



INFORME INICIAL EN RELACIÓN CON EL BROTE DE PESTE PORCINA AFRICANA EN ESPAÑA

COMITÉ CIENTÍFICO PARA EL ASESORAMIENTO
EN RELACIÓN CON EL BROTE DE PESTE PORCINA
AFRICANA EN ESPAÑA

Informe inicial en relación con el brote de peste porcina africana en España

Comité científico
para el asesoramiento
en relación con el brote
de peste porcina africana
en España



COMITÉ CIENTÍFICO PARA EL ASESORAMIENTO EN RELACIÓN CON EL BROTE DE PESTE PORCINA AFRICANA

(Creado por la Orden APA 1387/2025, de 4 de diciembre)

MIEMBROS:

Maria del Carmen Gallardo Frontaura
Marta Martínez Avilés
Christian Gortázar Schmidt
Carlos Sánchez García-Abad
Antonio Palomo Yagüe
Daniel Babot Gaspa
Jesús Salas Calvo
Emilio García Muro
Ana Rodríguez Castaño

SECRETARÍA GENERAL DE RECURSOS
AGRARIOS Y SEGURIDAD ALIMENTARIA



Aviso Legal: Los contenidos de esta publicación podrán ser reutilizados, citando la fuente y la fecha, en su caso, de la última actualización.

Título: Informe inicial en relación con el brote de peste porcina africana en España.

Publicación electrónica.



ÍNDICE

Nota de contexto

Tabla de acrónimos

1. Resumen. *Abstract.* Palabras clave.
2. Introducción.
 - 2.1. Distribución geográfica de la PPA.
 - 2.2. Formas clínicas de la PPA.
 - 2.3. Transmisión del virus de la PPA.
 - 2.4. Vías de entrada y difusión del virus de la PPA.
 - 2.5. El jabalí en España.
 - 2.6. Producción porcina en España.
3. Entrada del virus en España.
 - 3.1. Descripción entrada del virus y cronología.
 - 3.2. Caracterización genética del virus de la PPA en España en 2025 en un escenario de elevada conservación genética del genotipo II en España.
 - 3.2.1. Nivel 1. Clasificación genotípica global del virus de la PPA.
 - 3.2.2. Nivel 2. Enfoque multigénico para la diferenciación intra-genotípica del VPPA.
 - 3.2.3. Evaluación de la cobertura genética del VPPA del genotipo II en Europa.
 - 3.2.4. Nivel 3. Secuenciación completa del genoma del virus detectado en España.
 - 3.3. Escenarios sobre el origen del virus.
4. Evolución de la enfermedad en España.
 - 4.1. Descripción de la evolución de la enfermedad.
 - 4.2. Posibles escenarios.
5. Medidas a adoptar para su control.
 - 5.1. Descripción de las medidas adoptadas hasta el momento de la finalización del informe.
 - 5.2. Posibles medidas a adoptar en función de los diferentes escenarios del apartado 4.2.
6. Escenarios para una futura evaluación de las repercusiones para el sector porcino.
7. Escenarios para una futura evaluación de las repercusiones y estrategia para el sector cinegético.
 - 7.1. Repercusiones iniciales.
 - 7.2. Estrategia para el sector cinegético.
 - 7.2.1. Estrategia de control en la zona infectada: estimación de coste económico.
 - 7.2.2. Estrategia global para las CCAA.
8. Recomendaciones.
9. Listado de tablas.
10. Listado de figuras; mapas y gráficos.
11. Referencias y bibliografía.



NOTA DE CONTEXTO

El pasado 28 de noviembre de 2025 se confirmó la detección de dos jabalíes silvestres positivos al virus de la Peste Porcina Africana (PPA) en el municipio de Cerdanyola del Vallès (Barcelona), lo que ha supuesto la primera detección de la enfermedad en España desde noviembre de 1994.

Como consecuencia de ello, en fecha 5 de diciembre se publica en el Boletín Oficial del Estado la Orden APA/1387/2025, de 4 de diciembre, por la que se crea el Comité científico para el asesoramiento en relación con el brote de peste porcina africana.

Entre las funciones asignadas al citado comité, se encuentra la de presentar a la Presidencia un informe inicial en torno a la aparición de la PPA en España, que analice las posibles causas de la entrada del virus, su evolución y las medidas a adoptar para su contención.

Se presenta en este documento el citado informe preliminar, que irá seguido, de acuerdo con las circunstancias, de los informes de seguimiento e informe final.

Los datos que contiene el presente informe preliminar se refieren a materias conocidas hasta el 31.01.2026.



TABLA DE ACRÓNIMOS

AC	Autoridad competente
CAR	Cuerpo de Agentes Rurales
CCPPA	Comité científico para el asesoramiento en relación con el brote de la Peste Porcina Africana
DPI	Días posteriores a la infección
EURL-ASF	Laboratorio de referencia de la UE de PPA
LCV	Laboratorio Central de Veterinaria (Algete)
MAPA	Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación
OMSA	Organización Mundial de Sanidad Animal
PPA	Peste Porcina Africana
REGA	Registro general de explotaciones ganaderas
SVO	Servicios veterinarios oficiales
UME	Unidad Militar de Emergencia
VPPA	Virus de la Peste Porcina Africana
ZAR	Zona de Alto Riesgo
ZBR	Zona de Bajo Riesgo



INFORME INICIAL DEL COMITÉ CIENTÍFICO PARA EL ASESORAMIENTO EN RELACIÓN CON EL BROTE DE PPA EN ESPAÑA

1. Resumen. *Abstract.* Palabras clave.

La peste porcina africana (PPA) es una enfermedad vírica altamente contagiosa que afecta a suidos domésticos y silvestres y carece de vacunas o tratamientos eficaces. Desde la introducción del virus del genotipo II en Georgia en 2007, la enfermedad se ha expandido ampliamente por Europa, Asia y América, con el jabalí como principal reservorio y motor de persistencia del virus en Europa. En este contexto, el 28 de noviembre de 2025 se confirmó la reintroducción de la PPA en España, tras la detección de jabalíes silvestres positivos en un entorno periurbano de Cataluña.

Entre noviembre de 2025 y finales de enero de 2026 se analizaron cerca de un millar de jabalíes, con positividad restringida a la zona de alto riesgo, definida en un radio de 6 km alrededor del foco inicial, y ausencia de detecciones en cerdo doméstico. La expansión espacial muestra un patrón lento y localizado. El virus detectado presenta una firma genética diferencial y un comportamiento de campo distinto del observado en brotes asociados a cepas altamente virulentas, incluyendo la presencia de animales con anticuerpos frente al virus. En conjunto, estas observaciones son compatibles con la posible circulación de un aislado moderadamente virulento, potencialmente asociado a formas subagudas de la enfermedad, si bien esta hipótesis requiere confirmación mediante ensayos experimentales. No obstante, este escenario debe ser considerado en la planificación de las estrategias de control y erradicación, ya que un virus de menor virulencia puede prolongar el periodo infeccioso, favorecer la persistencia en fauna silvestre y requerir planes de vigilancia adaptados en el tiempo y en el espacio.

La caracterización molecular confirma la pertenencia del virus al genotipo II y permite clasificar el aislado español como un nuevo subgrupo genético, dentro del esquema multigénico armonizado del Laboratorio de Referencia de la Unión Europea, designado como grupo genético 29. El análisis genómico evidencia una elevada conservación respecto a la cepa de referencia Georgia 2007/1, junto con una delección estructural relevante en la región variable izquierda, que define una firma genética específica del virus detectado en España. Sin embargo, la información genética disponible no permite atribuir con certeza el origen geográfico del brote.

En el momento de emitir este informe preliminar resulta prematuro pronunciarse con certeza sobre el origen del brote, sin que hayan finalizado las investigaciones judiciales y administrativas que continúan desarrollándose. No obstante, el informe analiza los escenarios hipotéticos de dicho origen realizando una evaluación integrada de los datos epidemiológicos y contextuales disponibles hasta la fecha.

El brote pone de manifiesto el papel crítico del jabalí como reservorio y amplificador del virus, especialmente en este brote y subraya la necesidad de integrar la gestión activa del jabalí —incluyendo búsqueda sistemática de cadáveres, control poblacional



intensivo y creación de zonas blancas— como componente central de las estrategias de erradicación.

Dada la relevancia estratégica del sector porcino español, líder en la Unión Europea y tercero a nivel mundial, incluso un escenario limitado inicialmente a fauna silvestre puede tener implicaciones económicas relevantes.

En conjunto, este trabajo documenta la primera detección del genotipo II de PPA en España desde 1994, describe la identificación de un nuevo subgrupo genético (grupo 29) y evidencia cómo la interacción entre un virus genéticamente singular, poblaciones densas de jabalí y entornos periurbanos complejos genera un escenario epidemiológico desafiante. Los resultados subrayan la necesidad de combinar vigilancia epidemiológica reforzada, caracterización molecular y gestión integrada de fauna silvestre para proteger las explotaciones porcinas y minimizar el impacto sanitario y socioeconómico.

2. Introducción.

La peste porcina africana (PPA) es una enfermedad vírica contagiosa de declaración obligatoria ante la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA), que afecta a suidos domésticos y silvestres, no tiene carácter zoonósico y para la que no existen vacunas ni tratamientos eficaces ni autorizados en la UE.

2.1. Distribución geográfica de la PPA.

En la década de 2000, la PPA resurgió como una amenaza sanitaria de primer orden con la introducción del virus de la PPA (VPPA) del genotipo II, procedente del este de África, en Georgia en 2007 (Rowlands y col., 2007). Este episodio marcó el inicio de una nueva fase de expansión del virus, caracterizada por una mayor agresividad y una rápida propagación geográfica fuera del continente africano. Desde Georgia (2007), el virus se diseminó rápidamente a Armenia (2007) y a la Federación Rusa (2007), estableciéndose posteriormente en Ucrania (2012) y Bielorrusia (2013). Durante esta fase inicial de expansión en Europa oriental, la enfermedad afectó tanto a poblaciones de cerdo doméstico como de jabalí, lo que dificultó de forma significativa la aplicación de medidas de control y erradicación.

La situación epidemiológica se agravó a partir de mediados de la década de 2010, cuando el virus alcanzó la Unión Europea (UE) y comenzó a propagarse de manera sostenida por la región del Báltico y Europa central y oriental. En 2014 se notificaron los primeros brotes en Polonia, Lituania, Letonia y Estonia, marcando la entrada definitiva del VPPA en el territorio de la UE. Posteriormente, la PPA continuó su expansión hacia otros países europeos, con detecciones en Moldavia (2016), República Checa (2017), Rumanía (2017), Hungría (2018), Bulgaria (2018) y Bélgica (2018). En los años siguientes, el virus siguió avanzando hacia el centro, sur y sudeste de Europa, afectando a Eslovaquia (2019), Serbia (2019), Grecia (2020), Alemania (2020), Macedonia del Norte (2022), Italia (2022), Croacia (2023), Bosnia y



Herzegovina (2023), Suecia (2023), Kosovo (2023), Montenegro (2024) y Albania (2024).

En conjunto, hasta 2025 se ha notificado la presencia del virus de la PPA en 25 países y territorios europeos, incluyendo tanto Estados miembros de la UE como países vecinos no pertenecientes a la UE. La epidemiología de la enfermedad en Europa presenta una característica distintiva: el papel predominante del jabalí en el mantenimiento y la diseminación del virus. Aproximadamente el 77 % de las notificaciones en Europa corresponden a esta especie, y de las 45.339 notificaciones totales registradas en jabalí, el 97 % se concentran en países de la UE.

En contraste, las notificaciones en cerdo doméstico representan una proporción menor del total europeo y se asocian mayoritariamente a explotaciones de traspaso, que concentran aproximadamente el 77% de los brotes en esta especie. Exceptuando el caso particular de Rumanía, las notificaciones en cerdo doméstico en la UE suponen menos del 5% del total de notificaciones de PPA registradas en Europa, lo que refuerza el papel central de la fauna silvestre en la epidemiología europea de la enfermedad.

A pesar de la amplia y persistente expansión del virus en el continente, la erradicación completa de la PPA se ha logrado únicamente en un número muy limitado de países europeos. Hasta la fecha, solo Bélgica y Suecia han conseguido erradicar el virus de todo su territorio, tras la detección de casos en jabalí, mediante la aplicación de medidas de control intensivas y sostenidas. En el resto de los países afectados, el VPPA del genotipo II continúa circulando de forma activa en 2025, principalmente en fauna silvestre, lo que mantiene un riesgo constante de introducción en explotaciones porcinas y dificulta la erradicación de la enfermedad a escala continental.

En paralelo a la expansión europea, uno de los episodios más devastadores en la historia reciente de la PPA tuvo lugar en 2018, con la detección del virus en China (Li y col., 2018). Este evento marcó un punto de inflexión en la epidemiología global de la enfermedad y dio lugar a la mayor crisis sanitaria registrada en el sector porcino a nivel mundial. Desde entonces, el genotipo II del VPPA se ha propagado por la mayoría de los países del Sudeste Asiático y ha alcanzado Papúa Nueva Guinea en Oceanía. En 2021, el virus se detectó también en La Española (República Dominicana y Haití), entrando así en las Américas.

En total, excluyendo el continente africano —donde la PPA es endémica—, la enfermedad ha afectado a 52 territorios a nivel mundial, de los cuales 24 corresponden a Asia y 25 a Europa, poniendo de manifiesto la magnitud y complejidad del actual escenario epidemiológico global (Figura 1).

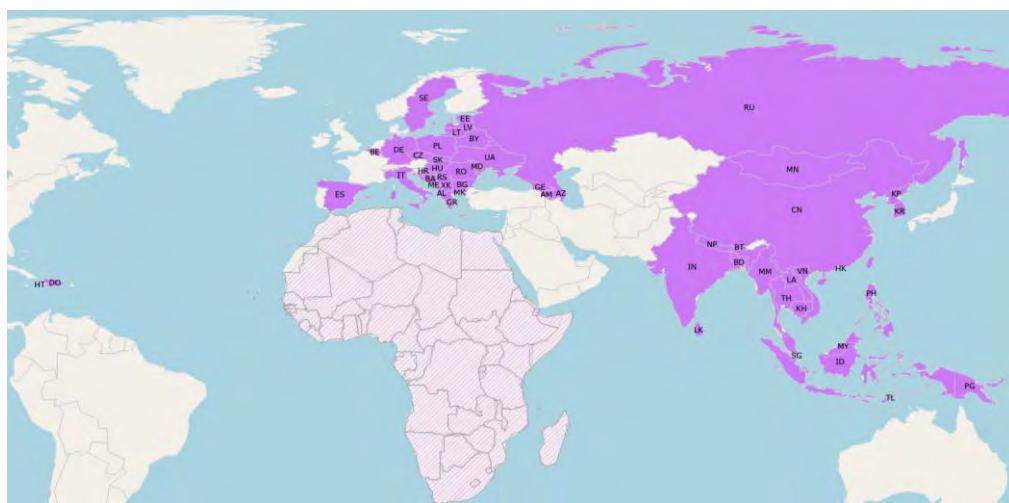


Fig.1. Países en los que se ha notificado la presencia del genotipo II del virus de la PPA fuera de África desde su emergencia en Georgia en 2007.

2.2. Formas clínicas de la PPA.

La PPA presenta un amplio espectro de manifestaciones clínicas, que van desde formas agudas de elevada mortalidad hasta formas subagudas, crónicas o incluso infecciones subclínicas, dependiendo principalmente de la virulencia del virus y del estado inmunitario del hospedador. En infecciones causadas por cepas altamente virulentas del virus de la PPA, el periodo de incubación suele ser corto, generalmente de 3 a 7 días, y la enfermedad cursa de forma hiperaguda o aguda, con mortalidades que pueden alcanzar el 90–100 %, especialmente tras la introducción inicial del virus en un país o región (Ruedas-Torres y col., 2024).

No obstante, cuando el virus permanece circulando de forma continuada en un territorio, como ha ocurrido en distintos países europeos, se observa la coexistencia de cepas con distinta virulencia, incluidas cepas moderadamente virulentas y atenuadas, asociadas a formas subagudas y crónicas de la enfermedad. Estas formas clínicas presentan períodos de incubación más prolongados, habitualmente de 5 a 15 días o más, una evolución clínica más lenta y tasas de mortalidad variables, que pueden situarse entre el 30–70% en las formas subagudas y ser inferiores al 30% en las infecciones crónicas. En estos casos, los animales pueden sobrevivir durante semanas o meses, favoreciendo la persistencia del virus (Gallardo y col., 2018, 2021).

La circulación simultánea de virus del genotipo II con distinta virulencia ha sido ampliamente documentada en Europa. En particular, se han descrito cepas moderadamente virulentas en Estonia y virus atenuados no hemadsorbentes en Letonia, capaces de inducir infecciones leves o subclínicas con persistencia viral prolongada. Estos hallazgos confirman que, desde su introducción en Europa, la PPA no se ha limitado a formas clínicas agudas, sino que ha evolucionado hacia escenarios epidemiológicos complejos con co-circulación de múltiples variantes virales (Gallardo y col., 2018, 2019, 2021; Nurmoja y col., 2017).



2.3. Transmisión del virus de la PPA.

Este amplio espectro de manifestaciones clínicas tiene implicaciones directas en la transmisión del virus, ya que la virulencia del aislado condiciona tanto la duración del periodo infeccioso como la intensidad y las vías de excreción viral. Mientras que las infecciones agudas asociadas a cepas altamente virulentas se caracterizan por una viremia intensa y una excreción elevada de virus durante un periodo corto, las formas subagudas, crónicas o subclínicas pueden favorecer la persistencia del VPPA en los animales infectados y su diseminación silenciosa en las poblaciones afectadas.

La PPA se transmite tanto de forma directa como indirecta, a través de múltiples vías relevantes epidemiológicamente. La principal vía de contagio es el contacto directo entre un animal infectado y uno susceptible, especialmente a través de la exposición a sangre con altas cargas virales durante la fase de viremia aguda. Aunque el periodo de incubación suele ser corto en cepas agudas (5-15 dpi –después de la infección–), un animal puede permanecer infeccioso hasta 30 dpi, e incluso hasta 8 semanas cuando la transmisión implica contacto con sangre, como puede ocurrir durante peleas o el apareamiento (Costard y col., 2009). La mayor excreción se produce durante los primeros 10 días tras la infección (de Carvalho y col., 2013). El virus es muy resistente en materia orgánica (sobre todo en sangre y médula ósea) y a bajas temperaturas (Tabla 1). Otras vías de excreción del virus incluyen secreciones oronasales, orina, heces y secreciones conjuntivales y genitales. Sin embargo, la sangre y los fómites contaminados con sangre infecciosa son la vía de transmisión de mayor riesgo. El virus también se transmite a través de garrapatas del género *Ornithodoros*, vectores biológicos responsables de la persistencia de la PPA en ciertas áreas de la península ibérica en la fase de control y erradicación del virus de genotipo I en los años '90.

Tabla 1. Supervivencia del virus de la PPA en diferentes materias (Kowalenko y col., 1965, McKercher y col., 1987, Mebus y col., 1993, Sánchez-Vizcaíno y col., 2009; Olesen y col., 2020; Davies y col., 2017 y Sindryakova y col., 2016; Olesen y col., 2024).

Materia	Temperatura	Persistencia
Sangre putrefacta	No especificado	15 semanas
Sangre fresca	4°C	18 meses
Carne con hueso	4°C	150 días
Jamón curado*	No especificado	140 - 399 días
Lomo curado*	No especificado	112 días
Músculo esquelético	4°C	150 días
Músculo esquelético	-4°C	104 días
Médula ósea	-4°C	6 meses
Heces	Ambiente	11 días
Orina	Refrigerada	15 días
Agua contaminada	Congelada o refrigerada	60 días
Agua contaminada	Ambiente	50 días
Purines	4°C	112 días

* Estudios confirman que el virus de la PPA es inactivado en el proceso de curación comercial



2.4. Vías de entrada y difusión del virus de la PPA.

Hasta la fecha, únicamente dos genotipos del virus de la PPA han salido del continente africano. Los saltos transcontinentales históricamente se han asociado a la dispersión a través de desechos alimentarios contaminados. Ejemplos documentados incluyen la entrada del virus en Portugal en 1957 y 1960 (Arias M. y Sanchez-Vizcaino JM, 2002); su transmisión desde España a Cuba en 1971 (Simeon-Negrin RE y Frias-Lepoureau, 2002); y desde Portugal a Brasil en 1978 (Lyra TMP, 2006). En aquel contexto, la especie principalmente afectada fue el cerdo doméstico.

En la actualidad, el virus de genotipo II surgido en Europa en 2007 en las inmediaciones del Puerto de Poti, Georgia, se ha propagado tanto en poblaciones domésticas como de jabalí.

A partir de la evidencia disponible, las principales vías de entrada y difusión del virus de la PPA pueden sintetizarse de la siguiente manera:

1. Entrada a través de desechos alimentarios con productos porcinos crudos o insuficientemente cocinados.

Se trata de productos procedentes de animales infectados a los que los suidos pueden estar expuestos (carne cruda o congelada, procesada o curada como en embutidos, y otros productos como carne enlatada, sangre, etc.). En la UE, el suministro de desechos alimentarios a cerdos domésticos está prohibido y la industrialización, junto con las medidas de bioseguridad en las explotaciones, hace que esta vía sea poco probable para la especie doméstica. Sin embargo, persiste el riesgo de acceso por parte de los jabalíes a determinados residuos y esta vía ha sido considerada la de mayor riesgo de entrada y dispersión en la UE (de la Torre y col., 2022; Aguilar-Vega y col., 2024). Los desechos pueden provenir de varias fuentes:

- Desechos de cruceros, barcos de carga, aviones u otros medios de transporte.
- Restos de alimentos de consumo propio introducidos desde países con infección activa.
- Residuos orgánicos accesibles en parques, áreas recreativas, contenedores urbanos, estaciones de servicio, áreas de descanso u otros puntos similares.
- Desechos derivados del comercio legal o ilegal de productos porcinos.

2. Entrada por comercio legal o ilegal de animales infectados.

Incluye movimientos regulares o irregulares de cerdos domésticos o jabalíes. En Bélgica (2018), por ejemplo, una de las hipótesis comentadas a nivel mediático fue la introducción irregular de jabalíes para actividades cinegéticas. Este tipo de entrada conlleva mayor riesgo, puesto que la transmisión directa entre animales susceptibles es la vía más común y eficaz de infección (Arias y Sánchez-Vizcaíno, 2002b; Guinat y col., 2016). No obstante, en 2018 en la UE se prohibió el movimiento comercial de jabalíes de un Estado miembro a otro, incluso desde países libres de la enfermedad (Decisión de ejecución (UE) 2028/834, de la Comisión, de 4 de junio de 2018, por la



que se modifica la Decisión de Ejecución 2014/709/UE, sobre medidas de control zoosanitarias relativas a la peste porcina africana en determinados Estados miembros).

3. Dispersión natural de jabalíes.

El jabalí constituye un reservorio clave y puede favorecer tanto la entrada como la difusión del virus, especialmente en zonas transfronterizas o con elevada conectividad ecológica.

4. Entrada por fómites contaminados.

Incluye la transmisión a través de equipos y herramientas, vehículos, calzado y ropa de trabajo, o materiales utilizados en explotaciones, transporte o caza, incluido purines, yacijas, u otros.

5. Entrada asociada a otras actividades humanas.

Existen actividades que, aunque menos frecuentes, pueden constituir vías de riesgo, tales como comercio online de productos porcinos, incidentes de bioseguridad (escape biológico accidental), introducciones intencionadas, o bioterrorismo.

Tabla 2. Introducción de la PPA en “saltos” a larga distancia.

País	Año introducción	Especie	Hipótesis de entrada
Portugal	1957, 1960	Cerdo	Restos de comida de vuelos desde África al aeropuerto de Lisboa
Cuba	1971	Cerdo	España
Brasil	1978	Cerdo	Portugal
Georgia	2007	Cerdo y jabalí	Restos de comida de barcos desde África al Puerto de Poti
Rep. Checa	2017	Jabalí	Desechos (actividad humana)
Bélgica	2018	Jabalí	Actividad humana (desechos o traslado de animales vivos)
China	2018	Cerdo y jabalí	
Italia	2021	Jabalí	Desechos (actividad humana)- aunque también cerca del puerto de Génova
Suecia	2023	Jabalí	Desechos (actividad humana)

La evidencia más reciente sugiere que la actividad humana en la interfaz con la fauna silvestre en entornos periurbanos son un elemento crítico para la introducción del virus, especialmente en contextos con alta densidad de jabalíes.

Una vez que ha entrado el virus en jabalí, la transmisión a otros jabalíes ocurre principalmente a través del contacto directo con animales infectados o con las carcasas de animales que han muerto por la enfermedad.



2.5. El jabalí en España.

El jabalí (*Sus scrofa*) es el ancestro silvestre del cerdo. Se trata de un mamífero omnívoro que muestra preferencia por alimentos energéticos como las bellotas o el maíz. Originario de ambientes forestales, se adapta muy bien a cualquier terreno que le ofrezca refugio y alimento. Es precoz y prolífico: las hembras pueden alcanzar la edad reproductora mucho antes de cumplir el primer año de vida, para gestar entre 4 y 6 crías. Los rayones sufren una mortalidad elevada por enfermedades y por depredación, pero a partir de los 6 meses la caza se convierte en el principal regulador de sus poblaciones. Aunque puede vivir más de diez años, la esperanza media de vida del jabalí es muy inferior, sobre todo en terrenos con alta presión extractiva o en presencia de enfermedades.

Entre 1990 y 2022, la superficie boscosa creció en España un 34% y las tierras de cultivo de regadío un 24%, mientras que el número de cabezas de ovino disminuyó un 43% (de 24 a 14 millones) durante el mismo período. El aumento de los recursos alimenticios y la disponibilidad de refugios, así como la disminución de la competencia, explican que el número de jabalíes siga creciendo, pasando de unos resultados declarados de caza de 32.000 en 1985 a 450.000 en 2022, lo que supone multiplicar por 14 este indicador de abundancia (Gortázar y col. 2026). Además, el aumento de la extracción de jabalíes se produjo a pesar de una disminución drástica del número de cazadores (Gaspar y col., 2025).

2.6. Producción porcina en España.

El sector porcino es un sector ganadero con una enorme importancia desde el punto de vista económico, estratégico y alimentario, que alcanza el 34% de la producción mundial de carne (Anuario estadísticas FAO 2023, OECD-FAO Agricultural Outlook 2025-2034), y con un importante comercio exterior que, a lo largo de las últimas campañas, ha superado los 10 millones de toneladas anuales (USDA. Livestock and poultry: World Markets and trade).

Por su parte, el sector porcino español ha crecido exponencialmente a lo largo de los últimos años, hasta situarse como tercer productor mundial, tanto por volumen de carne producida como por censo de animales, y segundo exportador mundial, por detrás de Estados Unidos, con un valor de la producción que, solo por la cotización de las canales producidas, se acerca a los 12.000 millones de euros, lo que supone, aproximadamente, un 40% de la producción final ganadera (El sector de la carne de porcino en cifras. Principales indicadores económicos. 2024. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación).

En este sentido, el sector porcino español tiene una importancia clave en la economía de nuestro país, siendo el sector de mayor relevancia en nuestra ganadería. Como ya se ha mencionado, España es, actualmente, la tercera potencia productora a nivel mundial, después de China y EEUU, y primera potencia de la UE, con una producción anual de casi 5 millones de Tm de carne de cerdo (datos 2024). En España, el porcino



representa el 40,3% de la Producción Final Ganadera y el 16,4% de la Producción Final Agraria, generando un valor de producción de 11.274,2 millones de € (datos de 2024). La estimación para 2025, recién publicada, es de un valor de producción del sector porcino de 11.905,1 M€.

A nivel de efectivos, también destaca por su elevada dimensión y capacidad de generar empleo. El número total de explotaciones porcinas registradas a fecha de 01 de enero de 2026 asciende a 44.156 explotaciones (datos REGA, excluyendo explotaciones de autoconsumo).

Aunque desde el año 2014 se observa una tendencia descendente en el número total de explotaciones debido a un descenso de las de menor tamaño, es destacable la relativa estabilidad en cuanto al número de granjas en comparación con otros sectores de la ganadería y otros países de nuestro entorno.

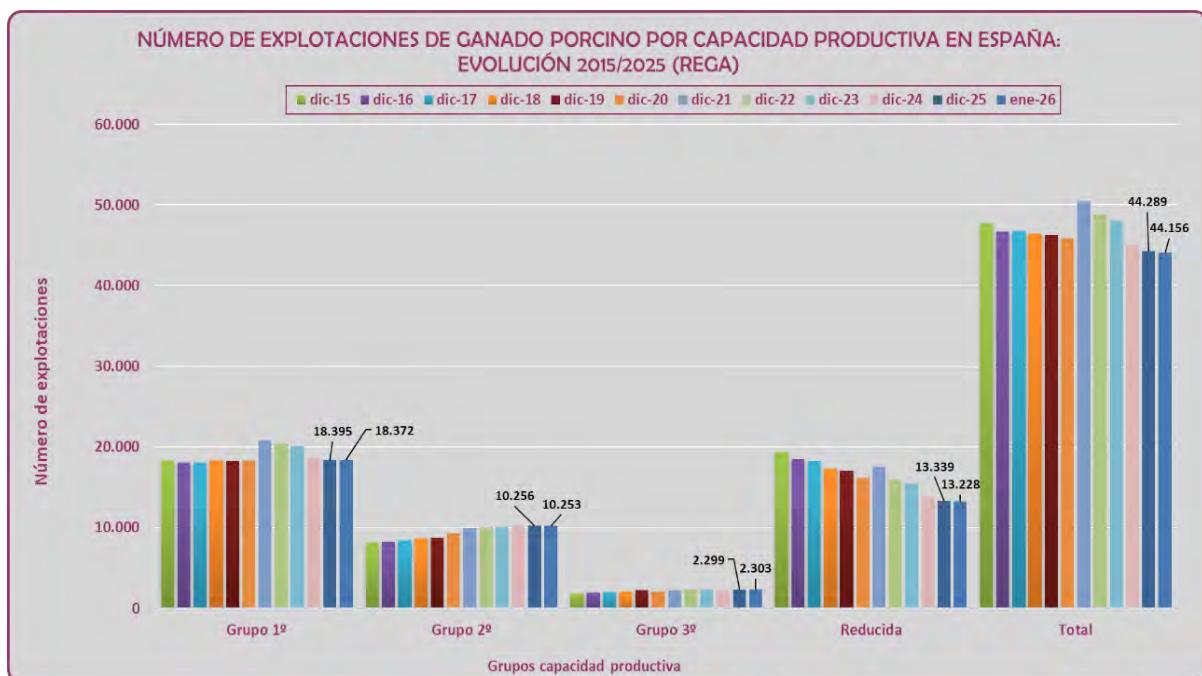


Figura 2. Número de explotaciones de ganado porcino por capacidad productiva en España: Evolución 2015/2025. Fuente: REGA. Elaboración: SG de Producciones Ganaderas y Cinegéticas.

En cuanto a los datos productivos, tanto de censos como de producción de carne, en ambos casos la magnitud de éstos sitúa a la producción española como líder indiscutible de la UE y como tercer productor a nivel mundial. En lo que se refiere a censos, la encuesta ganadera de noviembre de 2024 arrojó un censo para el sector porcino de 34.565.283 animales.

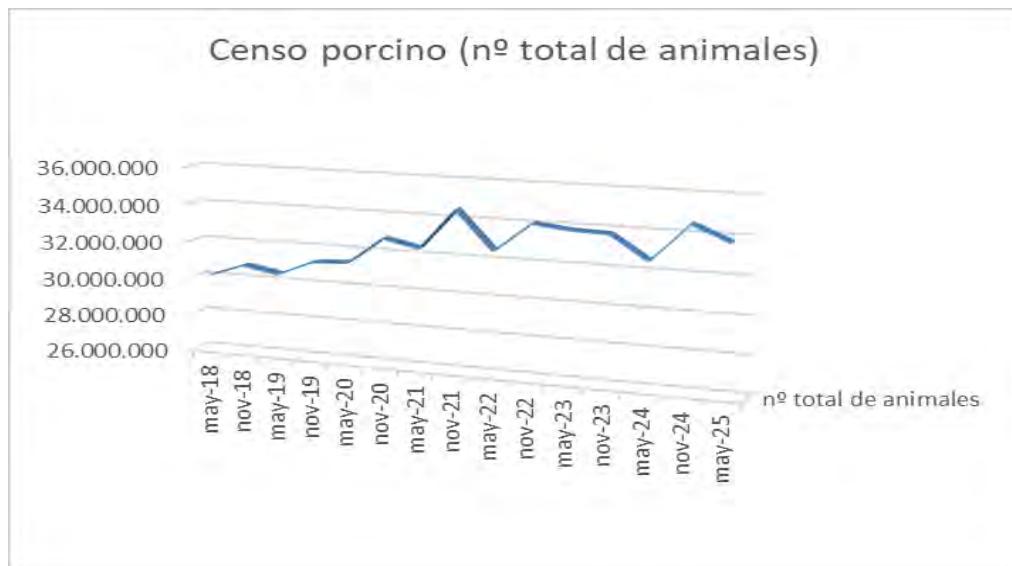


Figura 3. Censo ganado porcino en España (número total de animales). Fuente: Encuesta ganadera (SG Análisis, Coordinación y Estadística – MAPA). Elaboración: SG de Producciones Ganaderas y Cinegéticas (MAPA).

En cuanto a la producción de carne, los datos provisionales de 2025 indican que se sacrificaron más de 56 millones de animales, lo que equivale a una producción total de carne en ese periodo superior a los 5,2 millones de toneladas. Esto supone un incremento de la producción de un 6,8% en toneladas de carne y de un 4,8% en número de animales sacrificados respecto al año anterior (fuente: SG Análisis, Coordinación y Estadística, MAPA).



Figura 4: Evolución de sacrificios de ganado porcino 2000-2025. Fuente: Encuesta de sacrificios (SG Análisis, Coordinación y Estadística – MAPA). Elaboración: SG de Producciones Ganaderas y Cinegéticas (MAPA).



El gran desarrollo y motor de crecimiento de este sector durante los últimos años ha sido su integración en los mercados internacionales con una capacidad exportadora que se ha triplicado en las 2 últimas décadas. En 2024 España exportó 2.760.626 toneladas, por un valor de 8.783 M€, lo que supone el 56,1% de la producción anual.

Por lo que se refiere a los destinos, el año pasado España envió el 53,3% (1.472.352 tn) de sus exportaciones a países miembros de la UE, mientras que el 46,7% (1.288.273 tn) restante fue vendido a países extracomunitarios. En valor, esto supone que el 58% del valor obtenido (5.096 M€) precedía de las exportaciones intracomunitarias, frente al 42% de las ventas extracomunitarias (3.687 M€).

Las exportaciones a países terceros supusieron casi 1,3 millones de Tm (26,2% de la producción). China encabeza la lista de destinos receptores de las exportaciones a terceros países, con una cuota del 18,9% en 2024. Le siguen Japón (6,9%), Filipinas (6,7%) o Corea del Sur (3,2%). En este contexto, la exportación es esencial para el equilibrio del mercado de la carne de porcino en España. Así, España se ha consolidado como el mayor exportador de porcino de la UE, aumentando espectacularmente las exportaciones a terceros países, especialmente a China, donde se mantiene como el principal importador mundial, a pesar de la reducción de la demanda del gigante asiático en los últimos años.

3. Entrada del virus en España.

3.1. Descripción de la entrada del virus y cronología.

Los Servicios Veterinarios Oficiales (SVO) de la Generalitat de Catalunya notificaron, el pasado 28 de noviembre de 2025, la detección de dos jabalíes silvestres positivos al VPPA en el municipio de Cerdanyola del Vallès, en la provincia de Barcelona, lo que supone la primera detección de la enfermedad en España desde noviembre de 1994. Como consecuencia de ello, España ha perdido temporalmente el estatus de país libre de enfermedad ante la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA), estatus que se había alcanzado en 1995.

El 26 de noviembre de 2025 los SVO de Cataluña tienen conocimiento de la detección de dos cadáveres de jabalí silvestre, ambos en estado fresco, y a una distancia aproximada de 1 km entre ambos, en las inmediaciones del campus de la Universidad Autónoma de Barcelona. A continuación, se tomaron muestras de sangre de ambos cadáveres para su análisis en el laboratorio del Centro de Investigación en Sanidad Animal (IRTA-CReSA), de la Generalitat de Cataluña, resultando ambas positivas por PCR al virus de PPA. De forma inmediata se remiten muestras al Laboratorio Central de Veterinaria (LCV) de Algete, en Madrid, Laboratorio Nacional de Referencia para la enfermedad en España que, al día siguiente, confirma la presencia de genoma viral de PPA por PCR-RT a última hora de la tarde. En paralelo, se realiza la necropsia de los dos cadáveres en las instalaciones del CReSA, detectándose amplias lesiones hemorrágicas compatibles con la enfermedad.



El 28 de noviembre, se notifican vía RASVE, ADIS y WAHIS dos focos de PPA en jabalíes silvestres a la Comisión Europea, al resto de Estados miembros (EEMM), a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) y a terceros países. Ese mismo día, se convoca reunión del Comité de Red de Alerta Sanitaria Veterinaria (RASVE), con los Directores generales de Ganadería de las CCAA, y reunión con las asociaciones del Sector porcino, para informar sobre la situación epidemiológica y las medidas adoptadas.

A lo largo de los siguientes días se van confirmando nuevos casos positivos, a la vez que se adoptan, de manera inmediata, toda una batería de medidas para contener la expansión del virus, que incluyen la determinación de una zona infectada de 20 km, que incluye una zona core delimitada por diferentes autopistas (AP7, C58 y C16), dentro de la cual se detectan los primeros casos, esta zona core se encuentra situada dentro de una zona de alto riesgo de 6 km; y una zona infectada de riesgo menor (entre los 6 y 20 km). En estas zonas se adoptan medidas específicas en las explotaciones de ganado porcino de esas zonas, medidas relacionadas con la restricción del acceso de personas a montes y parques de esas zonas, y medidas respecto a la fauna silvestre en las zonas delimitadas (ver apartado 5).

Los estudios llevados a cabo por el LCV de Algete los primeros días determinan que el aislado detectado pertenece al genotipo II del virus de la PPA, mismo genotipo que el presente en el resto de los focos detectados en otros EEMM de la UE desde el año 2014, estudios que se irán completando con posteriores análisis más exhaustivos (ver apartado 3.3).

El 19 de diciembre se notifica oficialmente el foco 10, foco primario de un animal que mostraba síntomas clínicos y que resultó abatido a unos 5 km de los focos anteriores, en el municipio de Sant Cugat del Vallès, siendo el primer foco ubicado fuera de la zona core donde había aparecido los casos, pero dentro del radio de 6 km. Este nuevo foco supuso la ampliación de la zona de infectada de 20 km, incluyendo los municipios de Begues y Gavà, en la comarca del Baix Llobregat, y los municipios de Olesa de Bonesvalls y Subirats, en la comarca del Alt Penedès.

3.2. Caracterización genética del virus de la PPA detectado en España en 2025 en un escenario de elevada conservación genética del genotipo II en Europa.

La caracterización genética del virus de la PPA, detectado en jabalíes en Cataluña, en noviembre de 2025, se realizó con el objetivo de esclarecer el origen del brote y su posible relación con otros focos previamente descritos en Europa. En un contexto de elevada conservación genética del genotipo II circulante en el continente, la secuenciación del genoma viral constituye una herramienta clave, ya que el ADN del virus actúa como una auténtica huella digital.

Mediante la comparación de la secuencia del brote de la enfermedad con genomas de referencia internacionales, se pretende establecer relaciones genéticas entre focos, reconstruir rutas plausibles de dispersión y evaluar el papel relativo de la fauna



silvestre y de las actividades humanas en la introducción del virus. Este tipo de análisis aporta, además, evidencia técnica objetiva para la gestión del brote y la evaluación de los distintos escenarios epidemiológicos.

Para ello, se aplicó el esquema de caracterización molecular armonizado desarrollado por el Laboratorio de Referencia de la Unión Europea para la PPA (EURL-PPA, CISA-INIA/CSIC), que combina un enfoque multigénico con la secuenciación completa del genoma. Este enfoque permite detectar señales genéticas informativas a escala intra-genotípica y situar el virus español dentro del marco evolutivo y epidemiológico del genotipo II en Europa.

3.2.1. Nivel 1. Clasificación genotípica global del virus de la PPA.

Antes de describir los resultados de la caracterización genética del virus responsable del brote detectado en Cataluña en 2025, es necesario contextualizar cómo se clasifican y comparan genéticamente los VPPA. Esta comprensión es clave para interpretar correctamente el alcance de los análisis realizados, así como las posibilidades y limitaciones de cada nivel de resolución genética en la investigación del origen y la diseminación de los brotes.

El VPPA presenta un genoma de ADN de doble cadena excepcionalmente grande y complejo, de aproximadamente 170.000-194.000 nucleótidos y alrededor de 170 genes dependiendo del aislado viral (Li y col., 2025). Esta elevada complejidad genómica, muy superior a la de otros virus de relevancia sanitaria, condiciona de forma directa las estrategias de caracterización molecular y hace necesario aplicar esquemas de clasificación jerárquicos que permitan ordenar la diversidad genética del virus de manera operativa y comparable entre laboratorios.

A pesar de su tamaño, el genoma del VPPA muestra una elevada conservación genética, especialmente en la región central conservada. Esta característica explica que, a gran escala, los virus puedan agruparse en un número limitado de linajes genéticos. En este contexto, la clasificación clásica de los VPPA se basa fundamentalmente en el análisis parcial del gen B646L (p72), que permite asignar los virus a uno de los 24 genotipos descritos hasta la fecha (Achenbach y col., 2017; Quembo y col., 2018). Esta clasificación constituye el primer nivel para clasificar y contextualizar genéticamente los virus implicados en un brote a escala global.

Este resultado sitúa al virus español dentro del linaje responsable de la expansión más extensa registrada hasta la fecha para este patógeno. Desde su introducción en Georgia en 2007, procedente del este de África (Rowlands et al., 2007), el genotipo II ha sido el motor de la actual pandemia de PPA y se ha diseminado progresivamente fuera de África, afectando a numerosos países de Europa, Asia, América y Oceanía. En la actualidad, este genotipo constituye el único genotipo del VPPA que circula en Europa, tanto en poblaciones de jabalí como en porcino doméstico (Figura 8).

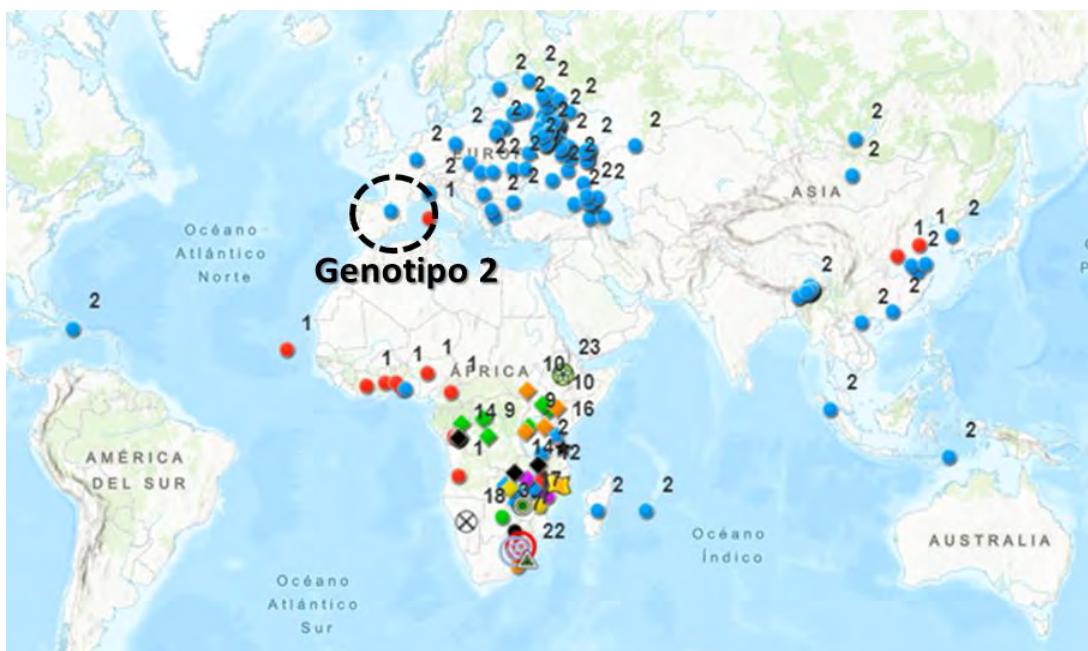


Figura 5. Distribución global de los genotipos del virus de la peste porcina africana, destacando el genotipo 2 y su presencia en España (Fuente: EURL-ASF).

3.2.2. Nivel 2. Enfoque multigénico para la diferenciación intra-genotípica del VPPA.

La asignación del virus responsable del brote detectado en Cataluña al genotipo II permitió situarlo dentro del linaje responsable de la actual pandemia de PPA. Sin embargo, dado que todos los virus actualmente circulantes en Europa pertenecen a este mismo genotipo y presentan una elevada homogeneidad genética, este primer nivel de clasificación resulta insuficiente para discriminar entre virus estrechamente relacionados, ni para investigar el origen y la relación entre brotes a escala regional o local.

Esta limitación se hizo especialmente evidente tras la introducción del VPPA en la UE en 2014, cuando la aparición de brotes a grandes distancias geográficas puso de manifiesto la necesidad de incorporar marcadores con mayor poder resolutivo y avanzar hacia herramientas de trazabilidad molecular. En este contexto, un primer avance significativo fue la incorporación del marcador localizado en la región intergénica (*IGR intergenic region*) entre los genes I73R e I329L (Gallardo y col., 2014). El análisis de esta región permitió diferenciar los virus asociados al foco inicial de Georgia (2007) y a la expansión temprana por el Cáucaso y la Federación Rusa, incluidos Armenia y Azerbaiyán (variante 1), de los virus detectados por primera vez en la UE en 2014. Estos últimos, inicialmente identificados en Lituania y Polonia, mostraron un perfil específico coincidente con virus circulantes en Bielorrusia y Ucrania, que fue denominado variante 2 y que se ha establecido como el perfil predominante del genotipo II en la UE (Gallardo y col., 2023).



No obstante, la expansión continuada del genotipo II y la aparición recurrente de brotes a grandes distancias geográficas evidenciaron que incluso este nivel de resolución resultaba insuficiente para discriminar entre introducciones independientes y propagación local del virus. En respuesta a esta limitación, el Laboratorio de Referencia de la UE para la PPA (EURL-PPA) desarrolló y armonizó un enfoque multigénico basado en la secuenciación de seis regiones distribuidas a lo largo del genoma del VPPA: la región central variable (CVR) del gen *B602L*, la región intergénica entre los genes *I73R–I329L*, el gen *O174L*, el gen *K145R*, la región intergénica entre los genes *9R/10R* de la familia multigénica 505 (*MGF multigene family*) y la región denominada ECO2, localizada entre los genes *I329L* e *I215L* (Gallardo et al., 2023).

Este enfoque permite analizar de forma conjunta variantes genéticas presentes en distintas regiones del genoma, incluyendo secuencias repetidas en tandem (SRT) y mutaciones puntuales (SNPs –*single nucleotide polymorphism*–), proporcionando una resolución significativamente superior a la obtenida mediante marcadores individuales. La combinación específica de las variantes detectadas en cada una de estas regiones define una firma genética característica para cada virus. Sobre esta base, se han definido hasta 28 subgrupos genéticos dentro del genotipo II actualmente circulante en Europa (Gallardo y col., 2023, 2025; Giammaroli y col., 2024).

En este sistema de clasificación, cada subgrupo genético se caracteriza por una combinación concreta de variantes en las seis regiones analizadas. Así, el subgrupo genético 1 corresponde al perfil basal del genotipo II, definido por la presencia de la variante 1 en todas las regiones incluidas en el esquema multigénico, y está directamente asociado a la cepa de referencia del VPPA Georgia 2007/1 y a su expansión temprana por el Cáucaso y la Federación Rusa. A partir de este perfil ancestral, la acumulación progresiva de variantes en una o varias de las regiones analizadas ha dado lugar a la diversificación del genotipo II y a la definición de los distintos subgrupos genéticos descritos hasta la fecha. En este contexto, el subgrupo genético 3 se consolidó como el subgrupo predominante en la UE, con una amplia distribución geográfica que abarca los países bálticos, Europa Central y Europa Occidental, mientras que el subgrupo genético 19 emergió como el segundo más frecuente, con un patrón de distribución característico centrado en el sudeste y centro de Europa, compatible con rutas epidemiológicas regionales compartidas. Además de estos subgrupos mayoritarios, el genotipo II incluye subgrupos minoritarios con distribuciones geográficas y temporales muy limitadas. Aunque menos frecuentes, estos subgrupos son altamente informativos desde el punto de vista epidemiológico, ya que actúan como marcadores finos de introducciones puntuales o de circulación local del virus en contextos bien delimitados.

Esta clasificación tiene un propósito estrictamente epidemiológico, orientado a la trazabilidad molecular y al análisis de las rutas de dispersión del virus, y no implica diferencias conocidas en virulencia, transmisibilidad o presentación clínica. La utilidad epidemiológica de este segundo nivel de resolución se hace evidente cuando varios



subgrupos genéticos coexisten en un mismo país o región, permitiendo establecer relaciones entre brotes aparentemente independientes y discriminar entre procesos de propagación local y nuevas introducciones del virus.

Es por ello por lo que, con el fin de obtener una mayor resolución genética, se aplicó el enfoque multigénico armonizado al virus detectado en España, mediante la secuenciación de las seis regiones CVR, IGR I_{73R}-I_{329L}, O174L, K145R, IGR MGF505 9R/10R y ECO2.

Esta clasificación se basa en que el aislado español presenta un perfil genético muy próximo al perfil basal del genotipo II, con coincidencia en cinco de las seis regiones analizadas y una diferencia genética específica en la sexta región. En concreto, el virus mostró las variantes CVR-1, IGR I_{73R}-I_{329L}-1, O174L-1, K145R-1 y ECO2-1, correspondientes al perfil basal asociado a la cepa de referencia Georgia 2007/1. Sin embargo, en la región intergénica MGF505 9R/10R se identificó una mutación (sustitución G→A) no descrita previamente en ninguno de los 1.186 virus del genotipo II disponibles en la base de datos de secuencias del EUR-L-PPA ni en las bases de datos de secuencias internacionales.

Esta combinación de variantes definió un perfil multigénico específico que permitió clasificar el virus como un nuevo subgrupo genético, el grupo 29, dentro del esquema multigénico armonizado (Tabla 3).

Tabla 3. Subgrupos genéticos del genotipo II del VPPA definidos mediante el enfoque multigénico: perfil genético, distribución geográfica y frecuencia en Europa.

Grupo genético	Perfil multigénico*	Distribución geográfica (año)	Nº (%)†
1	CVR-I / IGR-I / O174L-I / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Georgia (2007), Armenia (2007–2008), Azerbaiyán (2008), Federación Rusa (2009, 2012, 2019), Polonia (2022)	11 / 1.187 (0,9)
2	CVR-I / IGR-I / O174L-I / K145R-I / MGF-II / ECO2-I	Federación Rusa (2012)	1 / 1.187 (0,1)
3	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Ucrania (2012, 2019), Bielorrusia (2013), Lituania (2014–2018, 2020–2022), Polonia (2014, 2018, 2021–2022), Letonia (2014–2015, 2017–2024), Estonia (2014–2025), República Checa (2017–2018), Rumanía (2017–2019, 2021, 2023–2024), Moldavia (2017–2018, 2025), Hungría (2018–2019), Bélgica (2018), Eslovaquia (2019–2020, 2022–2023), Italia (2022–2023), Federación Rusa (2019)	439 / 1.187 (37,0)
4	CVR-I / IGR-I / O174L-I / K145R-I / MGF-III / ECO2-I	Federación Rusa (2012)	1 / 1.187 (0,1)
5	CVR-II / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Estonia (2015–2016)	7 / 1.187 (0,6)
6	CVR-I / IGR-II / O174L-II / K145R-II / MGF-I / ECO2-I	Polonia (2016, 2019, 2021–2022), Alemania (2020–2024), República Checa (2022, 2024)	154 / 1.187 (13,0)



7	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-II / MGF-I / ECO2-I	Polonia (2016–2019, 2021), Lituania (2017–2018, 2020–2022), Rumanía (2019), Letonia (2021, 2023–2024), Federación Rusa (2018)	156 / 1.187 (13,1)
8	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-II / MGF-II / ECO2-I	Polonia (2016–2017)	11 / 1.187 (0,9)
9	CVR-I-SNP1 / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Estonia (2017)	10 / 1.187 (0,8)
10	CVR-I / IGR-I / O174L-II / K145R-II / MGF-I / ECO2-I	Polonia (2017)	2 / 1.187 (0,2)
11	CVR-I-SNP2 / IGR-II / O174L-I / K145R-II / MGF-I / ECO2-I	Polonia (2017)	1 / 1.187 (0,1)
12	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-II / ECO2-I	Letonia (2017–2018, 2021–2024)	29 / 1.187 (2,4)
13	CVR-I / IGR-III / O174L-II / K145R-II / MGF-I / ECO2-I	Polonia (2017)	1 / 1.187 (0,1)
14	CVR-I-SNP3 / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Lituania (2017), Letonia (2023–2024)	4 / 1.187 (0,3)
15	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-V / ECO2-I	Lituania (2017)	1 / 1.187 (0,1)
16	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-IV / ECO2-I	Lituania (2017–2018)	5 / 1.187 (0,4)
17	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-I-V1 / ECO2-I	Letonia (2017–2018)	3 / 1.187 (0,3)
18	CVR-I / IGR-III / O174L-II / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Polonia (2018)	1 / 1.187 (0,1)
19	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-I / ECO2-II	Rumanía (2018, 2021, 2023–2025), Bulgaria (2018–2020, 2024), Serbia (2019–2020, 2022), Grecia (2020, 2024–2025), Macedonia del Norte (2022, 2024), Italia (2022–2023), Suecia (2023), Croacia (2023–2025), Bosnia y Herzegovina (2023), Montenegro (2024), Albania (2024), Kosovo (2024), Moldavia (2025)	268 / 1.187 (22,6)
20	CVR-I / IGR-IV / O174L-I / K145R-II / MGF-I / ECO2-I	Polonia (2018–2019, 2021–2022)	23 / 1.187 (1,9)
21	CVR-I / IGR-II / O174L-II / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Rumanía (2019), República Checa (2024)	8 / 1.187 (0,7)
22	CVR-I / IGR-II / O174L-II / K145R-I / MGF-I / ECO2-II	Rumanía (2019)	12 / 1.187 (1,0)
23	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-VII / ECO2-I	Letonia (2020)	1 / 1.187 (0,1)
24	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-VI / ECO2-I	Rumanía (2021)	1 / 1.187 (0,1)
25	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-II / MGF-VIII / ECO2-I	Italia (Lacio, 2023)	12 / 1.187 (1,0)
26	CVR-I / IGR-II / O174L-I-SNP1 / K145R-I / MGF-I / ECO2-I	Italia (Piamonte, 2023)	4 / 1.187 (0,3)



27	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-II / MGF-V / ECO2-I	Polonia (2021–2022)	15 / 1.187 (1,3)
28	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF-IX / ECO2-I	Estonia (2022–2024)	5 / 1.187 (0,4)
29	CVR-I / IGR-II / O174L-I / K145R-I / MGF1-SNP1 / ECO2-I	España (2025)	1 / 1.187 (0,1)

* Perfil multigénico basado en el análisis de las regiones CVR (B602L), IGR I73R–I329L, O174L, K145R, MGF505 9R/10R y ECO2.

† N.º (%): número de aislados del virus de la peste porcina africana del genotipo II y porcentaje correspondiente, calculado sobre un total de 1.187 secuencias para las que se dispone de información completa de las seis regiones genómicas.

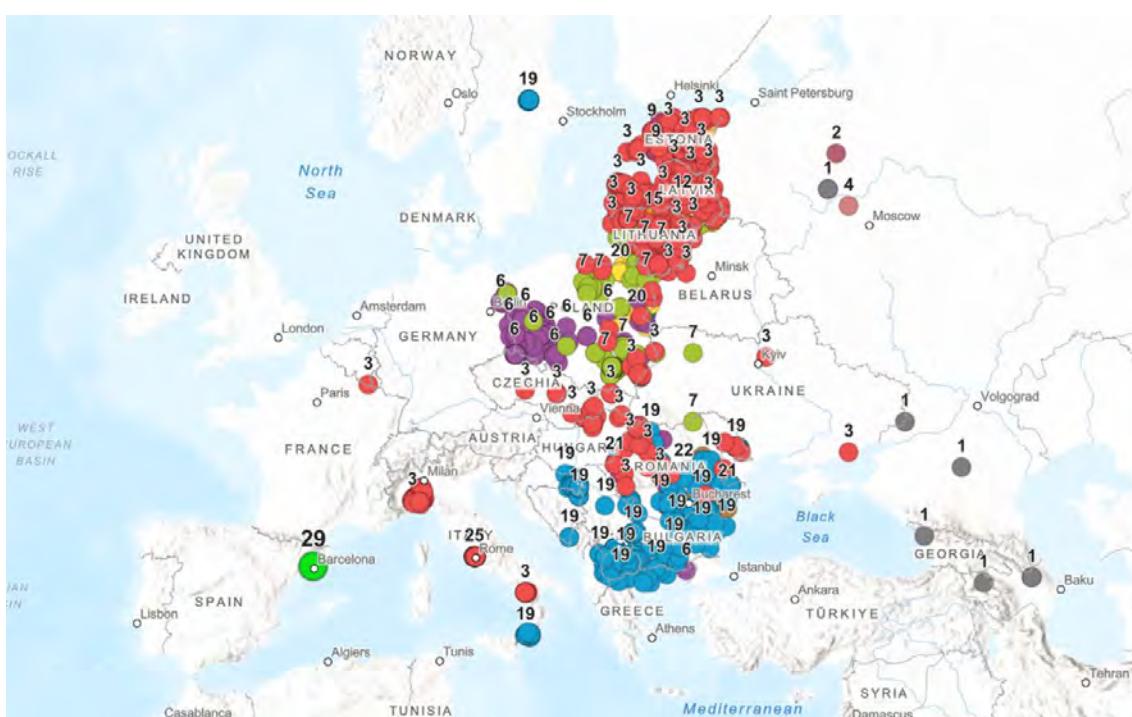


Figura 6. Distribución geográfica de los subgrupos genéticos del VPPA del genotipo II en Europa, destacando el grupo genético 29 detectado en España (Fuente: EURL-ASF).

3.2.3. Evaluación de la cobertura genética del VPPA del genotipo II en Europa.

El enfoque multigénico permite clasificar los virus del genotipo II del VPPA en subgrupos genéticos con utilidad epidemiológica. No obstante, la interpretación de estos subgrupos y su comparación con otros brotes requiere disponer de información genética actualizada y representativa de los virus que están circulando en Europa.

Con este objetivo, se llevó a cabo una evaluación sistemática de la cobertura genética disponible en la base de datos de secuencias del Laboratorio de Referencia de la Unión Europea para la PPA (EURL-PPA), integrando esta información con los datos oficiales de notificación de brotes en cerdo doméstico y jabalí procedentes del Animal Disease Information System (ADIS) y del sistema EMPRES-i de la FAO, hasta diciembre de 2025.



Sobre la base de estos criterios, los países se clasificaron en cuatro categorías en función de:

- (i) año del último aislamiento caracterizado genéticamente.
- (ii) número total de virus secuenciados disponibles.
- (iii) existencia de circulación activa del VPPA.
- (iv) declaración oficial de erradicación cuando procede.

Esta categorización no pretende reflejar el riesgo sanitario ni la intensidad de la circulación del virus, sino el grado de adecuación de la información genética disponible para contextualizar los brotes actuales y apoyar la trazabilidad molecular. Tal como se resume en la Tabla 4 y se representa de forma sintética en la Figura 10, los países clasificados en las:

- **categoría 1** disponen de una cobertura genética robusta, con datos actualizados hasta 2025 y un número representativo de aislados secuenciados, lo que permite una interpretación sólida de la circulación viral actual.
- **categoría 2** agrupa países con información genética reciente (2023–2024) o países en los que la PPA ha sido erradicada, pero para los que se dispone de secuencias asociadas al último episodio epidemiológico, permitiendo una contextualización razonable de su situación.
- **categoría 3** corresponde a países con circulación activa del virus, pero con datos genéticos limitados a 2021–2022, lo que restringe la capacidad de interpretar los brotes más recientes.
- **categoría 4** identifica escenarios con un vacío genético relevante, caracterizado por la ausencia de datos genéticos en los últimos cinco años o por un número muy reducido de aislados disponibles, lo que limita, de forma significativa, la reconstrucción de los patrones actuales de circulación y dispersión del VPPA.

Tabla 4. Cobertura genética disponible para la trazabilidad molecular del VPPA del genotipo II en Europa y países vecinos (situación epidemiológica y datos del EURL-PPA).

País	Caso inicial	Último brote (DP / Jabalí)	Virus secuenciados	Último dato genético	Situación epidemiológica	Categoría
Bélgica	2018	– / 10/03/2020	1	2018	Erradicada (12-2020)	2
Bulgaria	2018	22/03/2024 / 19/12/2025	41	2024	Circulación activa	2
República Checa	2017	– / 23/06/2025	13	2024	Circulación activa	2
Alemania	2020	15/08/2024 / 30/12/2025	32	2024	Circulación activa	2
Estonia	2014	17/09/2025 / 31/12/2025	121	2025	Circulación activa	1
Grecia	2020	26/06/2025 / 17/12/2025	11	2025	Circulación activa	1



Croacia	2023	20/10/2025 / 29/12/2025	/ 46	2025	Circulación activa	1
Hungría	2018	– / 30/12/2025	/ 4	2019	Circulación activa	4
Italia	2022	20/12/2025 / 22/12/2025	/ 145	2023	Circulación activa	1
Lituania	2014	20/12/2025 / 31/12/2025	/ 129	2022	Circulación activa	3
Letonia	2014	30/12/2025 / 31/12/2025	/ 145	2024	Circulación activa	2
Polonia	2014	03/10/2025 / 31/12/2025	/ 287	2022	Circulación activa	3
Rumanía	2018	30/12/2025 / 31/12/2025	/ 72	2025	Circulación activa	1
Eslovaquia	2019	02/05/2025 / 16/12/2025	/ 9	2023	Circulación activa	2
Suecia	2023	– / 30/07/2024	/ 14	2023	Erradicada (09-2024)	2
Albania	2024	22/12/2025 / 15/12/2025	/ 2	2024	Circulación activa	2
Bosnia y Herzegovina	2023	22/12/2025 / 15/12/2025	/ 3	2023	Circulación activa	2
Moldavia	2017	10/12/2025 / 30/12/2025	/ 17	2025	Circulación activa	1
Macedonia del Norte	2022	10/12/2025 / 22/10/2025	/ 25	2024	Circulación activa	2
Montenegro	2024	– / 14/01/2024	/ 2	2024	Circulación activa	2
Serbia	2019	29/12/2025 / 29/12/2025	/ 14	2020	Circulación activa	4
Ucrania	2012	24/10/2025 / 25/12/2025	/ 3	2019	Circulación activa	4
Kosovo	2022	21/09/2023 / 31/08/2023	/ 17	2023	Información limitada	2
Federación Rusa*	2008	18/08/2024 / 22/06/2024	/ 6	2012	Circulación activa	4
Armenia	2007	09/03/2011 / 21/10/2010	/ 1	2007	Sin información reciente	4
Azerbaiyán	2008	29/01/2008 / –	/ 2	2008	Sin información reciente	4
Bielorrusia	2013	21/06/2013 / –	/ 1	2013	Sin información reciente	4
Georgia	2007	15/08/2007 / –	/ 1	2007	Sin información reciente	4

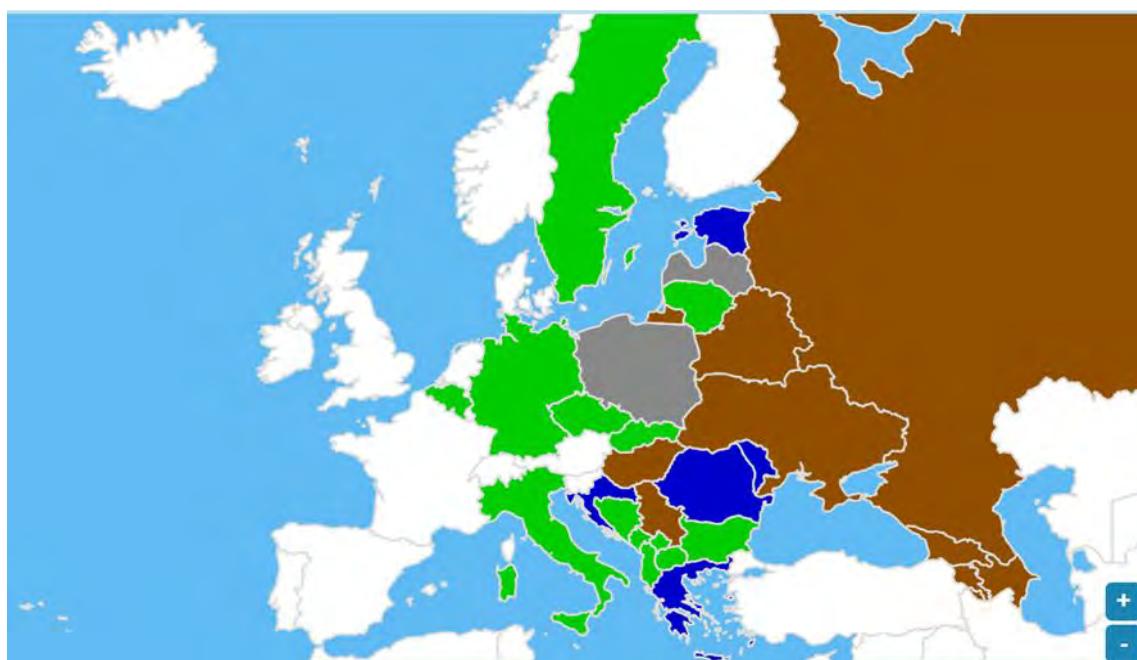


Figura 7. Mapa de categorización de la cobertura genética del VPPA del genotipo II en Europa
(Fuente: EURL-ASF).

1 Países con **circulación activa del VPPA y caracterización genética actualizada hasta noviembre 2025**, con un número representativo de aislamientos secuenciados. 2 Países con **información genética reciente (2023–2024)** o países oficialmente erradicados con secuencias disponibles asociadas al último episodio epidemiológico. 3 Países con **circulación activa**, pero con **datos genéticos limitados a 2021–2022**, lo que restringe la interpretación de los brotes más recientes. 4 Países con **ausencia de datos genéticos posteriores a 2020 y/o cobertura genética muy reducida**, pese a la notificación de circulación activa del VPPA. Blanco Países sin notificación oficial de PPA hasta noviembre del 2025

En conjunto, esta clasificación pone de manifiesto la existencia de lagunas geográficas y temporales relevantes en la información genética disponible en Europa, que deben ser tenidas en cuenta al interpretar la distribución de los subgrupos genéticos del genotipo II, y al contextualizar la caracterización molecular de nuevos brotes, como el detectado en España en 2025. Este marco justifica la necesidad de avanzar hacia un nivel superior de resolución genética, tal como se resume esquemáticamente en la Figura 11.

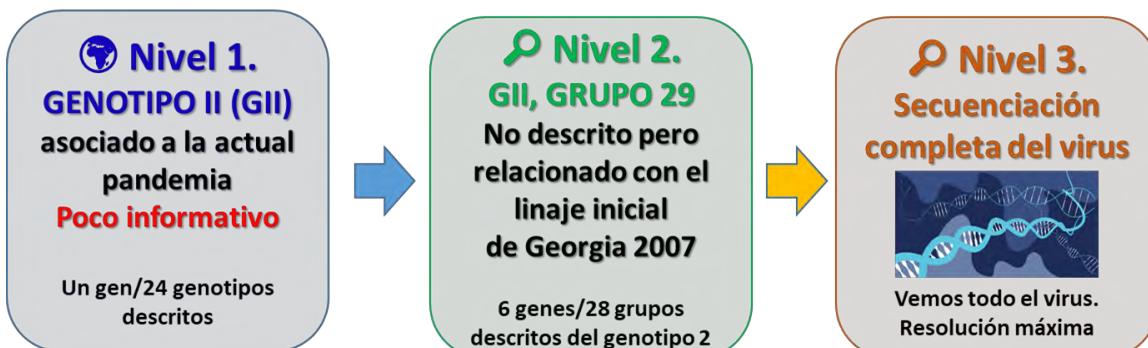


Figura 8. Esquema conceptual de los niveles de resolución genética aplicados a la investigación del origen y la dispersión del virus de la peste porcina africana.



La progresión desde la clasificación genotípica (Nivel 1) hasta la secuenciación completa del genoma (Nivel 3) ilustra el incremento progresivo de la resolución genética necesaria para abordar preguntas epidemiológicas complejas.

3.2.4. Nivel 3. Secuenciación completa del genoma del virus detectado en España.

Una vez establecida, mediante el enfoque multigénico, la clasificación del virus responsable del brote detectado en Cataluña dentro de un nuevo subgrupo genético (grupo 29), se procedió a la secuenciación completa de su genoma con el fin de alcanzar el máximo nivel de resolución genética. Este análisis permite evaluar el grado de conservación global del virus, identificar cambios estructurales y puntuales en su genoma y situar el virus español dentro del contexto evolutivo del genotipo II actualmente circulante en Europa.

La comparación se realizó frente a la cepa del VPPA Georgia 2007/1, ya que constituye el punto de partida del genotipo II, que se ha expandido posteriormente por Europa y otros continentes, y que se utiliza como cepa de referencia para interpretar la evolución genética de los virus pertenecientes a este genotipo.

El genoma del virus español presenta una longitud total de 180.757 nucleótidos, lo que supone una reducción aproximada de 9,8 kb respecto al genoma de referencia Georgia 2007/1 (190.584 nucleótidos).

Esta diferencia se debe a una delección de gran tamaño localizada en la región variable izquierda del genoma (LVR, *left variable region*), comprendida aproximadamente entre las posiciones 10.264 y 20.087 del genoma de Georgia 2007/1 (Figura 12).

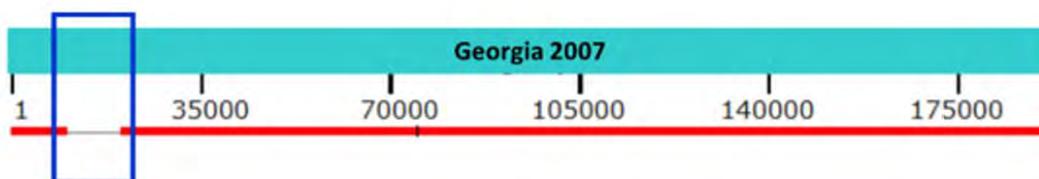


Figura 9. Delección de gran tamaño localizada en la región variable izquierda del genoma del virus español.

Esta delección implica la pérdida completa de al menos 21 genes, entre los que destacan principalmente genes pertenecientes a las familias multigénicas (MGF). En particular, se ven afectados varios genes de la familia MGF110 (MGF110-7L, -8L, -9L, -10L/14L, -12L, -13La y -13Lb), junto con genes de las familias MGF360 (MGF360-4L y MGF360-6L) y MGF100 (MGF100-1R).

Estas familias multigénicas constituyen un motor de la diversidad genómica y de la capacidad de adaptación funcional del virus. Aunque no son esenciales para la replicación viral en macrófagos alveolares porcinos primarios (PAM), desempeñan un



papel determinante en la modulación de la virulencia, los mecanismos de evasión de la respuesta inmune y el tropismo celular (Huang y col., 2025).

La ausencia de este conjunto de genes define una característica estructural relevante del genoma del virus español. No obstante, delecciones en la región variable izquierda, aunque no idénticas en extensión ni en contenido génico, han sido descritas previamente en otros aislados del genotipo II tanto en Europa (Zani y col., 2018; Torresi y col., 2025) como en África (Ambagala y col., 2023), lo que indica que este tipo de reorganizaciones estructurales forma parte de la dinámica evolutiva natural del virus.

Fuera de la región delecionada, el genoma del virus español conserva la organización general del genoma de referencia Georgia 2007/1 y muestra una estabilidad genética muy elevada. El análisis comparativo revela una identidad nucleotídica superior al 99,9 % en todas las regiones compartidas entre ambos genomas.

En comparación con el genoma de referencia Georgia 2007/1, se identificaron 18 mutaciones puntuales (SNPs) y 13 inserciones y delecciones cortas (INDELs) de menos de 5 nucleótidos, distribuidas a lo largo del genoma viral. Para el análisis de trazabilidad genética, se consideran exclusivamente las variantes localizadas en regiones codificantes, tanto sinónimas como no sinónimas, al constituir marcadores informativos para la diferenciación del virus español.

Entre los cambios detectados, destaca una delección de 5 nucleótidos localizada en un gen de la familia MGF505, que representa el evento más informativo fuera de la gran delección estructural y contribuye de forma significativa a definir la firma genómica específica del virus español.

Las principales diferencias genómicas en regiones codificantes entre el virus español y la cepa de referencia Georgia 2007/1 se resumen en la Tabla 5, donde se indica su localización genómica, los genes afectados y, cuando procede, su posible impacto a nivel proteico.



Tabla 5. Cambios genómicos en regiones codificantes relevantes para la trazabilidad genética del virus español.

Posición (Georgia 2007/1)	Gen	Cambio Georgia → España	Tipo de variante	Efecto / Comentario
7.007	MGF110-1L	– → G	INDEL (1 nt)	ORF completo (269 aa) vs truncado en Georgia (215 aa)
8.329	MGF110-3L	T → C	SNP	Sustitución sinónima
30.116	MGF505-1R	GATAC → –	INDEL (5 nt)	Interrupción del marco de lectura y proteína truncada
31.096	MGF360-12L	A → G	SNP	Sustitución sinónima
46.967	MGF505-10R	C → T	SNP	Interrupción del marco de lectura y proteína truncada
53.542	A859L	G → C	SNP	Sustitución no conservadora (P→A)
74.626	EP402R (CD2v)	T → C	SNP	Sustitución sinónima
94.027	B962L	T → A	SNP	Sustitución sinónima
97.709	B438L	C → T	SNP	Sustitución sinónima
107.579	B407L	C → T	SNP	Sustitución sinónima
121.816	CP2475L	A → G	SNP	Sustitución no conservadora (T→I)
125.324	CP2475L	G → A	SNP	Sustitución sinónima
133.759	NP1450L	T → C	SNP	Sustitución sinónima
144.214	D1133L	T → C	SNP	Sustitución conservadora
145.000	D117L	G → A	SNP	Sustitución sinónima
163.503	E183L (p54)	T → C	SNP	Sustitución sinónima
165.254	E301R	C → T	SNP	Sustitución sinónima
170.731	I267L	T → –	INDEL (1 nt)	ORF completo (279 aa) vs truncado en Georgia (267 aa)
177.804	MGF360-16R	C → T	SNP	Sustitución no conservadora (R→W)

Las posiciones genómicas se indican según la numeración del genoma de referencia Georgia 2007/1. SNPs: sustituciones de un solo nucleótido. INDELS: inserciones o delecciones cortas. ORF: marco de lectura abierto. aa: aminoácidos. Las consecuencias a nivel proteico se describen únicamente cuando procede.

Finalmente, para evaluar el grado de similitud global del genoma del virus español con otros VPPA previamente caracterizados, se realizó un análisis comparativo mediante BLASTn, una herramienta bioinformática que permite comparar una secuencia genética frente a una base de datos de genomas conocidos y cuantificar su grado de identidad y cobertura. El genoma completo se comparó frente a una base de datos compuesta por más de 450 genomas completos del VPPA disponibles en las bases de datos (GenBank) representativos de la diversidad geográfica y temporal del genotipo II.

De las más de 450 secuencias completas analizadas, las diez que presentaron los valores más altos de homología con el virus español se muestran en la Tabla 6. En todos los casos se observó una identidad nucleotídica superior al 99,9% en la región



alineada, junto con una cobertura constante en torno al 94%. Esta reducción de la cobertura no refleja una divergencia global del genoma, sino la ausencia de una región genómica extensa en el virus español, correspondiente a la gran delección estructural descrita previamente en la región variable izquierda.

Tabla 6. Genomas del VPPA con mayor homología con el virus español.

Nº acceso GenBank	Aislado (país/año)	Similitud genética (%)	Genoma comparado (%)	Diferencias en la región comparada (nt)	Regiones no alineadas (nt)
NC_044959.2	Georgia 2007/1	99,982	94	17	14
PQ672299.1	Rusia / Stavropol / 2008	99,981	94	18	14
LR722600.1	República Checa / 2017	99,973	94	21	25
LR722599.1	Moldavia / 2017	99,972	94	24	24
MN715134.1	Hungría / 2018	99,971	94	25	25
LR536725.1	Bélgica / 2018	99,971	94	23	27
MW396979.1	Timor-Leste / 2019	99,970	94	24	27
PV592816.1	Vietnam / 2019	99,970	94	25	27
LS478113.1	Estonia / 2014	99,966	94	32	26
OR460731.1	Italia / 2022	99,968	94	26	28

En conjunto, la caracterización genómica proporcionó un alto nivel de resolución molecular y permitió definir de forma precisa la singularidad genética del virus español. Sin embargo, pese a este grado de detalle, la información genética disponible no permitió establecer de manera concluyente el origen geográfico ni epidemiológico del brote. La disponibilidad desigual de genomas comparables a escala europea y extraeuropea limita la capacidad para discernir si el virus corresponde a un linaje ya circulante pero no documentado, a una introducción independiente desde una región insuficientemente muestreada, o a un evento singular no detectado previamente.

En consecuencia, aunque los datos genómicos resultaron esenciales para la caracterización del virus y la definición de su firma genética diferencial, fueron insuficientes por sí solos para atribuir el origen del brote, haciendo necesario complementar el análisis con información epidemiológica y contextual sobre posibles vías de introducción.

3.3. Escenarios sobre el origen del virus.

Tras la detección del foco de PPA en Cataluña en noviembre de 2025, y a la luz de los resultados de la caracterización genética del virus, no fue posible establecer de manera directa un origen geográfico o epidemiológico concreto del brote. Si bien la información genética permitió definir una firma genómica diferencial y descartar su relación con focos previamente documentados, esta evidencia resultó insuficiente por sí sola para atribuir el origen del virus a una vía específica de introducción.



En este contexto, y con el objetivo de interpretar el brote de forma rigurosa y estructurada, se consideró necesario evaluar distintos escenarios plausibles de introducción del virus. Estos escenarios fueron analizados de manera progresiva, integrando la evidencia genética disponible con la información epidemiológica, sanitaria y contextual recopilada durante la investigación, y atendiendo a los distintos grados de plausibilidad asociados a cada uno de ellos.

El análisis realizado debe considerarse estrictamente provisional, resultando improcedente, en este momento, efectuar afirmaciones o valoraciones acerca de las probabilidades o posibilidades de uno u otro origen del virus causante del brote, fundamentalmente por un criterio de no interferencia con las investigaciones que se están desarrollando, tanto en vía administrativa, por la Dirección General de Sanidad de la Producción Agroalimentaria y Bienestar Animal del MAPA, como en vía judicial, tras las denuncias formuladas por particulares, con intervención de distintas fuerzas y cuerpos de Seguridad del Estado.

Integrando todas las fuentes de información disponibles hasta la fecha, el conjunto de evidencias puede resultar consistente con diferentes posibilidades de vías de introducción del virus.

Escenario 1. Liberación accidental desde un laboratorio de investigación.

La posible liberación accidental del virus, desde un laboratorio de investigación, fue una de las primeras hipótesis consideradas en la investigación del brote detectado en Cataluña en noviembre de 2025 a raíz de los resultados de secuenciación. Esta hipótesis no se planteó a partir de evidencia directa, sino en base a una serie de elementos objetivos que, en conjunto, hacían necesario su análisis desde un punto de vista técnico y de precaución.

En primer lugar, el virus detectado presentó una firma genómica diferencial no descrita previamente, que permitió su clasificación como un nuevo subgrupo genético dentro del genotipo II. En segundo lugar, el virus mostró una elevada similitud con el linaje Georgia 2007/1, cepa de referencia ampliamente utilizada en actividades de investigación y ensayos experimentales. Finalmente, el foco se localizó en un área geográfica próxima a las instalaciones del CReSA-IRTA (Bellaterra, Cataluña), centro que desarrolla actividades de investigación con el VPPA bajo condiciones de alta bioseguridad. La concurrencia de estos factores justificó la inclusión de este escenario entre las hipótesis iniciales de origen del brote.

Con el fin de evaluar esta hipótesis de manera independiente y coordinada, el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (MAPA) solicitó a la Comisión Europea la activación de una misión de emergencia EUVET (European Union Veterinary Emergency Team). La misión EUVET se llevó a cabo los días 11 y 12 de diciembre de 2025 en las instalaciones del CReSA-IRTA. Durante la misma se recopiló información epidemiológica, sanitaria y de bioseguridad relevante, se



revisaron las actividades experimentales realizadas con virus del genotipo II, y se identificaron los materiales biológicos disponibles susceptibles de ser analizados desde el punto de vista genético.

Entre las recomendaciones formuladas por la misión EUVET se incluyó la realización de un estudio genético comparativo exhaustivo entre el virus detectado en campo y los virus utilizados en actividades experimentales, con el objetivo de evaluar la posible presencia de la firma genética característica del virus del brote en los materiales experimentales disponibles.

En cumplimiento de estas recomendaciones, el CReSA-IRTA proporcionó a las autoridades competentes y a los expertos de la UE un listado completo de todas las infecciones experimentales realizadas durante el año 2025 con virus del genotipo II, así como un inventario detallado de las muestras biológicas disponibles procedentes de dichos ensayos. Este inventario incluyó tanto inóculos virales como muestras clínicas recogidas de los animales infectados experimentalmente.

Las muestras seleccionadas fueron remitidas al Laboratorio Central de Veterinaria de Algete (LCV), laboratorio nacional de referencia de España, dependiente del MAPA, para la realización de una caracterización genética dirigida y comparativa. De manera paralela e independiente, la Generalitat de Cataluña encargó un estudio genómico complementario al Institut de Biología Evolutiva (IBE).

El estudio realizado por el LCV incluyó un total de 81 muestras procedentes del CReSA-IRTA, que representaban la totalidad del material relevante, según la selección realizada por EUVET, de genotipo II disponible en el centro. Estas muestras comprendían 12 aislados virales correspondientes a cepas históricas (Georgia 2007 y Armenia 2007) y 69 muestras clínicas (sangre) procedentes de cuatro infecciones experimentales realizadas en 2025. Tras la confirmación de la presencia de genoma mediante PCR en tiempo real, el LCV aplicó su método de secuenciación Sanger acreditado (ISO 17025) para el análisis de regiones génicas informativas, concretamente los genes E183L (p54) y MGF505 9R/10R.

Los resultados del cribado mostraron que ninguna de las muestras analizadas presentó los marcadores genéticos (SNPs) específicos identificados en el virus detectado en el brote. En todos los casos, las secuencias obtenidas correspondieron estrictamente a las cepas inoculadas (Georgia 2007 o Armenia 2007), sin evidencia de adquisición de mutaciones compatibles con la firma genómica del virus detectado en Cataluña.

De manera consistente con estos resultados, la secuenciación completa del genoma realizada por el Institut de Biología Evolutiva (IBE) sobre los stocks virales del genotipo II utilizados como inóculos en las infecciones experimentales, no evidenció la presencia de la gran delección estructural (>10 kb) en la región variable izquierda del genoma ni del conjunto de mutaciones puntuales que definen la firma genómica diferencial del virus detectado en campo.



En conjunto, los resultados obtenidos mediante estrategias analíticas complementarias y por organismos independientes no mostraron coincidencia genética alguna entre el aislado español y los virus utilizados en actividades experimentales en el CReSA-IRTA, ni a nivel de marcadores parciales ni a escala de genoma completo.

Escenario 2. Introducción desde focos activos europeos mediante transmisión natural o progresiva.

Se ha procedido también a la evaluación de la posibilidad de que el virus se hubiera introducido en España a partir de focos activos en otros países europeos, ya sea mediante transmisión natural asociada a movimientos de fauna silvestre o a través de una progresión epidemiológica gradual desde áreas afectadas.

Este escenario se consideró inicialmente desde un punto de vista teórico, dado que el VPPA ha mostrado capacidad de expansión geográfica progresiva en determinadas regiones europeas, especialmente asociada a la dispersión de poblaciones de jabalí y a la continuidad territorial entre áreas afectadas.

En este sentido, existen varios elementos epidemiológicos y genéticos a considerar en el contexto del brote detectado en Cataluña. En primer lugar, el foco europeo activo geográficamente más cercano en el momento de la detección correspondía al norte de Italia (región de Piamonte), situado a una distancia superior a 500–600 km, y asociado a grupos genéticos distintos de los identificados en el virus español. La magnitud de esta distancia, junto con la ausencia de focos intermedios conocidos, dificulta la explicación de una propagación natural o progresiva del virus sin detección previa.

En segundo lugar, los países situados entre las áreas afectadas y Cataluña, en particular Francia, mantienen sistemas de vigilancia intensiva sobre la fauna silvestre y no notificaron circulación del VPPA durante el periodo considerado, lo que refuerza la improbabilidad de una difusión progresiva inadvertida a través de estos territorios.

Finalmente, el perfil genético del virus detectado en España no mostró una relación estrecha con los linajes dominantes en los focos europeos más próximos, incluidos los del norte de Italia, lo que resulta incompatible con un origen directo derivado de una expansión geográfica progresiva desde dichos focos.

Escenario 3. Introducción deliberada.

De forma teórica, se contempló la posibilidad de una introducción deliberada del virus como origen del brote detectado en Cataluña en 2025. Este escenario se incluyó en la evaluación inicial como parte de un análisis exhaustivo de todas las vías potenciales de introducción, si bien no existían indicios específicos que apuntaran a este origen.



En primer lugar, el virus identificado presenta una gran delección estructural en la región variable izquierda del genoma, junto con un perfil genético no descrito previamente en brotes europeos. Desde un punto de vista virológico, se trata por tanto de un aislado con comportamiento biológico incierto, lo que reduce su previsibilidad en términos de transmisión y patogenicidad.

En este contexto, la utilización de un virus con estas características en un supuesto escenario de introducción deliberada resulta poco coherente, dado que este tipo de eventos suele asociarse, por los datos conocidos hasta ahora, a cepas bien caracterizadas y con comportamiento epidemiológico conocido.

Escenario 4. Introducción a larga distancia mediada por actividades humanas.

Otro escenario para explicar el brote de peste porcina africana detectado en Cataluña en 2025, con los datos disponibles hasta la fecha, es una introducción puntual del virus a larga distancia mediada por actividades humanas, particularmente a través de productos cárnicos o restos de comida contaminados. Esta vía de introducción constituye el mecanismo más común de dispersión del VPPA a grandes distancias y está ampliamente documentada en la epidemiología de la enfermedad, habiendo sido responsable de numerosos episodios de introducción transcontinental y a larga distancia tanto en Europa como en otros continentes (véase Tabla 2).

Este escenario resulta coherente con los patrones históricos de dispersión del VPPA y compatible con diversos elementos epidemiológicos observados en el brote detectado en Cataluña, entre los que destacan:

- Aparición aislada del foco, sin continuidad epidemiológica con zonas previamente afectadas.
- Ausencia de focos intermedios en países vecinos, incluidos territorios con alta capacidad de detección y vigilancia.
- Localización del brote en un entorno altamente conectado, con elevada movilidad humana y una densa red de infraestructuras viarias y ferroviarias.
- Divergencia genética respecto a los linajes dominantes en Europa, incluidos los más próximos del norte de Italia, lo que sugiere una introducción no vinculada a la expansión geográfica conocida.

Con el fin de reforzar la evaluación del presente escenario de introducción asociada a actividades humanas, se llevó a cabo un análisis contextual de las posibles vías de introducción mediadas por actividades humanas, integrando información relativa al comercio exterior, la movilidad internacional de personas y mercancías, y la estructura socio-territorial del área afectada.

A continuación, se presentan los principales resultados de este análisis.

- a) Importación de productos porcinos: Con respecto a la importación de productos porcinos, en los últimos dos años, España importó carne fresca, productos



cárnicos, preparados de carne porcina para consumo humano de Chile, México, Reino Unido y Turquía (datos de TRACES).

- b) En cuanto a las importaciones de suidos vivos, si bien constituyen una vía potencialmente relevante, hasta el momento no se dispone de evidencias de transmisión asociada al comercio de animales en este brote (datos de TRACES), ni evidencias epidemiológicas o genéticas suficientes que vinculen directamente esta vía con la introducción del virus en el brote analizado.
- c) Para las introducciones de productos porcinos destinadas a consumo propio, se recurrió a indicadores indirectos de movilidad humana e inmigración, tal como recomiendan EFSA y ECDC para escenarios de introducción no intencional. Aunque Cataluña constituye una región con fuerte atracción migratoria e intensa movilidad internacional, con más de 2 millones de personas nacidas en el extranjero (25.1% del total de residentes), existe una alta homogeneidad de orígenes (INE e Instituto Catalán de Estadística). Además, el evento está próximo a la Universidad Autónoma de Barcelona, universidad con gran afluencia de estudiantes internacionales.

Este patrón es relevante, debido a que puede indicar una movilidad internacional frecuente, intercambio de productos culturales o gastronómicos, y potencial introducción de productos porcinos contaminados para consumo personal.

La estructura territorial del área afectada añade elementos que aumentan la plausibilidad de introducción mediante residuos: los brotes se localizaron en un entorno donde los núcleos urbanos están embebidos en matriz forestal y agrícola, con presencia estable de poblaciones de jabalí sin barreras físicas relevantes y con acceso a contenedores domésticos, áreas de picnic, parques muy transitados, áreas periurbanas, e infraestructuras viales y ferroviarias.

Adicionalmente, se consideraron otras rutas de entrada como la contaminación de vehículos de transporte terrestre tras tránsito internacional, o los residuos de puertos y aeropuertos. La proximidad de la zona afectada al Puerto de Barcelona, al Aeropuerto de Barcelona y al Aeródromo de Sabadell, combinada con la existencia de catering internacional y gestión compleja de residuos, hace que la vía marítimo-aérea no pueda descartarse totalmente, aun a pesar de que esta gestión está estrictamente regulada y se exige que su recogida y eliminación sea bio-segura, al tratarse de material tipificado como de categoría 1, de acuerdo con la legislación comunitaria en materia de subproductos animales. Sin embargo, la ausencia de jabalíes positivos entre estas zonas y la zona de brote hace que este escenario sea de baja probabilidad. Igualmente, la contaminación de vehículos de transporte terrestre resulta difícil de demostrar y de sostener sin haber causado brotes en otros países intermedios como Francia.



4. Evolución de la enfermedad en España.

4.1. Descripción de la evolución de la enfermedad.

Hasta el 31 de enero de 2026 se habían analizado 936 jabalíes, de los que 648 corresponden a la zona de alto riesgo (ZAR), 218 a la zona de bajo riesgo (ZBR) y 70 a otras zonas fuera del radio de 20 km. Tanto los analizados fuera del radio de 20 km, como los analizados en la ZBR, tuvieron resultado negativo en la prueba PCR. En la ZAR, 103 jabalíes (15,9%) dieron resultado positivo, incluyendo 4 sacrificados, 5 abatidos (capturados con trampas), 3 víctimas de atropello y 91 encontrados muertos.

Analizando los datos por semana epidemiológica, sólo en la primera semana, cuando se detectó el brote, se encontraron mayoritariamente jabalíes positivos (13 de 17, 76%). A lo largo de las siguientes diez semanas el porcentaje de positividad en la ZAR se mantuvo relativamente estable, en torno al 16% (rango semanal entre 3% y 28%). No se observa una tendencia al aumento en el número de jabalíes positivos ni en el porcentaje semanal de positivos a lo largo de este periodo.

En cuanto a la expansión de los casos, hasta el 30 de enero de 2026 se ha ido produciendo una expansión lenta en forma de mancha de aceite, típica de la peste porcina africana en jabalíes. Su centroide se sitúa en el cuarto sureste de la zona “core”. La expansión fuera del “core” inicial es más evidente hacia el sur, llegando a San Cugat del Vallés y al entorno del parque natural de Collserola.

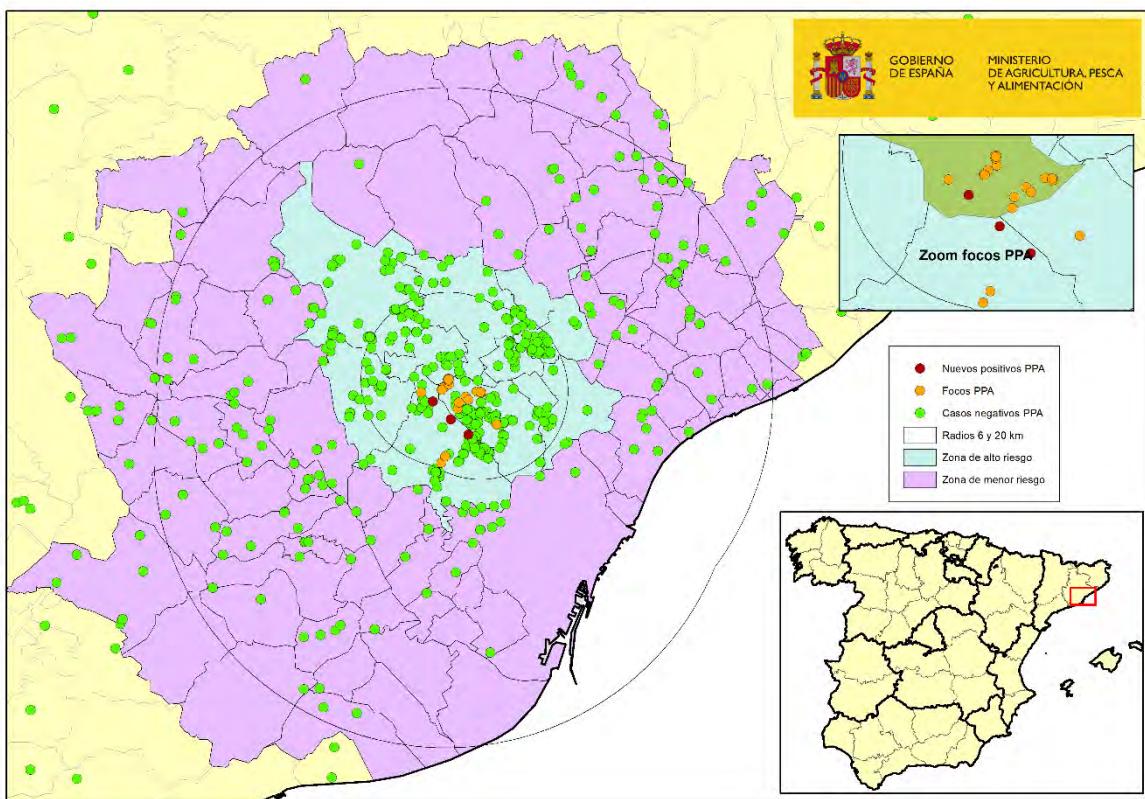


Figura 10: Localización de los 23 focos de jabalíes silvestres y de los jabalíes negativos (hallados muertos y capturados) detectados en Cataluña (Fuente: MAPA)

A este muestreo y análisis hay que añadir las medidas aplicadas sobre las explotaciones porcinas que se encuentran en la zona infectada, que incluyen la vigilancia epidemiológica continua mediante PCR PPA e inspecciones de medidas de bioseguridad (según Reglamento de Ejecución 594/2023). Hasta el momento, todas las inspecciones clínicas realizadas por los SVO han sido favorables y todas las muestras analizadas han dado negativo, incluidas muestras de animales y cadáveres y muestras de lixiviados de camiones de recogida de cadáveres.

Se han analizado los datos de laboratorio facilitados por CReSA (por jabalí) y los datos de notificaciones a la Comisión Europea y a la OMSA (una notificación agrupa varios jabalíes afectados).

Hasta el 30.01.26, los 103 jabalíes positivos se distribuyen en una zona muy concreta del Vallès Occidental, entre los municipios de Cerdanyola del Vallès (Este), Sant Quirze del Vallès (Norte), Rubí (Oeste) y Sant Cugat del Vallès (Sur), muy cerca del sector noroeste del Parque Natural de la Serra de Collserola. La zona está delimitada por la AP-7 (sur), la C-58 (norte-este) y la C-16 (oeste).

La mayoría de los positivos han sido encontrados muertos (90%), en las proximidades de zonas forestales, colinas periurbanas y grandes infraestructuras viarias.



Los expertos del CReSA han trabajado sobre la hipótesis de que la fecha de infección más antigua podría situarse entre 1,5-4 meses previo a la fecha de muestreo. Tomando dos meses antes como referencia para la fecha más antigua y el tiempo máximo desde la muerte estimado por el laboratorio, podemos recrear la curva epidémica calculando el número de días desde el comienzo de la infección a partir de las fechas de muestreo:

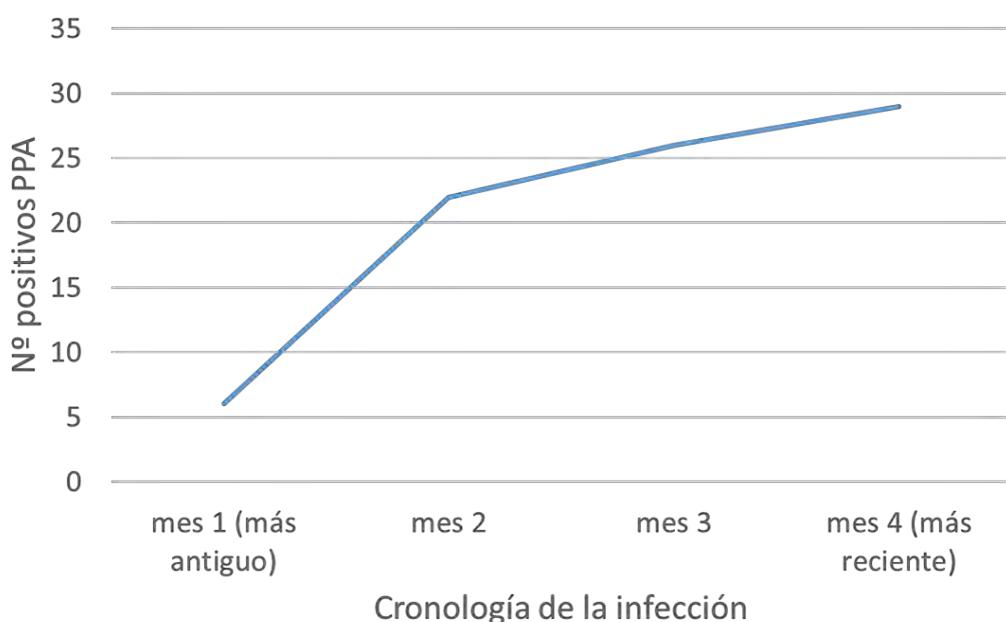


Figura 11: Evolución cronológica de los positivos a PPA (Fuente: CCPA a partir de los datos compartidos por el CReSA).

La curva muestra que el número de infecciones aún está creciendo. La expansión geográfica se está produciendo hacia el norte y, de manera más preocupante, hacia el sur, aproximándose al parque natural de Collserola, donde los últimos positivos han sido abatidos, atropellados o encontrados vivos con signos de enfermedad.

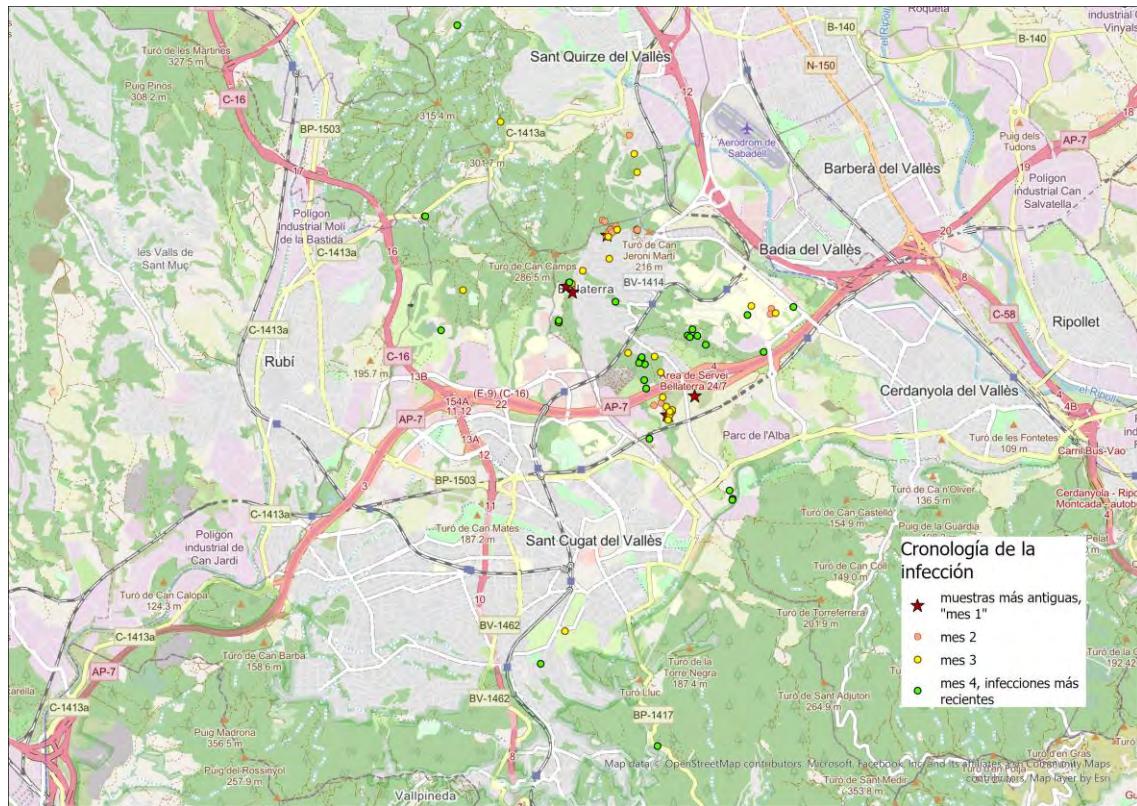


Figura 12: Distribución geográfica y cronológica de los positivos (Fuente: CCPA a partir de los datos compartidos por el CReSA).

4.2. Posibles escenarios.

El brote detectado en Bellaterra presenta características que introducen incertidumbre no solo sobre su origen, sino también sobre su posible evolución, si bien este tipo de escenarios no resulta inédito en el contexto europeo. Aunque el virus identificado en este foco no se corresponde con los subgrupos genéticos actualmente dominantes en países afectados de la UE, presenta una gran delección genómica comparable a la descrita en otros contextos epidemiológicos. En concreto, este tipo de variantes se detectaron ya al inicio de la epidemia en Estonia en 2014, donde la circulación de virus con delecciones en la región variable izquierda se asoció posteriormente con la emergencia de cepas de menor virulencia, y con cambios en la dinámica epidemiológica (Sehl y col. 2020, Zani y col., 2018). Sin embargo, variantes con delecciones similares han sido descritas también en brotes más recientes, como en Calabria (Italia) en 2023, donde, por el contrario, se observaron cuadros clínicos agudos compatibles con infecciones por virus altamente virulentos (Torresi y col. 2025), lo que pone de manifiesto que la presencia de delecciones genómicas no permite, por sí sola, anticipar el comportamiento clínico ni epidemiológico del virus. En este marco, el foco de Bellaterra muestra una serie de observaciones de campo que incluyen una mortalidad aparentemente más lenta que la típicamente descrita en brotes agudos, la presencia de lesiones compatibles con formas subagudas de la enfermedad en algunos de los jabalíes analizados (Figura 13) y la detección de algún animal seropositivo. En conjunto, estos hallazgos son compatibles con un patrón



clínico-epidemiológico potencialmente distinto del esperado para aislados altamente virulentos, y podrían sugerir la circulación de una cepa de virulencia moderada. No obstante, estas evidencias deben interpretarse con cautela, ya que factores como la estructura poblacional, la densidad de hospedadores, el momento de detección del brote o la intensidad de la vigilancia pueden influir de forma significativa en el patrón observado. Por ello, será necesario complementar estas observaciones con ensayos experimentales controlados que permitan determinar si las características genómicas del aislado detectado se traducen efectivamente en una reducción de la virulencia y en modificaciones de la dinámica de transmisión.

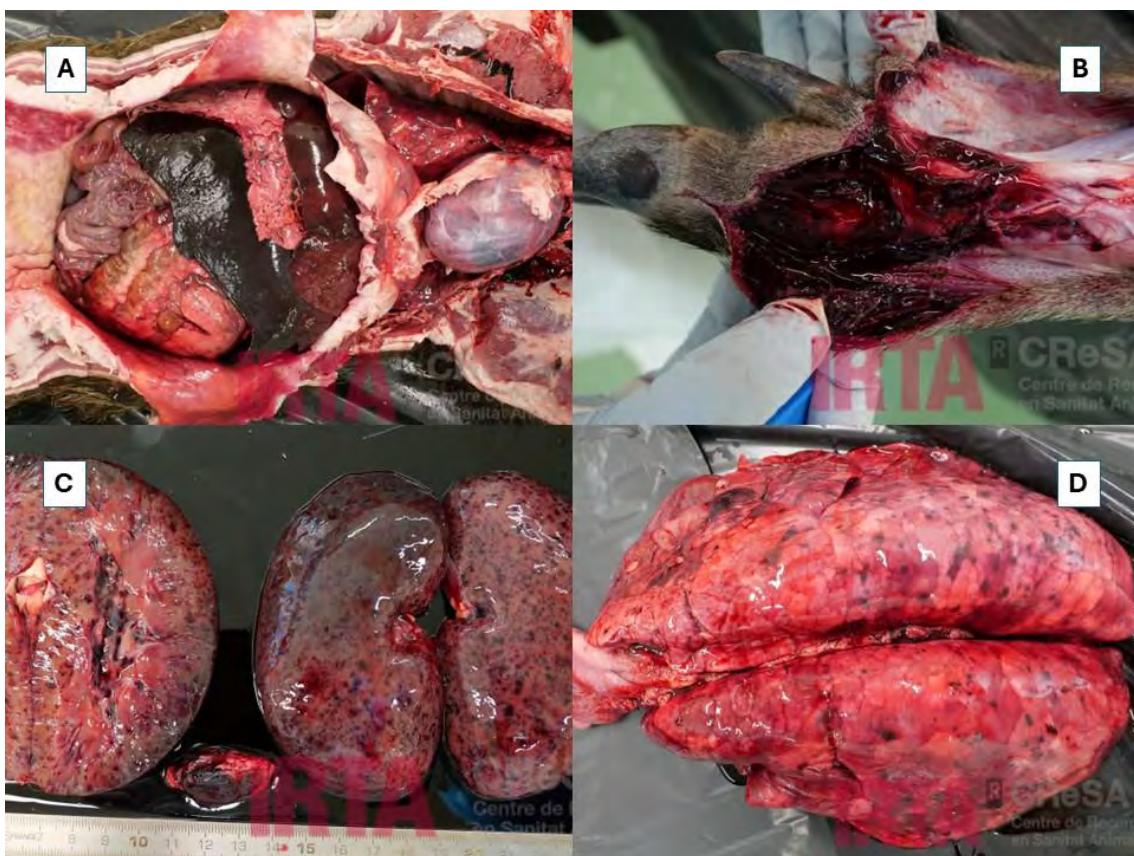


Figura 13. Lesiones de peste porcina africana en jabalíes del brote de Bellaterra (Barcelona). A: Esplenomegalia. B: Hemorragia subcutánea en articulación carpal. C: Petequias en riñón y hemorragia en pelvis renal. D: Pulmón no colapsado con petequias y equimosis. Fotografías cedidas por IRTA-CReSA.

Desde una perspectiva más amplia, la eventual circulación de variantes virales con menor virulencia, aunque debe interpretarse con cautela, supondría un hecho relevante desde el punto de vista epidemiológico, ya que distintos modelos matemáticos (realizados sobre la base de O'Neill y col. 2020) sugieren que un virus menos patogénico tendría mayor capacidad de difusión y mayor riesgo de generar una situación de endemicidad (Figura 14). Esto sería debido, fundamentalmente, a una mayor duración del periodo infeccioso en comparación con los virus más patogénicos con curso sobreagudo. Esto a su vez, siempre según las predicciones de los modelos, sugiere la conveniencia de desplazar el peso de las intervenciones



hacia la eliminación de jabalíes, incluso dentro de la zona “core” y sus aledaños con casos: si el virus es menos letal, conviene reforzar la mortalidad con control poblacional. Cabría esperar, además, una mortalidad de jabalíes más lenta y menos evidente, así como la detección de animales con anticuerpos frente al virus.

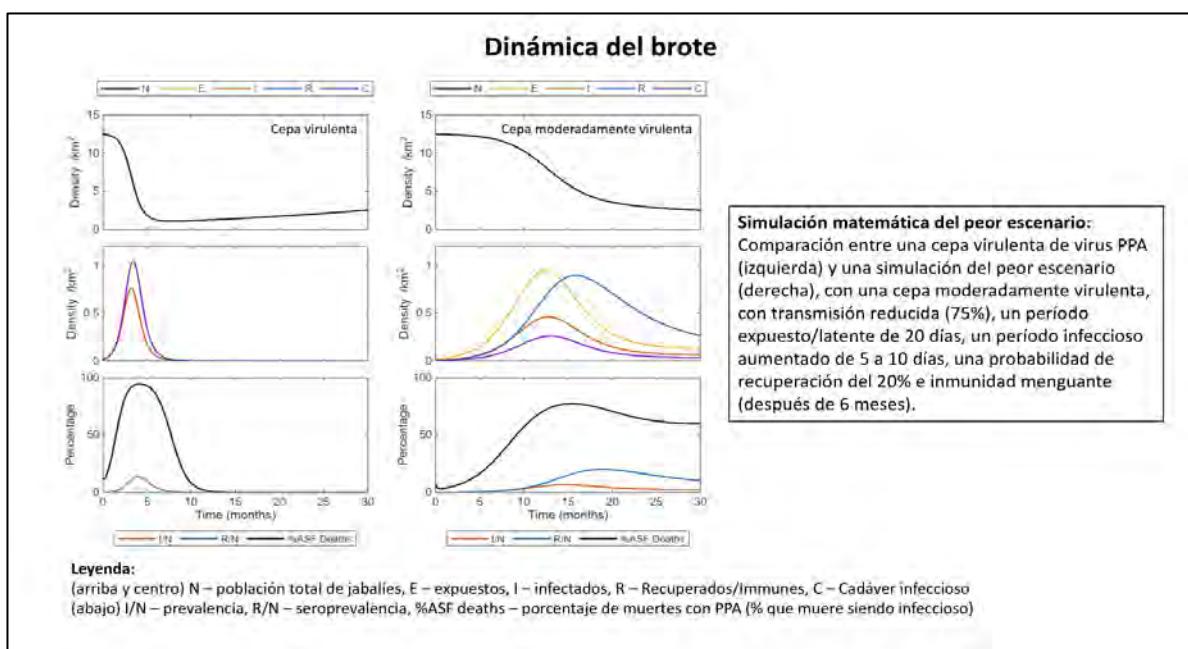


Figura 14. Modelización matemática de una epidemia de peste porcina africana (PPA) en jabalíes. Partiendo de un modelo determinista previamente descrito para descubrir los procesos clave de transmisión y mantenimiento de la infección (O'Neill et al. 2020), se han aplicado parámetros del jabalí periurbano en Barcelona simulando dos casos extremos. El panel izquierdo representa el caso de un virus de la PPA de alta virulencia, y el panel de la derecha, el de un virus PPA moderadamente virulento. Este último daría lugar a un declive más lento del número de jabalíes (arriba), con detección de infectados a lo largo de más tiempo (centro) y una prevalencia máxima menor pero más extendida en el tiempo. Cálculos y gráficos cortesía de Andy White y Ross Walker, Maxwell Institute for Mathematical Sciences and Department of Mathematics, Heriot-Watt University, Edinburgh, UK.

En segundo lugar, el brote ocurre en un entorno periurbano, donde el seguimiento y control de la población de jabalíes se enfrenta a varios retos, principalmente:

1. La elevada densidad poblacional de jabalíes por la abundancia de recursos alimenticios y la falta de presión cinegética,
2. La dificultad para la contención completa por la naturaleza urbana del terreno y la existencia de corredores favorables (rieras),
3. Las limitaciones para el uso de armas de fuego y otros medios de control en zonas urbanas. Además, resulta imposible evitar los movimientos de personas y el uso recreativo de las zonas naturales, lo cual dificulta la implementación de algunas medidas de bioseguridad.

El segundo de los puntos enumerados es particularmente importante; Los jabalíes habituados a ambientes periurbanos pueden cruzar franjas amplias de hábitat desfavorable y utilizan las rieras y zonas verdes como corredores. Dado que las zonas



urbanas no pueden cerrarse completamente al paso de jabalíes sin afectar a la movilidad de personas y vehículos, la contención del foco se ve comprometida.

Dado que se van localizando jabalíes positivos fuera de la zona “core”, aunque todavía dentro del radio de los 6 km, nos encontramos nuevamente ante varios escenarios:

- Escenario A: sería el de la contención de los casos dentro de ese radio. Otros escenarios menos favorables serían los siguientes:
- Escenario B: los casos cruzan la AP7 y alcanzan el parque natural de Collserola, con una población grande pero no extremadamente densa de jabalíes, pero no se expanden más allá de C33 y tampoco cruzan C58 y C16 hacia el noreste, norte y oeste.
- Escenario C: aparecen casos fuera del espacio delimitado por las vías de comunicación C33, C58 y C16. Eso pone en riesgo a poblaciones de jabalí con mayor densidad y con continuidad de hábitat.
- Escenario D: aparecen casos en unidades veterinarias alejadas, a más de 30 km de los actuales. Es lo que ocurrió en Italia, donde hubo 4 introducciones separadas, posiblemente independientes, en poco tiempo. Este tipo de “saltos” a larga distancia se atribuirían a la acción humana y no a la dispersión natural de la infección por jabalíes.
- Escenario E: cualquiera de los escenarios anteriores, si además de casos en jabalíes se detecta PPA en explotaciones porcinas.

5. Medidas a adoptar para su control.

5.1. Descripción de las medidas adoptadas hasta el momento de la finalización del informe.

En brotes de PPA que afectan a jabalíes, las medidas a adoptar están establecidas en los protocolos de actuación europeos, nacionales y autonómicos.

En resumen:

1. Zonificar, mapeando los casos y definiendo los radios correspondientes.
2. Procurar contener los casos dentro de un perímetro que, idealmente, debería estar vallado y con un uso público restringido.
3. Detectar, retirar y destruir (previo diagnóstico) los cadáveres de jabalí para reducir la transmisión.
4. Reducir la población de jabalíes, comenzando por el perímetro de la zona con casos mientras el virus produce mortalidad dentro de dicha zona.
5. Monitorizar todo el proceso.

1) Zonificación

Se han definido dos radios, uno de 6 km alrededor de los focos notificados, que define la Zona de Alto Riesgo (ZAR) y otro de 20 km alrededor de los focos, de Bajo Riesgo (ZBR). Dentro de la ZAR se ha identificado una zona central o “core”



que agrupa la mayor parte de los casos detectados. Esta zona se define por el triángulo formado por las autopistas AP7, C58 y C16. Esta zonificación irá evolucionando en función de la expansión o no del brote.

La delimitación precisa de la ZAR requiere un muestreo intenso en su entorno. Así, la intensificación de la extracción de jabalíes en la ZAR a partir del 8 de enero ha dado lugar a la detección de nuevos focos. En la ZBR, la reanudación parcial y controlada de las actividades cinegéticas a partir del mes de febrero contribuirá igualmente a conocer mejor la situación epidemiológica.

2) Contención

La mayoría de los casos iniciales se concentran en un triángulo delimitado por las autopistas AP7, C58 y C16 (zona “core”). Ese triángulo incluye tanto zonas urbanas y suburbanas como hábitat forestal y, en menor medida, otros hábitats y usos del suelo. Todos los pasos de fauna y pasos elevados que atraviesan las citadas infraestructuras, y que se encuentran en hábitat forestal o periurbano, se han procurado cerrar, primero de forma temporal (presencia de personas, barreras de olor) y, progresivamente, mediante vallados y otros elementos como pastores canadienses y sistemas afines.

En una segunda fase se ha reforzado con vallados la vía férrea que une Tarrasa con Sabadell, situada dos km al norte de la C58, y se han instalado cerramientos a lo largo de los ejes del Llobregat, al oeste, y del Besós, al este.

Los esfuerzos para la contención de la PPA se ven limitados por la naturaleza urbana o suburbana de gran parte de la ZAR. Esto impide establecer barreras físicas permanentes en algunas áreas. Además, las lluvias intensas registradas periódicamente afectan a la eficacia de los cerramientos de los pasos de fauna y de las rieras. Por otra parte, la ZAR recibe anualmente 4-5 millones de visitas/año, lo que implica un riesgo de difusión de la infección por traslado de material contaminado.

3) Detección, retirada y destrucción de cadáveres de jabalí

Para la detección de cadáveres de jabalí se contó, en primer lugar, con personal del Cuerpo de Agentes Rurales (CAR) de Cataluña y de la Unidad Militar de Emergencias (UME), entre otros, que realizaron batidas sistemáticas en cuadrículas de 300 x 300 metros. Esas batidas sistemáticas empezaron en la zona con casos o zona “core” y sus inmediaciones. Las cuadrículas prospectadas se han priorizado con ayuda de modelos de hábitat predictivos.

Progresivamente, se han ido incorporando perros adiestrados para la búsqueda de cadáveres, hasta un máximo de 12. Actualmente se cuenta, de forma estable, con un grupo de 5-6 perros para estas labores de búsqueda. El uso de perros adiestrados ha mejorado sustancialmente la eficacia en la detección de



cadáveres, al tiempo que permite liberar recursos humanos para otras actividades de control del brote. En la periferia de la ZAR, la búsqueda con perros se centra en fondos de barranco y rieras.

4) Reducción de la población de jabalí

Al comienzo del brote, en noviembre de 2025, se prohibió la actividad cinegética en todo el radio de 20 km. Esta prohibición inicial tenía la finalidad de evitar que la caza provocase movimientos de animales potencialmente infectados hacia el exterior de la Zona de Riesgo. Dentro de la ZAR, y especialmente en la zona “core”, era especialmente importante evitar los movimientos de jabalíes. Por ello, en esta zona, y en su periferia, se recurrió al control profesional mediante trampas y otras técnicas silenciosas. Las capturas dentro de la zona “core” y al sur de ésta, se intensificaron a partir del 8 de enero de 2026. A partir del 7 de febrero se retoma la actividad cinegética mediante batidas en los cotos de la parte de la ZBR más alejada de la ZAR, dentro del radio de 20 km. Para ello se han habilitado contenedores, y otros medios, para la toma de muestras y para la recogida de cadáveres. Más tarde se retomarán igualmente las actividades de caza individual, mediante esperas.

5) Monitorización del proceso

La monitorización integrada, incluyendo tanto indicadores epidemiológicos como poblacionales, es imprescindible para juzgar el éxito o fracaso de las medidas implementadas. Los principales indicadores epidemiológicos son la proporción de jabalíes positivos por causa de muerte y su distribución espacial y temporal. Los indicadores poblacionales a pequeña escala (zona “core” y aledaños) incluyen los resultados de los esfuerzos de control y los conteos mediante cámara térmica, desde drones. Los indicadores a mayor escala (ZBR, resto de la provincia) incluyen principalmente los resultados de caza de los terrenos cinegéticos.

En la zona infectada hay un total de 57 explotaciones de porcino, con un censo total de 66.682 cerdos: 4 explotaciones en la ZAR, 53 en la ZBR. De estos 57 establecimientos porcinos, al realizar la visita, se comprobó que 44 tenían animales y 13 se encontraban vacíos.

Las medidas adoptadas en las granjas de la zona infectada han sido las siguientes:

- Vigilancia pasiva reforzada: se realiza vigilancia epidemiológica continua mediante PCR PPA, con el siguiente esquema operativo:
 - Muestreo de bajas: PCR PPA sobre al menos los dos primeros cerdos muertos de > 60 días por unidad epidemiológica, a menudo semanal y/o durante, al menos, las 2 últimas semanas (15 días) previas al movimiento.
 - En ausencia de animales muertos > 60 días: muestreo de animales post destete (según disponibilidad).
 - En todos los movimientos excepcionales autorizados se realiza una valoración clínica con toma de muestras de forma sistemática.



Ante la posible detección de sintomatología compatible con PPA: activación inmediata del procedimiento de sospecha: aviso a los Servicios Veterinarios Oficiales y toma de muestras para PCR PPA. Inmovilización de la explotación hasta descartar la enfermedad, manteniéndose en fase de sospecha.

- Restricción de movimientos de las explotaciones de porcino de la zona infectada (por razones de bienestar animal y con destino a matadero): Posibilidad de salida de los porcinos previa autorización de la AC mínimo 72h antes y examen clínico favorable, en vehículos precintados y utilizando vías principales para el traslado directo de los animales sin paradas.
- Visitas para la comprobación de la aplicación de las medidas reforzadas de bio-contención.
- Muestreo adicional de los lixiviados de los camiones de recogida de cadáveres.
- Recomendación de sacrificio a las explotaciones de autoconsumo y las granjas escuela. Del total de los 8 establecimientos (4 autoconsumos y las 4 granjas escuela), se han sacrificado y dejado vacíos 6 establecimientos, quedando 1 autoconsumo con 3 animales y 1 granja escuela con 1 cerdo vietnamita, confinados, con medidas de bioseguridad adicionales y sin posibilidad de visitas. Los dos establecimientos se ubican en la zona de bajo riesgo.
- Prohibición de la entrada de animales a las explotaciones.

5.2. Posibles medidas a adoptar en función de los diferentes escenarios del apartado 4.2.

Las medidas enumeradas en el apartado 5.1. convendrá adaptarlas, en la medida de lo posible, a las incertidumbres generadas por las diferencias en el virus y por el hábitat periurbano, descritas en el apartado 4.2. Es importante adelantarse al virus, diseñando intervenciones a mayor distancia de los casos conocidos.

Escenario A (Contención en el radio de 6 km)

- 1) Contención:
 - a) Reforzar, revisar y mantener las barreras ya instaladas. Prestar atención especial a las rieras y a los espacios que no pueden vallarse.
 - b) Procurar instalar unas segundas barreras unos cientos de metros más allá de las existentes, de forma que se cree una doble barrera.
 - c) Diseñar posibles nuevas dobles barreras, aún más alejadas, a desplegar en caso de detectarse positivos fuera de la zona. Conviene asumir que habrá escapes, como ocurrió en República Checa y en Bélgica. A esto se puede responder con nuevos vallados completos, de forma dinámica, como se hizo en Bélgica (Licoppe y col. 2023).



- d) Compartir la localización de las barreras y actualizar esa información semanalmente.
- 2) Detección, retirada y destrucción de cadáveres
- a) Los protocolos establecidos cuentan con una alta letalidad del virus. Este puede no ser el caso en el brote de Bellaterra. Por tanto, convendrá adaptar los recursos a tiempos más largos, mortalidades menos explosivas y evidentes y, posiblemente, superficies más amplias.
 - b) Reforzar la detección temprana de PPA en la periferia del brote. Prestar especial atención al norte de la C58 y al oeste de C16.
 - c) Utilizar métodos de muestreo no invasivo basados en ADN ambiental: cuerdas con maíz (Relimpio y col. 2025), esponjas para superficies (Kosowska y col. 2021), y muestras de agua de lugares estratégicos, como ríos o puntos de agregación de jabalíes (Varzandi y col. 2023).
- 3) Control poblacional
- a) En la zona definida por la presencia de casos:
 - i) Monitorizar la población local de jabalíes.
 - ii) Mantener el trampeo.
 - iii) Eliminar animales adicionales con armas de fuego provistas de silenciador empleadas por Agentes Rurales u otros profesionales entrenados autorizados.
 - b) En la periferia:
 - i) Monitorizar la población local de jabalíes.
 - ii) En el entorno inmediato de la zona definida por la presencia de casos, reforzar el trampeo y recurrir igualmente a la caza profesional mediante armas de fuego con silenciador, o métodos afines. Si el esfuerzo requerido por la superficie afectada (entorno de la zona con casos) superase las capacidades de control poblacional profesional, incorporar capacidades de cazadores voluntarios, adecuadamente formados en bioseguridad (esperas, no batidas). Estas actuaciones con voluntarios se centrarían en la franja más alejada de los casos.
 - iii) Diseñar una zona blanca (una franja vacía de jabalíes) amplia y continua, que cumpla las características propuestas por los modelos (Lange y col. 2021) y por los análisis de movimiento de jabalíes europeos (Wielgus y col. 2025), a saber:
 - (1) Mantener una distancia prudencial entre el área positiva de PPA y la zona blanca. Tener en cuenta la velocidad de propagación, la densidad local de jabalíes, y el horizonte temporal de las medidas de despoblación previstas.
 - (2) Establecer una anchura de la zona blanca que evite que las cadenas cortas de infección se salgan de la zona. No menos de 6 km.
 - (3) Eliminar el máximo de población en el menor tiempo posible. Eso puede implicar recurrir tanto a cazadores como a profesionales.



- (4) Considerar la posibilidad de vallar partes estratégicas de la zona blanca.

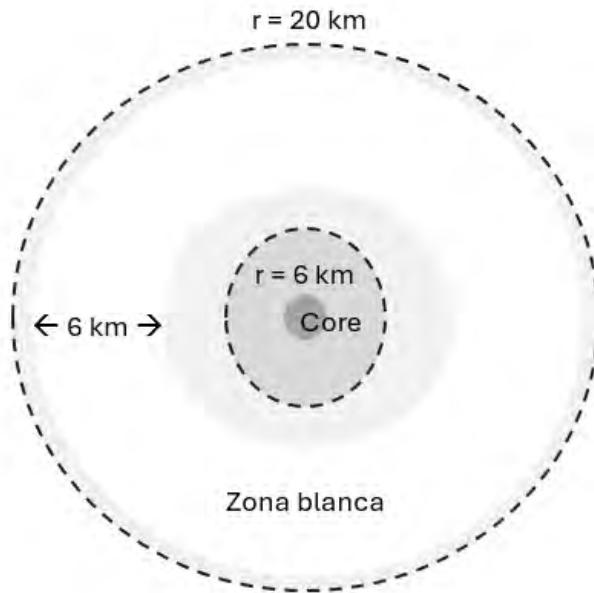


Figura 15. Esquema de una zona blanca libre de jabalíes establecida dentro del radio de 20 km y apartada del radio de 6 km en el que se concentran los positivos, con una anchura de otros 6 km.

En una zona blanca del radio 12 km al radio 18 km (565 km²) habría 5.600 jabalíes antes de partos. La mayor parte del radio de 20 km afectado por las restricciones por PPA se encuentra en la comarca del Vallés Occidental. En todo el citado radio de 20 km en torno a los casos se ha cesado la actividad cinegética desde la detección de los primeros casos en noviembre. Sólo se ha actuado puntualmente mediante trampeo y técnicas silenciosas. En consecuencia, la población de jabalí no habrá experimentado el descenso normal de finales de temporada y se encuentra, además, al comienzo de la principal época de partos.

c) En el resto de la provincia y en el resto del país

Los datos proporcionados por la Generalitat sobre caza en la provincia de Barcelona indican una tendencia suavemente ascendente de los resultados de caza de jabalí a lo largo de la última década (Figura 16), a pesar del cambio de tendencia que se aprecia a partir de la temporada 2021-2022. Entre las temporadas 2015-16 y 2024-25 el número de jabalíes cazados, -un indicador de abundancia relativa-, aumentó en 10 de 12 comarcas. Estos resultados implican que la población de jabalí crece a pesar del esfuerzo de caza habitual, que deberá aumentar significativamente si se pretende revertir la tendencia.

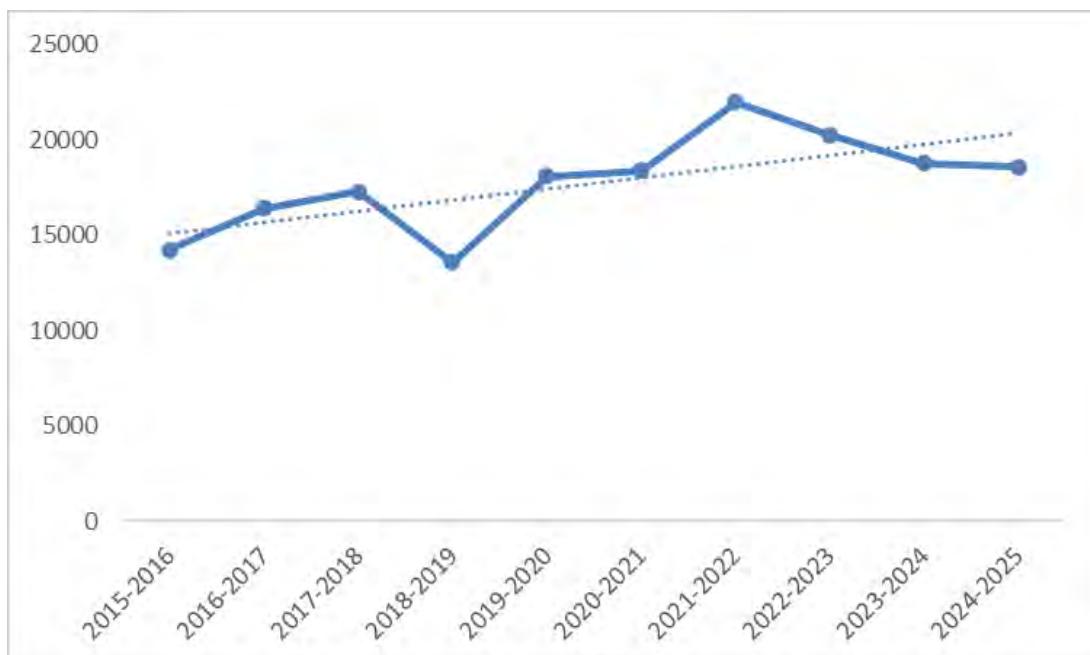


Figura 16. Número de jabalíes cazados por temporada en la provincia de Barcelona entre 2015-16 y 2024-25. La línea punteada indica la tendencia. El incremento medio anual es del 3%.

En estas otras zonas las medidas recomendadas serían las siguientes:

- i) Monitorizar la población de jabalíes.
- ii) Colaborar con las federaciones de caza y demás asociaciones del sector cinegético para lograr una mayor presión de caza sobre el jabalí.
- iii) Paralelamente, explorar oportunidades para actuar a medio y largo plazo sobre los factores que determinan la sobreabundancia de jabalí, mencionados en la introducción y en Gortázar y col. (2026).

Escenario B (Contención entre C33, C58 y C16)

Este escenario es similar al escenario A, ya que el radio de 6 km ya incluía una buena parte del parque natural de Collserola.

Aplican, por tanto, las mismas consideraciones.

Escenario C (Difusión más allá de C33, C58 y C16)

Los datos más recientes (enero 2026), con casos positivos detectados junto a la C58 cerca de Tarrasa al norte, y junto a la C16 en Rubí al oeste, sitúan al escenario C como plausible.

1) Contención:

- a) Mantener las barreras ya instaladas en la zona “core” puesto que contribuyen a compartmentar la zona infectada.



- b) Completar urgentemente un nuevo perímetro vallado a suficiente distancia de la zona “core”, comenzando por ríos y zonas de hábitat favorable. No contemplar las zonas urbanas como impermeables a los movimientos de jabalíes. Procurar, en la medida de lo posible, la instalación de dobles vallados, buscando instalar unas segundas barreras unos cientos de metros más allá de las primeras.
 - c) Diseñar posibles nuevas dobles barreras, aún más alejadas, a desplegar en caso de detectarse positivos fuera de la zona. Prever cambios en la ubicación de los vallados en función de la dinámica del brote. No obstante, asumir que no existen cierres perfectos en grandes espacios y, en consecuencia, valorar la oportunidad de desplazar esfuerzo de la inspección de cierres a la búsqueda de cadáveres y al control poblacional.
 - d) Compartir la localización de las barreras y actualizar esa información semanalmente.
- 2) Detección, retirada y destrucción de cadáveres
- a) Adaptar los recursos a tiempos más largos, mortalidades menos explosivas y evidentes y, posiblemente, superficies más amplias.
 - b) Reforzar la detección temprana de PPA en la periferia del brote, incluyendo la búsqueda activa de cadáveres con ayuda de perros adiestrados, el muestreo de jabalíes objeto de control profesional, el análisis de los jabalíes cazados, y métodos de muestreo ambiental. Prestar especial atención al norte de la C58 y al oeste de la C16.
- 3) Control poblacional
- A medida que la zona con casos se amplía, se reduce la capacidad de control poblacional por parte del CAR y otros profesionales y aumenta, en consecuencia, la necesidad de intensificar las jornadas de trabajo y las actuaciones sobre el terreno y la necesidad de contar con cazadores formados.
- En la zona definida por la presencia de casos:
- a) Monitorizar la población local de jabalíes.
 - b) Utilizar preferentemente técnicas silenciosas como el trampolín y las armas de fuego provistas de silenciador empleadas por Agentes Rurales u otros profesionales entrenados autorizados.
 - c) Cuando sea necesaria la participación de cazadores formados y controlados, utilizar esperas con visor térmico.
- En la periferia:
- a) Monitorizar la población de jabalíes.
 - b) Si el esfuerzo requerido por la superficie afectada superase las capacidades de control poblacional profesional, incorporar capacidades de cazadores voluntarios adecuadamente formados en bioseguridad (esperas y batidas).
 - c) Acelerar la puesta en marcha de una zona blanca como se describe en el apartado anterior. Esta es la medida más importante para el control del brote, y también la que requiere más recursos.



6. Escenarios para una futura evaluación de las repercusiones para el sector porcino.

El objetivo de este apartado es establecer los escenarios para una posible futura estimación del impacto económico previsto del brote durante este año 2026 en el sector porcino, en base a la situación actual, sabiendo la evolución de las primeras 9 semanas, con delimitación en el área de 20 km, y afectando tan solo a jabalíes y no a cerdos domésticos, a sabiendas de que no volveremos a ser país libre de Peste Porcina Africana hasta, al menos, un año después del último positivo declarado oficialmente.

La metodología que hemos llevado a cabo para la realización de dicho estudio económico-financiero ha tenido en consideración el impacto sobre mercado interior y exterior considerando nuestra dependencia de las exportaciones anuales (55% de nuestra producción, con destinos globales 50/50 intracomunitarios y extracomunitarios, Asia mayoritariamente).

La fuente troncal para este análisis es el informe de estrategia de actuación de mercado del Ministerio Agricultura, Pesca y Alimentación, que en el momento de la redacción del informe refleja que:

- Las exportaciones de momento se mantienen, pudiendo verse afectadas en el futuro dependiendo de la evolución.
- Censo de cerdas: se mantienen como en último año.
- Sacrificios de cerdos en mataderos: se mantienen constantes.
- Importaciones animales vivos: bajaron en el primer mes después de la detección y en enero se han recuperado.
- Consumo de carne fresca y curada: se mantiene estable, sin haberse impactado en los precios y sin tener argumentos para pensar en que pueda verse reducida, al no ser considerada una enfermedad zoonótica.
- Producción estimada similar a 2025, con una media de 1.077.000 de cerdos sacrificados semanalmente, actualmente sacrificándose en torno a 120 kilos vivo y sopesando una reducción en el peso al sacrificio (56 millones sacrificados en 2025).

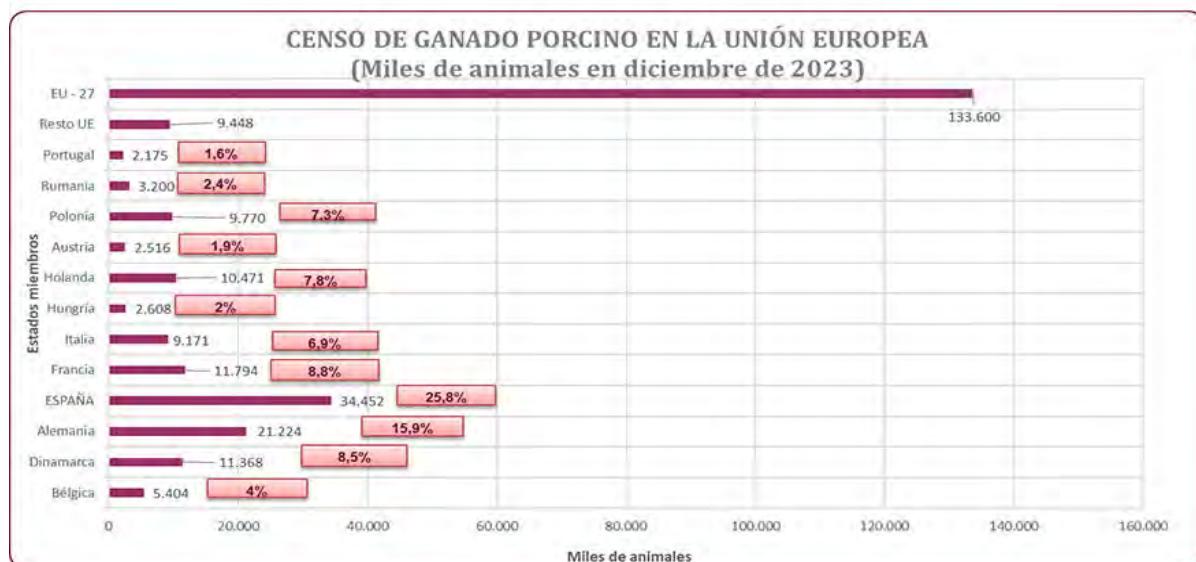


Figura 17. Censo de ganado porcino en la Unión Europea. Fuente: Indicadores económicos sector porcino (MAPA).

Para efectuar el impacto del coste económico por kilo de cerdo producido y cerdo sacrificado para los productores de porcino para este año, partimos del diferencial entre precio de venta y precio de coste de producción (Valor final = ingresos – gastos). No incluimos lucro cesante, en base a precio medio venta de este año y cinco anteriores, por razones lógicas, derivadas de una crisis sanitaria de estas características.

Hay que tener en cuenta que los datos medios del 2025 aún son provisionales, ya que faltan los ajustes derivados del cierre de datos del último trimestre, pero no cabe esperar grandes variaciones que puedan afectar mucho a la magnitud global de los valores obtenidos.

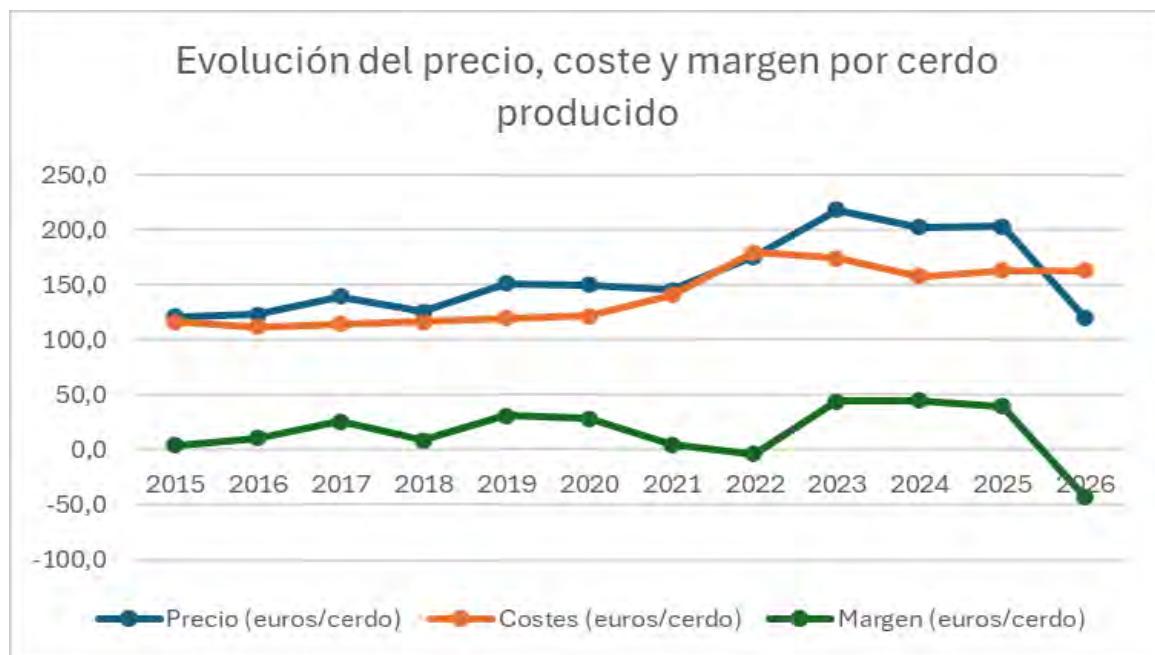


Figura 18. Evolución del precio, coste y margen por cerdo producido. Elaboración propia a partir de información de SIP consultors, BD-Porc y Observatori_Porcí.

Partiendo de una ecuación de costes 2025 donde estamos entre 1,3-1,5 €/kg producido, con un valor medio para 2025 de 1,4 €/kg, siendo el 66% del coste la alimentación (coste variable), seguida del renuevo y personal, con 10-15% cada una, costes energéticos, reproducción y terapéuticos (3-5% cada uno), más gastos administrativos, gestión residuos y otros, partimos de que la principal variable es el coste de los piensos (sobre dos tercios del total), estimando que el resto pueden tener ligeras variaciones, que impactarán levemente en el coste final de producción. Para analizar la evolución de los precios de materias primas piensos en nuestro país durante este año, hemos tomado como principales fuentes de referencia las publicaciones de la Confederación española de fabricantes de piensos compuestos (CESFAC), la Federación Europea de fabricantes de piensos compuestos (FEFAC) y el Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA). En base a dichos organismos de referencia en los mercados de materias primas, sabiendo que contamos actualmente con elevados estocajes de las materias troncales (cereales y soja principalmente), asociado a buenas previsiones de cosechas tanto en Argentina, Brasil y Estados Unidos, como en Ucrania – granero de Europa, se estima que podemos tener unos precios estables durante gran parte del año, sabiendo que las cotizaciones de los piensos de los dos primeros meses de este año bien se ciñen a dicha valoración.

En el apartado de los ingresos procedemos a realizar la estimación del precio de venta de los cerdos durante 2026, para lo que tomamos como referencia la principal fuente de nuestro mercado nacional como es Mercolleida. En unas primeras estimaciones, después del brusco descenso de los precios durante el mes de diciembre, nada más conocerse el brote en la última semana de noviembre de 2025, apuntan a que el precio en 2026 se va a mover en torno a la media de 1 €/kg peso



vivo, con algunas oscilaciones, siempre y cuando no se detecten positivos fuera del área afectada actualmente en jabalíes, y siempre que no haya positivos en cerdos domésticos, en cuyo escenario el impacto económico sería muy superior, que precisaría una profunda reevaluación. En el análisis de costes hemos tenido en cuenta la depreciación de las cerdas de desvieje, considerando que una renovación media anual del 50% supone 1.200.000 cerdas a matadero al año (100.000 mensuales).

Siendo conscientes del gran número de variables biológicas y en los mercados globales que pueden influir en los dos índices troncales de la ecuación de costes, sumado a las incertidumbres sobre la evolución de los brotes, tanto primarios como secundarios, reflejamos estos datos desde la prudencia, basándonos en los datos convergentes a las medias.

No obstante, también queremos poner la atención y reflejar otras variables que nos preocupan en esta crisis sanitaria como impactos económicos indirectos y que deseamos referenciar de forma resumida, como son:

- Impacto sobre el tejido social: personas trabajadoras en el sector porcino estimadas por la Interprofesional del Sector Porcino 2025 (Interporc) y el MAPA, cifradas en unas 400.000 personas, y que pueden verse afectadas hasta en un 20%.
- Impacto sobre fijación de la población en el medio rural y sus repercusiones.
- Impacto negativo sobre la sanidad de las granjas, en base a la necesidad de implementación de medidas adicionales de bioseguridad interna y externa.
- Impacto sobre imagen sectorial y profesional tanto en el consumidor nacional como internacional – países importadores.

7. Escenarios para una futura evaluación de las repercusiones y estrategia para el sector cinegético.

El jabalí es una de las especies cinegéticas más importantes en España, siendo la más numerosa en capturas de caza mayor, con cerca de 500.000 ejemplares abatidos por año y por delante de las capturas de ciervo (*Cervus elaphus*), que superan los 160.000 ejemplares (MITERD, 2025). Al estar presente en casi toda la península ibérica en abundancias medias-altas, el jabalí se ha convertido en protagonista de monterías, ganchos y esperas, siendo una especie cazada frecuentemente por la mayor parte de cazadores, dado que en la actualidad el cazador medio español practica tanto la caza menor como la mayor (Urzay y col. 2025).

Para las modalidades colectivas de caza se requiere la utilización de rehalas o jaurías de perros, que junto a los rehaleros baten las manchas para levantar a los jabalíes de sus encames, existiendo perros de “rastro o sangre”, especializados en localizar piezas de caza mayor heridas, pero no cobradas.

Puede afirmarse que el jabalí se ha convertido en uno de los pilares no sólo de la caza mayor, sino de toda la actividad cinegética por el declive general de las especies



de caza menor (Garrido y col. 2019), que ha causado un cambio en las prácticas cinegéticas, con un auge generalizado de la práctica de la caza mayor.

7.1. Repercusiones iniciales.

Las repercusiones iniciales de la PPA para el sector cinegético de España, integrado por cazadores, rehaleros, gestores y propietarios de terrenos cinegéticos y la industria asociada (entre otros), se pueden englobar en las relacionadas con, 1) la actividad cinegética en la zona infectada y periferia, 2) la normativa en materia cinegética y sanitaria, 3) la participación del sector cinegético en actividades de formación, vigilancia pasiva de la PPA y control de poblaciones de jabalí y, 4) las repercusiones económicas.

Aunque a fecha de redacción (febrero de 2026), no es posible evaluar todas las repercusiones porque la temporada cinegética no finaliza hasta febrero, hemos recopilado la información disponible.

1) Actividad cinegética en la zona infectada y periferia

En aplicación de los protocolos vigentes, la caza no puede practicarse en la zona infectada para evitar la salida de jabalíes (perímetro de 20km). Por las restricciones de acceso y de actividades que afectan a cerca de 90-100 sociedades de caza en la zona infectada, hay dificultades para gestionar las especies de caza menor, con incertidumbre sobre las repercusiones en las especies cinegéticas, su caza y por la pérdida de cazadores en las sociedades afectadas si la situación persiste durante varios meses. Los cazadores citan también el malestar que les transmiten los agricultores y los problemas que siguen existiendo con los jabalíes urbanos (Federación Catalana de Caza, comunicación personal).

El pasado 21 de enero y según información proporcionada por la Federación Catalana de Caza (<https://www.federcat.com/ca>), la Generalitat ha comunicado que se va a comenzar a cazar jabalí en las zonas de bajo riesgo a partir de febrero, dentro del radio de 6-20km de la zona infectada. Además, la Generalitat ha anunciado ayudas económicas para las sociedades de cazadores afectadas.

Según los datos facilitados por la Generalitat sobre la vigilancia epidemiológica en los jabalíes, tanto dentro como fuera de la zona infectada, los métodos mediante los que más jabalíes se capturan son las trampas específicas y transectos para abatir animales con comportamientos anómalos y en las cercanías de zonas urbanas.

2) Normativa en materia cinegética y sanitaria

Con anterioridad a la declaración del brote, 14 CCAA peninsulares y 1 insular (Islas Baleares) contaban con normativa específica para incrementar las capturas de jabalí en contextos de sobreabundancia, aunque la declaración del brote ha motivado modificaciones como, a) la extensión de períodos hábiles y posibilidad de repetir



acciones de caza en los mismos cazaderos (manchas) dentro de la misma temporada de caza, b) la autorización de métodos como los visores nocturnos y térmicos y, c) apoyo a la recogida de los cadáveres y subproductos de jabalí.

Un caso especial es el de las comunidades de Aragón y Comunidad Valenciana, limítrofes con Cataluña, en los que además de las anteriores medidas se han aprobado resoluciones que incluyen ayudas económicas a los cazadores por jabalí abatido (30-40€), poniendo en marcha sistemas de recepción y retirada de los jabalíes abatidos. Por otro lado, varias CCAA han incorporado a su normativa el apoyo a la recogida de SANDACH, ofreciéndolo de forma gratuita como el caso de Extremadura.

No contamos con datos sobre las capturas de jabalí en las distintas CCAA, por lo que el efecto del cambio normativo en las capturas deberá evaluarse una vez terminada la temporada de caza.

3) Participación del sector cinegético en actividades de formación, vigilancia pasiva de la PPA y control de poblaciones de jabalí.

El sector cinegético ha venido participando junto con las administraciones competentes y organismos de investigación en proyectos de preparación ante la llegada de la PPA. De hecho, en 2023 se finalizó un grupo operativo financiado por el MAPA (PREVPA, <https://www.youtube.com/@GOPREVPA>), cuyo objetivo era preparar a los sectores porcino y cinegético frente a la PPA, mediante la transferencia de herramientas innovadoras, mejorando la gestión del jabalí como reservorio, implementando bioseguridad y fortaleciendo la cooperación y el intercambio de información entre todos los actores implicados.

Tras la llegada del brote, la práctica totalidad de organizaciones y entidades del sector cinegético (federaciones de caza, asociaciones de cotos y propietarios, ASICCAZA), han realizado las siguientes acciones;

- a) Comunicación y divulgación de información sobre la PPA, tanto en redes sociales como medios tradicionales, compartiendo la información en formato de infografías y vídeos (<https://www.youtube.com/watch?v=FYw3Wy2xYrQ>). En Cataluña, Aragón y Comunidad Valenciana las federaciones autonómicas de caza han realizado actividades presenciales.
- b) Participación en comités regionales frente a la PPA. El sector cinegético está presente en comités de expertos y técnicos creados específicamente tras el brote (Cataluña, Aragón, Comunidad Valenciana, Castilla y León) o bien en grupos de trabajo ya existentes.
- c) Participación en vigilancia pasiva de la PPA y control de jabalíes.

Hasta que no finalice la temporada cinegética, no es posible valorar la participación del sector en la vigilancia pasiva de la PPA y control de jabalíes.

La información y comunicaciones aportadas por Cataluña, Aragón y Comunidad Valenciana indican una gran preocupación por la posible aparición de más brotes, las



repercusiones negativas en el jabalí y su aprovechamiento cinegético, así como en la necesidad de acometer más cambios normativos para asegurar un control eficiente. En Aragón, que es la comunidad de la que se ha obtenido más información, se destaca la necesidad de simplificar la normativa sobre tenencia responsable de perros de caza, el mantenimiento del uso de munición de plomo y varios aspectos sobre el control de enfermedades, así como aspectos relacionados con la comercialización de canales de jabalí y gestión de subproductos.

4) Repercusiones económicas.

En lo que respecta a la carne de jabalí, cotiza en la Lonja de Ciudad Real, aunque a bajo precio (0.45-0.65€/kg, Lonjas). En las primeras semanas tras el brote no tuvo cotización, lo que implicó que cada industrial decidiera el precio de compra. En esos primeros momentos, varias organizaciones y entidades del sector mostraron su preocupación por que un incremento de capturas no se acompañara de una recogida eficaz de la carne y los SANDACH. Pese a los cambios normativos y el apoyo específico para la caza y recogida de canales y subproductos (Aragón y Comunidad Valenciana), tendremos que esperar al final de la temporada para establecer el posible impacto en la industria de la carne de la caza y en la gestión global del SANDACH procedente de jabalíes.

7.2. Estrategia para el sector cinegético.

7.2.1. Estrategia de control en la zona infectada: estimación de coste económico.

En el apartado 5.2. del presente informe (“Posibles medidas adicionales a adoptar en función de los diferentes escenarios”), se describe la estrategia de control poblacional de jabalí en una “zona blanca” para reducir la probabilidad de expansión del brote fuera de la zona infectada. Esta zona incluye el territorio dentro del radio de 20 km y apartada del radio de 6 km en el que se concentran los positivos, con una anchura de otros 6 km (ver Figura 15).

Teniendo en cuenta la zona blanca, se ha estimado que en la franja de 12 a 18 km de radio (565 km²), existirían unos 5.600 jabalíes antes del período de partos, estableciéndose la necesidad de capturar un total de 6.000 jabalíes en los próximos meses.

A continuación, se realiza una estimación del coste de capturar 6.000 jabalíes, utilizando información existente sobre costes de captura de jabalí a través de, (1) una revisión científica en la materia, (2) la recopilación de información a través de federaciones de caza, gestores y cazadores particulares, junto con (3) información aportada por la Generalitat.

El artículo más completo y que aporta información más relevante es la reflejada en Escobar-González y col. (2024), realizado, precisamente, en la zona en la que se ha



producido el brote. El artículo ofrece estimaciones del coste de jabalí para 5 métodos distintos en la misma zona del brote para el período 2015-2021, habiéndose comprobado algunas estimaciones con los coautores, especialmente la realizada para la estimación de las batidas. Los costes incluyen la gestión de los animales abatidos.

Además, se ha realizado una estimación del coste por jabalí mediante el método de transecto específico, en el que los jabalíes se detectan utilizando un dron y visor térmico, procediendo a su abate posteriormente. Teniendo en cuenta el actual contexto, proponemos que se formen grupos de “controladores”, en los que exista un agente de la autoridad (Agents Rurals, Unidad Militar de Emergencias) y gestores cinegéticos cualificados que asistan este método. De forma conservadora, por jabalí abatido se ha estimado un coste de personal de 100€ (1 hora de trabajo), 70€ para la eliminación de un cadáver (sin eviscerar) y 30€ para costear el uso de material fungible y desplazamiento. A este coste por jabalí, se le sumaría un coste de adquisición de drones (5.500€/unidad) y visores térmicos (3.000€/unidad) para crear 10 equipos de trabajo que estuvieran activos en toda la zona. Este método resulta más efectivo durante la noche y en zonas abiertas, siendo más difícil de implementar en zonas con vegetación boscosa.

Al final de la siguiente tabla, se hace una estimación del coste medio de captura de jabalí teniendo en cuenta todas las modalidades citadas.

Tabla 7. Estimación del coste medio de captura de 6000 jabalíes, teniendo en cuenta los costes por modalidad indicados por Escobar-González y col. (2024) y una estimación del coste mediante transecto específico. (*) Al coste total se le ha sumado el coste de material para los 10 equipos (85.000€). Dada la gran variación entre métodos, el valor medio se ha calculado a través de la mediana.

Método	Coste/jabalí	Coste total (€)
Batidas	1325	7.950.000
Teleanestesia	904	5.424.000
Drop-net	840	5.040.000
Caja-trampa	746	4.476.000
Esperas	377	2.262.000
Transecto específico*	200	1.285.000
Mediana (todas)	793,00	4.758.000
Mediana (sin batidas)	746,00	4.617.000

De forma teórica, la extracción propuesta de 6.000 jabalíes tendría un coste aproximado cercano a los 5 millones de euros.

Teniendo en cuenta el elevado número de canales de jabalí que habría que procesar en un período de tiempo relativamente corto, se hace necesario plantear dos escenarios:

- Un escenario en el que la mayor parte de las canales de jabalíes fueran destruidas, siendo necesario un sistema de recogida en



contenedores repartidos en la zona blanca y su posterior transporte para destrucción, lo cual tiene un coste aproximado de 0.8-1€ por kg. Esta cifra ya está incluida en el coste por modalidad, aunque podría incrementarse en función de la dificultad de recuperación de las canales.

- Un escenario en el que la Generalitat llegara a un acuerdo con la industria de la caza para ceder las canales y de esta forma dar una salida de consumo, siendo necesario habilitar centros de recepción para hacer una evisceración de los jabalíes. Este escenario podría reducir ligeramente los costes estimados y contar con una mejor aceptación social en comparación con el primer escenario.

El estudio de Escobar-González y col. (2024), así como información proporcionada por los cazadores y técnicos, estimó que la media de jabalíes cazados por batida fue de 4-5 jabalíes, siendo la media de captura por evento de captura para las trampas “drop-net” ligeramente superior (5-6 jabalíes), mientras que para el resto de métodos se capturaron un menor número de ejemplares por evento.

Tomando todos los jabalíes capturados (1947, no sólo los incluidos en el modelo), en el período de estudio el porcentaje de extracción fue relativamente equilibrado entre métodos, con un 26% de jabalíes capturados en esperas, 24% mediante teleanestesia, 21.5% mediante batidas, 16% mediante la trampa “drop-net” y el 11.6% mediante cajas-trampa. No obstante, en el actual contexto, sería complicado alcanzar una proporción importante de jabalíes capturados mediante las batidas, dado que las batidas no pueden realizarse en todo el territorio y el coste es muy elevado. Además, realizar un número elevado de batidas podría incluso ser contraproducente al provocar la salida de los jabalíes de la “zona blanca”.

Viendo las cifras de Escobar-González y col. (2024), cada temporada se realizaron en la zona una media de 14 batidas, por lo que incluso en un escenario de mayor presión de caza en los próximos meses (con un número superior de batidas), es posible que el número de jabalíes cazados fuera muy reducido, de apenas un centenar de ejemplares.

Esto nos lleva a la conclusión de que deberían fomentarse los transectos específicos en zonas “abiertas”, mientras que en las zonas más cerradas y entornos urbanos y peri-urbanos, en los que los transectos son menos efectivos, deberían otras alternativas citadas anteriormente.

Por la superficie de la zona blanca (cerca de 60.000 hectáreas), sería muy complicado alcanzar el objetivo de captura contando sólo con la participación de profesionales o sólo de cazadores, de ahí la necesidad de integrar a los cazadores/gestores en la estrategia. De hecho, desde hace tiempo existen permisos para que los cazadores/gestores utilicen visores térmicos, lo cual permite globalmente optimizar costes sin comprometer la eficiencia de esfuerzo realizado.



Tal y como se ha hecho en otros países que se han enfrentado a brotes de PPA, debe de compensarse económicamente a los cazadores por su participación en las labores de control, fomentando la captura de hembras para frenar el reclutamiento de jóvenes en los próximos meses. Por ejemplo, se podría ofrecer una compensación por jabalí adulto macho abatido de 30€ y de 60€ cuando se trata de una hembra adulta.

Por lo tanto y complementando a las recomendaciones del punto 5.2., nuestras recomendaciones son:

- Combinar los distintos métodos de captura de jabalí en función de las posibilidades del territorio, priorizando aquellos métodos mediante los que se obtiene mejores valores de eficiencia.
- Siempre que sea posible, es necesario implicar a gestores cualificados (cazadores con experiencia), por la dificultad de abarcar toda la zona blanca sólo con profesionales. Entendemos que es prioritaria su participación en los transectos específicos, pero también en otros métodos como las esperas y colocación de trampas “drop-net”, siempre en colaboración con el operativo de la Generalitat.
- Promover las compensaciones económicas dirigidas a cotos o cazadores/gestores para facilitar su participación en las tareas de control, introduciendo ayudas directas por jabalí abatido, que premie la captura de hembras.



Figura 19. Resumen de la estrategia de control de jabalí

Es muy importante evitar que las restricciones originadas por el brote puedan afectar negativamente al mantenimiento de la actividad cinegética en la zona, dado que



existe un contexto de pérdida de cazadores, tal y como sucede en España y en la mayor parte de Europa. De ahí la necesidad de que el colectivo de cazadores pueda integrarse en la estrategia de control de jabalíes y en la erradicación de la enfermedad, perpetuándose su labor una vez que se diera por finalizado el mismo a través de la vigilancia pasiva.

7.2.2. Estrategia global para las CCAA.

Dada la incertidumbre por no poder descartar la posible aparición de brotes en los próximos meses, debe de continuarse con las actividades de comunicación para el sector cinegético en toda España, tanto en las CCAA limítrofes con Cataluña como en otros territorios.

En la medida de lo posible y como en Cataluña, se debiera integrar a los cazadores y gestores en las actividades de vigilancia pasiva y control de poblaciones, aunque ciertamente no puede recaer sobre el sector cinegético toda la responsabilidad, debiendo ser uno de los actores involucrados, pero no el único (aunque dada la extensión del territorio, son claves para la gestión de la enfermedad).

Con la finalización de la temporada de caza se podrá evaluar cuáles han sido las repercusiones y establecer prioridades de acción.



8. Recomendaciones

8.1. Secuenciación del virus responsable del brote.

Se recomienda dar continuidad a la caracterización molecular del virus responsable del brote detectado en Cataluña, incluyendo la secuenciación completa de nuevos aislados que puedan identificarse durante la evolución del foco, con el fin de monitorizar posibles cambios genómicos adicionales y refinar la trazabilidad molecular del brote.

De forma paralela, resulta prioritario reforzar la vigilancia genómica del virus de la PPA del genotipo II a escala europea e internacional. La cobertura genética disponible es actualmente heterogénea y presenta lagunas geográficas y temporales relevantes, lo que limita la capacidad para interpretar nuevos brotes y reconstruir rutas de dispersión. En este contexto, se recomienda promover el incremento sistemático de secuencias completas y perfiles multigénicos armonizados en los países con circulación activa del virus, así como el intercambio ágil de datos a través de redes de referencia (EURL-PPA) y bases de datos públicas.

El fortalecimiento de esta infraestructura de vigilancia genómica permitirá contextualizar mejor futuros brotes, discriminar entre introducciones independientes y propagación local, y apoyar la toma de decisiones en situaciones de emergencia sanitaria.

8.2. Ensayos experimentales sobre la virulencia.

Dadas las particularidades genómicas del aislado español (nuevo grupo genético 29 y delección estructural relevante en la región variable izquierda) y las observaciones de campo compatibles con un comportamiento epidemiológico distinto al de cepas altamente virulentas, se recomienda la realización de ensayos experimentales controlados orientados a caracterizar su virulencia, patogenicidad y dinámica de transmisión.

El objetivo principal de estos estudios es generar evidencia que permita apoyar y adaptar los planes de vigilancia, control y erradicación, en particular en lo relativo a la posible circulación de un virus moderadamente virulento asociado a formas subagudas de la enfermedad y a períodos infecciosos prolongados.

En este contexto, resulta especialmente relevante evaluar experimentalmente la supervivencia de animales infectados y su respuesta serológica, con el fin de determinar la probabilidad de aparición de individuos con anticuerpos frente al VPPA. Esta información permitirá fundamentar la incorporación sistemática de la búsqueda de supervivientes mediante serología en jabalíes como complemento a la detección por PCR, optimizando así la vigilancia en escenarios de circulación prolongada en fauna silvestre.



Los resultados de estos ensayos deberán integrarse directamente en la planificación operativa del brote, permitiendo ajustar la intensidad, duración y alcance espacial de la vigilancia, los criterios de búsqueda activa y las estrategias de control del jabalí, con el objetivo de reducir el riesgo de persistencia del virus y de transmisión secundaria a explotaciones porcinas.

8.3. Confinamiento del brote.

Se ha realizado un esfuerzo importante de cerramiento de pasos y colocación de vallados en partes estratégicas de la ZAR. Es deseable mantener estas barreras incluso cuando se detecten casos fuera de las mismas, pues contribuyen a compartmentar la ZAR. Igualmente, conviene diseñar nuevos perímetros vallados a suficiente distancia de los casos conocidos.

Al diseñar un nuevo vallado conviene no contemplar las zonas urbanas como impermeables al paso de jabalíes. Es deseable, en la medida de lo posible, la instalación de dobles vallados, buscando instalar unas segundas barreras unos cientos de metros más allá de las primeras.

Es importante prever cambios en la ubicación de los vallados, en función de la dinámica del brote, realizando previamente la valoración económica de lo que supondría una estrategia de contención basada en un vallado perimetral completo de la zona infectada. No obstante, es importante asumir que no existen cierres totalmente impermeables al paso de jabalíes en grandes espacios.

8.4. Detección, retirada y destrucción de cadáveres.

Los protocolos habitualmente aplicados se diseñaron para cepas de alta virulencia. Dadas las particularidades del brote de Bellaterra, convendrá adaptar los recursos a mortalidades menos explosivas y evidentes y, posiblemente, tiempos más largos y superficies más amplias. Al reforzar la detección temprana de PPA en la periferia del brote convendrá prestar especial atención al norte de la C58 y al oeste de la C16. En el conjunto de la ZBR, estos esfuerzos pueden incluir la búsqueda sistemática de cadáveres, preferentemente con ayuda de perros adiestrados, el muestreo de jabalíes objeto de control profesional, el análisis de los jabalíes cazados, y métodos de muestreo ambiental.

8.5. Control poblacional de jabalíes.

Las medidas de control poblacional se vienen adaptando a la situación epidemiológica. En la zona definida por la presencia de casos se debe continuar monitorizando la población local de jabalíes, y mantener los esfuerzos de trampeo y de control profesional adicional buscando la erradicación local. Además, conviene reforzar el control por medios silenciosos en todo el entorno inmediato de la zona definida por la presencia de casos. Si el esfuerzo requerido por la superficie afectada superase las capacidades de control poblacional profesional, convendría incorporar



capacidades de cazadores voluntarios adecuadamente formados en bioseguridad. Estas actuaciones con voluntarios, mediante esperas, se centrarían en la franja más alejada de los casos.

8.6. Zona blanca.

Resulta acertado implementar una zona blanca (una franja vacía de jabalíes) amplia y continua, ubicada a una distancia prudencial del área con casos de PPA y con una anchura no inferior a 6 km para evitar que las cadenas cortas de infección se salgan de la zona. Conviene tener en cuenta la velocidad de propagación, la densidad local de jabalíes y el horizonte temporal de las medidas de despoblación previstas. Es fundamental eliminar el máximo de población en el menor tiempo posible. Conviene, además, considerar la posibilidad de vallar partes estratégicas de la zona blanca. Esta es la medida más importante para el control del brote, pero también la que requiere más recursos.

8.7. Estrategias con control cinegético.

Combinar distintos métodos de caza en función de las posibilidades del territorio, implicando a los cazadores cuando sea posible, tanto mediante batidas como participando con otros métodos. Facilitar la participación de los cazadores en la realización de esperas y en la colocación de trampas “drop-net”, siempre en colaboración con el operativo de la Generalitat.

Además, puede ser interesante promover las compensaciones económicas para los cotos o los cazadores para facilitar su participación, sin que existan demasiadas trabas burocráticas que puedan ocasionar problemas.

- 8.8. Continuar con las actividades de comunicación para el sector porcino y para el sector cinegético en toda España, tanto para informar como para involucrarles en la erradicación de la enfermedad.**
- 8.9. Incrementar y reforzar la bioseguridad en las granjas de porcino de la zona infectada y, en general, en todo el sector porcino nacional.**



9. Listado de tablas.

Tabla 1. Supervivencia del virus de la PPA en diferentes materias.

Tabla 2. Introducción de la PPA en “saltos” a larga distancia.

Tabla 3. Subgrupos genéticos del genotipo II del VPPA definidos mediante el enfoque multigénico: perfil genético, distribución geográfica y frecuencia en Europa.

Tabla 4. Cobertura genética disponible para la trazabilidad molecular del VPPA del genotipo II en Europa y países vecinos (situación epidemiológica y datos del EURL-PPA).

Tabla 5. Cambios genómicos en regiones codificantes relevantes para la trazabilidad genética del virus español.

Tabla 6. Genomas del VPPA con mayor homología con el virus español.

Tabla 7. Estimación del coste medio de captura de 6000 jabalíes, teniendo en cuenta los costes por modalidad indicados por Escobar-González y col. (2024).



10. Listado de figuras: mapas y gráficos.

- Figura 1:** Países en los que se ha notificado la presencia del genotipo II del virus de la PPA fuera de África desde su emergencia en Georgia en 2007.
- Figura 2.** Número de explotaciones de ganado porcino por capacidad productiva en España: Evolución 2015/2025.
- Figura 3.** Censo ganado porcino en España (número total de animales).
- Figura 4:** Evolución de sacrificios de ganado porcino 200-2025.
- Figura 5.** Distribución global de los genotipos del virus de la peste porcina africana, destacando el genotipo 2 y su presencia en España.
- Figura 6.** Distribución geográfica de los subgrupos genéticos del VPPA del genotipo II en Europa, destacando el grupo genético 29 detectado en España.
- Figura 7.** Mapa de categorización de la cobertura genética del VPPA del genotipo II en Europa.
- Figura 8.** Esquema conceptual de los niveles de resolución genética aplicados a la investigación del origen y la dispersión del virus de la peste porcina africana.
- Figura 9.** Delección de gran tamaño localizada en la región variable izquierda del genoma del virus español.
- Figura 10:** Localización de los 23 focos de jabalíes silvestres y de los jabalíes negativos (hallados muertos y capturados) detectados en Cataluña.
- Figura 11:** Evolución cronológica de los positivos a PPA.
- Figura 12:** Distribución geográfica y cronológica de los positivos.
- Figura 13.** Lesiones de peste porcina africana en jabalíes del brote de Bellaterra (Barcelona).
- Figura 14-** Modelización matemática de una epidemia de peste porcina africana (PPA) en jabalíes.
- Figura 15.** Esquema de una zona blanca libre de jabalíes establecida dentro del radio de 20 km y apartada del radio de 6 km en el que se concentran los positivos, con una anchura de otros 6 km.
- Figura 16.** Número de jabalíes cazados por temporada en la provincia de Barcelona entre 2015-16 y 2024-25. La línea punteada indica la tendencia. El incremento medio anual es del 3%.
- Figura 17.** Censo de ganado porcino en la Unión Europea. Fuente: Indicadores económicos sector porcino (MAPA).
- Figura 18.** Evolución del precio, coste y margen por cerdo producido.
- Figura 19.** Resumen de la estrategia de control del jabalí.



11. Referencias y bibliografía.

- Achenbach JE, Gallardo C, Nieto-Pelegrín E, Rivera-Arroyo B, Degefa-Negi T, Arias M, Jenberie S, Mulisa DD, Gizaw D, Gelaye E, Chibssa TR, Belaye A, Loitsch A, Forsa M, Yami M, Diallo A, Soler A, Lamien CE, Sánchez-Vizcaíno JM. Identification of a New Genotype of African Swine Fever Virus in Domestic Pigs from Ethiopia. *Transbound Emerg Dis.* 2017 Oct;64(5):1393-1404. doi: 10.1111/tbed.12511. Epub 2016 May 22. PMID: 27211823.
- Aguilar-Vega C, Sánchez-Vizcaíno JM, Bosch J (2024) Identifying sites where wild boars can consume anthropogenic food waste with implications for African swine fever. *PLoS ONE* 19(8): e0308502. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0308502>.
- Ambagala A, Goonewardene K, Lamboo L, Goolia M, Erdelyan C, Fisher M, Handel K, Lung O, Blome S, King J, Forth JH, Calvelage S, Spinard E, Gladue DP, Masembe C, Adedeji AJ, Olubade T, Maurice NA, Ularamu HG, Luka PD. Characterization of a Novel African Swine Fever Virus p72 Genotype II from Nigeria. *Viruses.* 2023 Apr 2;15(4):915. doi: 10.3390/v15040915. PMID: 37112895; PMCID: PMC10146018.
- Anuario Estadístico FAO 2023, [STATISTICAL YEARBOOK WORLD FOOD AND AGRICULTURE 2023](#).
- Anuario de Estadística Forestal 2023. MITERD (2025) Madrid, España. [Anuario de Estadística Forestal 2023 - Ministerio para la Transición Ecológica y el Reto Demográfico](#).
- Arias M. and Sanchez-Vizcaino JM. [African swine fever Eradication: The Spanish model](#). 133-139. Trends in Emerging Viral Infections of Swine. Ed. 1. Iowa State University Press. ISBN: 0-8138-0383-7. 2002. (inBook)
- Arias, M., and J. M. Sa'nchez-Vizcaíno, 2002b: African swine fever. In: Morilla, A., K. Jin, and J. Zimmerman (eds), Trends in Emerging Viral Infections of Swine, 1st edn, pp.119–124. Iowa State University Press, Iowa, United States of America.
- Costard S, Wieland B, de Glanville W, Jori F, Rowlands R, Vosloo W, Roger F, Pfeiffer DU, Dixon LK. African swine fever: how can global spread be prevented? *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci.* 2009 Sep 27;364(1530):2683-96. Doi.
- Davies K, Goatley LC, Guinat C, Netherton CL, Gubbins S, Dixon LK, Reis AL. Survival of African Swine Fever Virus in Excretions from Pigs Experimentally Infected with the Georgia 2007/1 Isolate. *Transbound Emerg Dis.* 2017 Apr;64(2):425-431. doi: 10.1111/tbed.12381. Epub 2015 Jun 24. PMID: 26104842; PMCID: PMC5347838.
- De Carvalho Ferreira HC, Backer JA, Weesendorp E, Klinkenberg D, Stegeman JA, Loeffen WL. 2013. Transmission rate of African swine fever virus under experimental conditions. *Vet Microbiol.* 2013 Aug 30;165(3-4):296-304. doi: 10.1016/j.vetmic.2013.03.026. Epub 2013 Apr 17. PMID: 23664069.
- De la Torre, A.; Bosch, J.; Sánchez-Vizcaíno, J.M.; Ito, S.; Muñoz, C.; Iglesias, I.; Martínez-Avilés, M. African Swine Fever Survey in a European Context. *Pathogens* 2022, 11, 137. <https://doi.org/10.3390/pathogens11020137>.



- El sector de la carne de porcino en cifras. Principales indicadores económicos. 2024. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. [indicadores--sector-de-la-carne-de-cerdo-en-cifras-2024.pdf](#).
- Escobar-González, M., López-Martín, J. M., Mentaberre, G., Valldeperes, M., Estruch, J., Tampach, S., ... & López-Olvera, J. R. (2024). Evaluating hunting and capture methods for urban wild boar population management. *Science of the Total Environment*, 940, 173463.
- Gallardo C, C.N., Nieto R, Soler A, Simón A, Pérez C, Gómez C, Arias M. . African swine fever: leveraging molecular and biological virus knowledge to enhance diagnostics and control. . in In: Abstracts of the Global African Swine Fever Research Alliance (GARA) Scientific Meeting. 2025. Rome, Italy
- Gallardo C., Nurmoja I., Soler A., Delicado V., Simón A., Martin E., Perez C., Nieto R., Arias M. Evolution in Europe of African swine fever genotype II viruses from highly to moderately virulent. *Vet Microbiol.* 2018 Jun;219:70-79. doi: 10.1016/j.vetmic.2018.04.001. Epub 2018 Apr 7. PMID: 29778207.
- Gallardo C, Casado N, Soler A, Djadjovski I, Krivko L, Madueño E, Nieto R, Perez C, Simon A, Ivanova E, Donescu D, Milicevik V, Chondrokouki E, Nurmoja I, Frant M, Feliziani F, Václavek P, Pileviciene S, Marisa A. A multi gene-approach genotyping method identifies 24 genetic clusters within the genotype II-European African swine fever viruses circulating from 2007 to 2022. *Front Vet Sci.* 2023 Jan 25;10:1112850. doi: 10.3389/fvets.2023.1112850. PMID: 36761884; PMCID: PMC9905734.
- Gallardo C, Soler A, Nurmoja I, Cano-Gómez C, Cvetkova S, Frant M, Woźniakowski G, Simón A, Pérez C, Nieto R, Arias M. Dynamics of African swine fever virus (ASFV) infection in domestic pigs infected with virulent, moderate virulent and attenuated genotype II ASFV European isolates. *Transbound Emerg Dis.* 2021 Sep;68(5):2826-2841. doi: 10.1111/tbed.14222. Epub 2021 Jul 17. PMID: 34273247.
- Gallardo C, Soler A, Rodze I, Nieto R, Cano-Gómez C, Fernandez-Pinero J, Arias M. Attenuated and non-haemadsorbing (non-HAD) genotype II African swine fever virus (ASFV) isolated in Europe, Latvia 2017. *Transbound Emerg Dis.* 2019 May;66(3):1399-1404. doi: 10.1111/tbed.13132. Epub 2019 Feb 18. PMID: 30667598.
- Gallardo C, Fernández-Pinero J, Pelayo V, Gazaev I, Markowska-Daniel I, Pridotkas G, Nieto R, Fernández-Pacheco P, Bokhan S, Nevolko O, Drozhzhe Z, Pérez C, Soler A, Kolvasov D, Arias M. Genetic variation among African swine fever genotype II viruses, eastern and central Europe. *Emerg Infect Dis.* 2014 Sep;20(9):1544-7. doi: 10.3201/eid2009.140554. PMID: 25148518; PMCID: PMC4178389.
- Garrido, J. L., Gortázar, C., & Ferreres, J. (2019). *Las especies cinegéticas españolas en el siglo XXI*. Independently published.
- Gaspar M, Acevedo P, Arrondo E, García-Martínez I, Herrero J, Pascual-Rico R, Sánchez Zapata J A, Anadón J D. Th demographic collapse of hunting in the Iberian Peninsula. British Ecological Society, 2025. Doi 10.1002/pan3.10770.



- Giammarioli M, Torresi C, Biccheri R, Cammà C, Marcacci M, Dondo A, Razzuoli E, Fusco G, Casalino F, Scicluna MT, Dei Giudici S, Martin AMM, Rossi E, Casciari C, Pela M, Iscaro C, Gallardo C, Marocco G, Orrico M, Feliziani F. Genetic Characterization of African Swine Fever Italian Clusters in the 2022-2023 Epidemic Wave by a Multi-Gene Approach. *Viruses*. 2024 Jul 24;16(8):1185. doi: 10.3390/v16081185. PMID: 39205159; PMCID: PMC11360507.
- Gortázar G, Relimpio D, Urbani N, López Olvera J. 2026 preprint. Wild boar population control needs more than recreational hunting. <https://ecoenvorxiv.org/repository/view/11392/>
- Guinat C, Gogin A, Blome S, Keil G, Pollin R, Pfeiffer DU, Dixon L. Transmission routes of African swine fever virus to domestic pigs: current knowledge and future research directions. *Vet Rec*. 2016 Mar 12;178(11):262-7. doi: 10.1136/vr.103593. PMID: 26966305; PMCID: PMC4819659.
- Huang R, Luo R, Lan J, Lu Z, Qiu HJ, Wang T, Sun Y. The Multigene Family Genes-Encoded Proteins of African Swine Fever Virus: Roles in Evolution, Cell Tropism, Immune Evasion, and Pathogenesis. *Viruses*. 2025 Jun 19;17(6):865. doi: 10.3390/v17060865. PMID: 40573456; PMCID: PMC12197721.
- Kowalenko J, Sidorow M and Burba L, 1965. African swine fever and control measures. *Int Zeitschr Landwirtschaft Deutsche*, 1, 47–52.
- Kosowska A, Barasona JA, Barroso-Arévalo S, Rivera B, Domínguez L, Sánchez-Vizcaíno JM. A new method for sampling African swine fever virus genome and its inactivation in environmental samples. 2021. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-00552-8>
- Lange M, Reichold A, Thulke H. Modelling wild boar management for controlling the spread of ASF in the áreas called White zones (zones blanche). 2021. <https://doi.org/10.2903/sp.efsa.2021.EN-6573>.
- Li X, Tian K. African swine fever in China. *Vet Rec*. 2018 Sep 8;183(9):300-301. doi: 10.1136/vr.k3774. PMID: 30194128.
- Li ZB, Wang BB, Gao YY, Xian YH, Feng HS, Jin H, Li HY, Yang SY, Sang CJ, Cao YD, Tang Y, Cui YX, Ding ZQ, He H, Gao FS. Current state of knowledge about African swine fever: a review. *Anim Health Res Rev*. 2025 Dec 10;26:e4. doi: 10.1017/S1466252325100054. PMID: 41367051.
- Licoppe A, De Waele V, Malengreux C, Paternostre J, Van Goethem A, Desmercht D, Herman M, Linden A. Management of a Focal INtroduction of ASF virus in wild boar: The Belgian experience. *Pathogens* 2023, 12(2), 152; <https://doi.org/10.3390/pathogens12020152>
- Livestock and poultry: World Markets and trade. USDA. [livestock_poultry.pdf](#)
- Lyra TMP (2006) The eradication of African swine fever in Brazil, 1978–1984. *Rev Sci Tech Off Int Epizoot* 25: 93–103.
- McKercher PD, Yedloutshnig RJ, Callis JJ, Murphy R, Panina GF, Civardi A, Bugnetti M, Foni E, Laddomada A, Scarano C. and Scatozza F, 1987. Survival of viruses in 'Prosciutto di Parma' (Parma ham). *Journal of the Canadian Institute of Food Science Technology*, 20, 267–272.
- Mebus CA, House C, Ruiz Gonzalvo F, Pined JM, Tapiador J, Pire JJ, Bergada J, Yedloutschnig RJ, Sahu S, Becerra V and Sánchez-Vizcaíno JM, 1993. Survival



of Foot-and-mouth disease, African swine fever, and Hog cholera viruses in Spanish Serrano cured hams and Iberian cured hams, shoulders and loins. *Food Microbiology*, 10, 133–143.

- Nurmoja I, Petrov A, Breidenstein C, Zani L, Forth JH, Beer M, Kristian M, Viltrop A, Blome S. Biological characterization of African swine fever virus genotype II strains from north-eastern Estonia in European wild boar. *Transbound Emerg Dis.* 2017 Dec;64(6):2034-2041. doi: 10.1111/tbed.12614. Epub 2017 Jan 24. PMID: 28116841.
- OECD-FAO Agricultura Outlook 2025-2034. [OECD-FAO Agricultural Outlook 2025-2034 | OECD](#).
- Olesen AS, Lohse L, Accensi F, Goldswain H, Belsham GJ, Bøtner A, Netherton CL, Dixon LK, Portugal R. Inefficient Transmission of African Swine Fever Virus to Sentinel Pigs from an Environment Contaminated by ASFV-Infected Pigs under Experimental Conditions. *Transbound Emerg Dis.* 2024 Jan 18;2024:8863641. doi: 10.1155/2024/8863641. PMID: 40303177; PMCID: PMC12017190.
- Olesen AS, Belsham GJ, Bruun Rasmussen T, Lohse L, Bødker R, Halasa T, Boklund A, Bøtner A. Potential routes for indirect transmission of African swine fever virus into domestic pig herds. *Transbound Emerg Dis.* 2020 Jul;67(4):1472-1484. doi: 10.1111/tbed.13538. Epub 2020 Mar 23. PMID: 32150785.
- O'Neill X, White A, Ruiz-Fons F, Gortázar C. Modelling the transmission and persistence of African swine fever in wild boar in contrasting European scenarios. *Sci Rep.* 2020 Apr 3;10(1):5895. doi: 10.1038/s41598-020-62736-y. PMID: 32246098; PMCID: PMC7125206.
- Quembo CJ, Jori F, Vosloo W, Heath L. Genetic characterization of African swine fever virus isolates from soft ticks at the wildlife/domestic interface in Mozambique and identification of a novel genotype. *Transbound Emerg Dis.* 2018 Apr;65(2):420-431. doi: 10.1111/tbed.12700. Epub 2017 Sep 17. PMID: 28921895; PMCID: PMC5873395.
- Relimpio D, Kosowska A, Barroso-Arévalo S, De Antonio-Gómez D, Gortázar C, Barasona JA. Oral fluid collection in wild boar: A field protocol. 2005. <https://doi.org/10.1016/j.tvjl.2025.106362>.
- Rowlands RJ, Michaud V, Heath L, Hutchings G, Oura C, Vosloo W, Dwarka R, Onashvili T, Albina E, Dixon LK. African swine fever virus isolate, Georgia, 2007. *Emerg Infect Dis.* 2008 Dec;14(12):1870-4. doi: 10.3201/eid1412.080591. PMID: 19046509; PMCID: PMC2634662.
- Ruedas-Torres I, Thi To Nga B, Salguero FJ. Pathogenicity and virulence of African swine fever virus. *Virulence.* 2024 Dec;15(1):2375550. doi: 10.1080/21505594.2024.2375550. Epub 2024 Jul 7. PMID: 38973077; PMCID: PMC11232652.
- Sánchez-Vizcaíno JM, Martínez-López B, Martínez-Avilés M, Martins C, Boinas F, Vial L, Michaud V, Jori F, Etter E, Albina E and Roger F, 2009. Scientific report submitted to EFSA on African Swine Fever. 1–141.
- Sehl J, Pikalo J, Schäfer A, Franzke K, Pannhorst K, Elnagar A, Blohm U, Blome S, Breithaupt A. Comparative Pathology of Domestic Pigs and Wild Boar Infected with the Moderately Virulent African Swine Fever Virus Strain "Estonia 2014".



- Pathogens. 2020 Aug 16;9(8):662. doi: 10.3390/pathogens9080662. PMID: 32824331; PMCID: PMC7459997.
- Simeon-Negrin RE, Frias-Lepourea MT (2002) Eradication of African Swine Fever in Cuba (1971 and 1980). In: Morilla A, Yoon KJ, Zimmerman JJ, editors. Trends in Emerging Viral Infections of Swine. Ames: Iowa State Press. 125–131.
 - Torresi C, Biccheri R, Cammà C, Gallardo C, Marcacci M, Zoppi S, Secondini B, Riverso C, Soler A, Casciari C, Pela M, Rossi E, Pellegrini C, Iscaro C, Feliziani F, Giammarioli M. Genome-Wide Approach Identifies Natural Large-Fragment Deletion in ASFV Strains Circulating in Italy During 2023. Pathogens. 2025 Jan 10;14(1):51. doi: 10.3390/pathogens14010051. PMID: 39861012; PMCID: PMC11769418.
 - Urzay, M., Albisu, J., Villanueva, L.F., Castillo, R. y Sánchez-García, C. (2025). Estudio del impacto social, económico y ambiental de la actividad cinegética en España en el año 2023. Fundación Artemisan y Consultora independiente, Ciudad Real, España.
 - Varzandi A, Zanet S, Barroso Seano P, Occhibove F, Vada R, Benatti F, Palencia Mayordomo P, Ferroglio E. Detection of African swine fever virus and wild boar eDNA in soil and turbid water samples: towards environmental surveillance. 2023. <https://link.springer.com/article/10.1007/s10344-023-01758-z>.
 - Wielgus E y col. 2025. <https://doi.org/10.64898/2025.12.12.693251>.
 - Zani L, Forth JH, Forth L, Nurmoja I, Leidenberger S, Henke J, Carlson J, Breidenstein C, Viltrop A, Höper D, Sauter-Louis C, Beer M, Blome S. Deletion at the 5'-end of Estonian ASFV strains associated with an attenuated phenotype. Sci Rep. 2018 Apr 25;8(1):6510. doi: 10.1038/s41598-018-24740-1. PMID: 29695831; PMCID: PMC5916933.