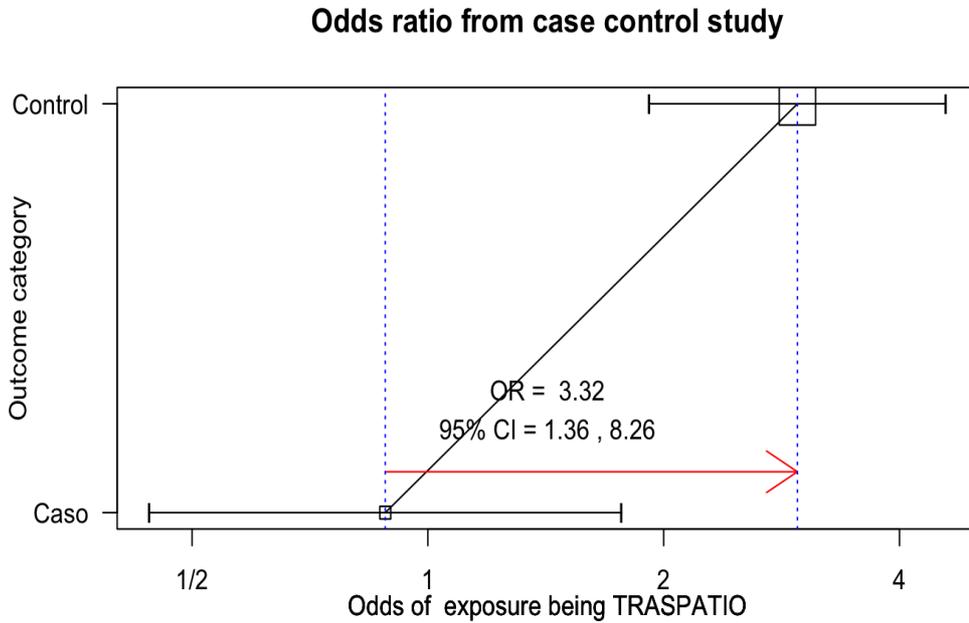
- Different Species. *Journal Of Veterinary Medicine Series B*, 53(8), 370-375.  
<https://doi.org/10.1111/j.1439-0450.2006.01007.x>
- Thrusfield Michael., & Christley Robert. (2007). Chapter 8. Patterns of disease. *Veterinary epidemiology* (3rd ed. p. 148-149). Wiley-Blackwell.  
<http://librodigital.sangregorio.edu.ec/librosusgp/28347.pdf>
- Thrusfield, Michael., & Christley Robert (2007). Chapter 1. The scope of epidemiology. *Veterinary Epidemiology* (3.<sup>a</sup> ed., p. 25). Wiley- Blackwell Science Ltd.  
<http://librodigital.sangregorio.edu.ec/librosusgp/28347.pdf>
- Thrusfield, Michael., & Christley Robert (2018). *Veterinary Epidemiology* (4.<sup>a</sup> ed.). Wiley-Blackwell Science Ltd.
- Valbuena, A. M., & Rodriguez, L. A.. (2018). Análisis espacial en epidemiología: revisión de métodos. <https://www.redalyc.org/journal/3438/343860383009/html/>
- Waller LA, Gotway CA. (2004). Applied spatial statistics for public health data. 1 st ed. New York. Wiley-Interscience. Chapter 1, pages 1-4.
- Wang, Y., Li, P., Wu, Y., Sun, X., Yu, K., Yu, C., & Qin, A. (2014). The risk factors for avian influenza on poultry farms: a meta-analysis. *Preventive veterinary medicine*, 117(1), 1–6. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2014.06.008>
- Wille, M., & Holmes, E. C. (2020). The Ecology and Evolution of Influenza Viruses. *Cold Spring Harbor perspectives in medicine*, 10(7), a038489.  
<https://doi.org/10.1101/cshperspect.a038489>
- World Organisation for Animal Health (WOAH). (2021). Avian influenza (including infection with high pathogenicity avian influenza viruses).  
[https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health\\_standards/tahm/3.03.04\\_AI.pdf](https://www.woah.org/fileadmin/Home/eng/Health_standards/tahm/3.03.04_AI.pdf)
- World Organisation for Animal Health (WOAH). (2022). *Avian Influenza (Bird flu)*.<https://www.woah.org/en/disease/avian-influenza/>
- Yoon, S. W., Webby, R. J., & Webster, R. G. (2014). Evolution and ecology of influenza A viruses. *Current topics in microbiology and immunology*, 385, 359–375.  
[https://doi.org/10.1007/82\\_2014\\_396](https://doi.org/10.1007/82_2014_396)
- Yupiana, Y., de Vlas, S. J., Adnan, N. M., & Richardus, J. H. (2010). Risk factors of poultry outbreaks and human cases of H5N1 avian influenza virus infection in West Java Province, Indonesia. *International journal of infectious diseases: IJID: official*

*publication of the International Society for Infectious Diseases, 14(9), e800–e805.*  
<https://doi.org/10.1016/j.ijid.2010.03.014>

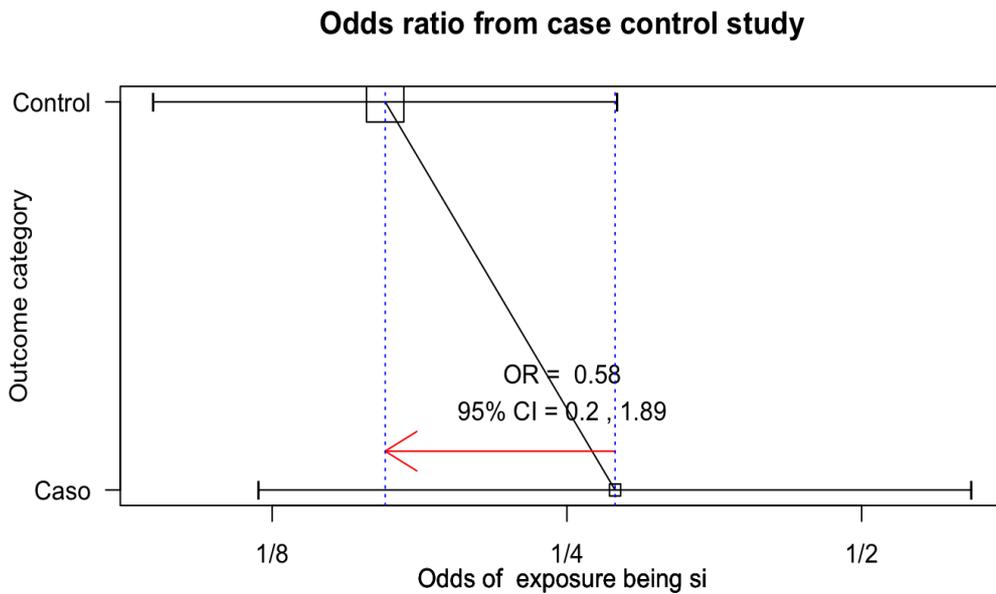
Zhang, J., Wu, X., & Chow, T. E. (2021). Space-Time Cluster's Detection and Geographical Weighted Regression Analysis of COVID-19 Mortality on Texas Counties. *International journal of environmental research and public health, 18(11), 5541.*  
<https://doi.org/10.3390/ijerph18115541>

## 11. Anexos

**Anexo 1.** Odds ratio de casos y controles para aves traspatio que se reportaron en el año 2022 y 2023.



**Anexo 2.** Odds ratio de casos y controles cuando existía bioseguridad en las granjas avícolas.



### Anexo 3. Resultado de análisis de datos en el software SatScan

---

SatScan v10.1.3

---

Program run on: Tue Jan 7 03:43:13 2025

Retrospective Space-Time analysis  
scanning for clusters with high or low rates  
using the Discrete Poisson model.

---

#### SUMMARY OF DATA

Study period.....: 2022/01/1 to 2023/12/31  
Number of locations.....: 1032  
Population, averaged over time.....: 2041  
Total number of cases.....: 30  
Annual cases / 100000.....: 735.4

---

#### CLUSTERS DETECTED

1.Location IDs included.: 050458, 050453, 050456, 050751, 050451, 050653, 050450, 050752,  
050158, 050552, 050455, 050457, 050352, 050353, 050350, 050157,  
050650, 050651, 050251, 050652, 050162, 180164, 050153, 180162,  
050553, 050161, 050154, 180159, 020159, 050551, 050250, 050152,  
180153, 050750, 020151, 050555, 180154, 050252, 180163, 180167,  
050351, 180151, 050150, 050554, 180168, 050159, 180152, 180855,  
180854, 180161, 050550, 180165, 180150, 180156, 050151, 180157,  
170354, 020160, 180850, 180155, 180857, 050156, 121150, 180160,  
180166, 180950, 180158, 180754, 180852, 180755, 180951, 020155,  
180758, 180350, 050753, 180751, 121350, 180756, 180851, 180552,  
180450, 230157, 170352, 180856, 180451, 120555, 180853

Coordinates / radius..: (0.957206 S, 78.896325 W) / 57.13 km

Time frame.....: 2022/12/1 to 2023/2/28

Population.....: 171

Number of cases.....: 17

Expected cases.....: 0.31

Annual cases / 100000.: 40345.2

Observed / expected...: 54.86

Relative risk.....: 125.29

Log likelihood ratio..: 57.345057

P-value.....: < 0.0000000000000001

2.Location IDs included.: 030251, 010154, 030254, 010155, 030650, 010159, 030352, 030250,  
030253, 030354, 010166, 030252, 030350, 030151, 030651, 030355,  
010167, 030153

Coordinates / radius..: (2.686037 S, 79.012948 W) / 18.83 km

Time frame.....: 2023/2/1 to 2023/3/31

Population.....: 6

Number of cases.....: 2

Expected cases.....: 0.0071

Annual cases / 100000.: 206351.7

Observed / expected...: 280.59

Relative risk.....: 300.56

Log likelihood ratio..: 9.348638

P-value.....: 0.354

---

#### Anexo 4. Certificado de idioma inglés

Cuenca, 26 de marzo de 2025

La suscrita Sandra Mercedes Cabrera Arias

**Licenciada en Ciencias de la Educación en la Especialidad de Lengua y Literatura Inglesa, Magister en Lengua Inglesa y Lingüística Aplicada, Doctora en Ciencias de la Educación**

A petición de la parte interesada y de forma legal:

CERTIFICA

Que **Karen Tamara Córdova Ávila** con cédula de identidad 1401080641, estudiante de la **Maestría en Sanidad Animal**, de la Universidad Nacional de Loja, completó satisfactoriamente la presente traducción de español a inglés del trabajo de titulación denominado: **“Análisis espacial del brote de influenza aviar en el Ecuador 2022-2023”**.

Traducción que fue guiada y revisada minuciosamente por mi persona. En consecuencia, sé de la validez a la presentación de la misma. Es todo cuanto puedo certificar en honor a la verdad, pudiendo la estudiante hacer uso del presente documento en lo que estimare conveniente.

Atentamente,



Sandra Mercedes Cabrera Arias

**Licenciada en Ciencias de la Educación en la Especialidad de Lengua y Literatura Inglesa, Magister en Lengua Inglesa y Lingüística Aplicada, Doctora en Ciencias de la Educación**

Números de Registro Senecyt: 1007-06-658249 / 1007-12-742372 / 0321213490

Cédula: 0103889523

Correo: sandra.cabrera@ucuenca.edu.ec

Celular: 0984488863