

Reemergencia de la peste porcina africana en España (2025-2026): implicaciones epidemiológicas y actuaciones de control

Jose A. Barasona^{1,2*}, Marta Díaz-Frutos^{1,2}, Mónica Sánchez-Segovia^{1,2}, Aleksandra Kosowska³, Joana Colomer^{4,5}, Kevin Morelle⁴, Carme Rosell^{4,5}

¹ Departamento de Sanidad Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid. 28040 Madrid. España

² Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria VISA-VET. Universidad Complutense de Madrid. 28040 Madrid. España

³ Grupo SaBio, Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (CSIC/UCLM), Ciudad Real. España

⁴ MINUARTIA, Wildlife Consultancy, 08011 Barcelona, España

⁵. Departamento de Biología Evolutiva, Ecología y Ciencias Ambientales. Universitat de Barcelona. 08007 Barcelona. España

*Correspondencia: José Ángel Barasona (jbarason@ucm.es)

Resumen (max 200 palabras)

La peste porcina africana (PPA) es una enfermedad hemorrágica altamente contagiosa que afecta exclusivamente a suidos, carece de vacuna autorizada en la Unión Europea y constituye la principal amenaza sanitaria para el sector porcino global. Desde la introducción del genotipo II en Georgia en 2007, el virus de la PPA ha experimentado una expansión transcontinental sostenida que ha afectado a Europa, Asia y otras regiones. España, declarada libre en 1995 tras la erradicación del genotipo I, afronta en la actualidad una nueva incursión en un contexto de elevada densidad de jabalíes periurbanos y de una industria porcina altamente intensificada y dependiente de la exportación. El 28 de noviembre de 2025 se confirmó la reintroducción del virus tras 31 años de ausencia, detectándose jabalíes infectados en la provincia de Barcelona. El brote corresponde a una variante del genotipo II con rasgos distintivos (Subgrupo 29). Este trabajo, presentado en la Real Academia de Doctores de España, analiza las implicaciones epidemiológicas de la posible circulación de una cepa de curso subagudo con elevada letalidad, evalúa los escenarios de difusión y describe las medidas de control implementadas, incluyendo zonificación, barreras frente al movimiento de jabalíes, búsqueda y extracción de carcasas, capturas de jabalíes y refuerzo de la bioseguridad en el sector porcino, pilar de la economía agraria española.

Palabras clave: peste porcina africana, genotipo II, reemergencia epidemiológica, jabalí (*Sus scrofa*), bioseguridad porcina, dispersión espacial, control sanitario

La PPA como desafío global y nacional

La peste porcina africana (PPA) es una enfermedad vírica hemorrágica de declaración obligatoria que afecta exclusivamente a suidos domésticos y silvestres y que se caracteriza por elevadas tasas de letalidad y un profundo impacto socioeconómico (Sanchez-Cordon et al., 2018). A pesar de décadas de investigación, no existe actualmente una vacuna comercial autorizada en la Unión Europea, lo que limita las herramientas disponibles para su control y erradicación (Penrith et al., 2020; Dixon et al., 2019; Ceruti et al., 2025).

La epidemiología global de la PPA cambió de forma decisiva tras la introducción del genotipo II en Georgia en 2007, evento que marcó el inicio de la actual panzootia euroasiática (Gallardo et al., 2015). Desde entonces, el virus se ha expandido progresivamente por Europa oriental y central, con el jabalí como principal hospedador implicado en la expansión y persistencia ambiental del patógeno y responsable de más del 70 % de los casos notificados en la Unión Europea (EFSA, 2018). Posteriormente, el salto a Asia en 2018 evidenció la extraordinaria capacidad de dispersión transcontinental del virus y su impacto sobre los sistemas productivos intensivos (Ito et al., 2022).

España constituye un caso epidemiológico singular. Tras más de tres décadas de lucha contra el genotipo I, el país obtuvo el estatus de libre de PPA en 1995, sustentado en un modelo de erradicación basado en sacrificio sanitario, control de movimientos y refuerzo de la bioseguridad (Jurado et al., 2018). Sin embargo, el contexto epidemiológico actual difiere sustancialmente del escenario histórico. La expansión demográfica del jabalí en la Península Ibérica, junto con la creciente interfaz fauna-medio urbano y la elevada densidad de explotaciones porcinas tecnificadas, configura un sistema epidemiológico potencialmente más vulnerable a la introducción y persistencia del virus (EFSA, 2018; Jurado et al., 2018).

En este marco, la reemergencia del vPPA en 2025 representa no solo un evento sanitario puntual, sino un riesgo sistémico para el modelo productivo porcino español y para la estabilidad del comercio internacional de productos porcinos.

El sector porcino español: magnitud económica y riesgo sistémico

El sector porcino constituye el principal pilar de la ganadería española y uno de los componentes más estratégicos del sistema agroalimentario nacional. España se mantiene como primer productor de porcino de la Unión Europea y uno de los líderes mundiales, con una producción anual cercana a 5 millones de toneladas de carne de cerdo, lo que consolida su posición estructural en los mercados internacionales (AHDB, 2025).

El censo porcino español supera los 34 millones de animales, concentrando aproximadamente una cuarta parte de la cabaña porcina de la UE, y sustentando decenas de miles de explotaciones distribuidas principalmente en sistemas intensivos tecnificados (MAPA, 2024; Eurostat, 2023). Este peso productivo se traduce en una elevada

dependencia del comercio exterior: en 2024 se exportaron alrededor de 2,7 millones de toneladas de productos porcinos por un valor próximo a 8.8 mil millones de euros, representando el 85 % de las exportaciones cárnicas españolas (INTERPORC/MAPA, 2024).

La elevada orientación exportadora del sector porcino —con una fuerte dependencia de mercados estratégicos como China, Japón y Corea del sur— convierte al sector en altamente vulnerable ante crisis sanitarias. De hecho, episodios recientes de PPA en Europa han provocado suspensiones parciales de certificados y restricciones comerciales, evidenciando el impacto inmediato que un brote puede tener sobre la cadena de valor (Reuters, 2025).

Dinámica poblacional del jabalí en la Península Ibérica

El jabalí constituye el principal reservorio silvestre del virus de la PPA en Europa y el elemento clave para su persistencia ambiental y expansión geográfica. La evidencia acumulada demuestra que la abundancia y conectividad de las poblaciones de *Sus scrofa* condicionan de forma determinante la epidemiología del virus en el interfaz fauna doméstica-silvestre (Cadenas-Fernández et al., 2019).

En España, la especie ha experimentado una expansión demográfica y espacial muy marcada durante las últimas décadas, colonizando áreas donde anteriormente era escasa o inexistente. Estudios recientes muestran que las poblaciones continúan creciendo especialmente en zonas de reciente colonización y entornos periurbanos, lo que incrementa el riesgo epidemiológico y la frecuencia de interacción con el ser humano y el ganado doméstico (Pérez-González et al., 2025). Las estimaciones actuales sitúan la población de jabalí en España entre 1,76 y 2,41 millones de individuos, con densidades particularmente elevadas en el corredor mediterráneo, donde coinciden sistemas intensivos de producción porcina y grandes infraestructuras de transporte, configurando un escenario de alto riesgo para la introducción y difusión de la PPA (Smith et al., 2026). En Cataluña, la densidad media de jabalí se estima en torno a 6 individuos/km², si bien en determinados sectores del noreste se han documentado valores que superan los 15 individuos/km² (DARPA, 2024).

Diversos factores antrópicos y ecológicos explican esta explosión poblacional: aumento de la superficie forestal, abandono rural, modificación de los usos del suelo, suplementación alimentaria directa/indirecta y elevada plasticidad ecológica de la especie. Además, en ambientes mediterráneos los factores climáticos, y particularmente la precipitación primaveral, desempeñan un papel clave en la dinámica poblacional del jabalí al incrementar la disponibilidad de recursos y favorecer la supervivencia de los rayones y el éxito reproductivo de las hembras (Colomer et al., 2024). El jabalí presenta además rasgos típicos de estrategia r (precocidad reproductiva, camadas numerosas y alta supervivencia juvenil), lo que limita la eficacia de la caza recreativa como única herramienta de control (Gortazar et al., 2026). Desde el punto de vista epidemiológico, la

creciente sinurbización del jabalí —con presencia estable en áreas urbanas y periurbanas— y la interacción con explotaciones porcinas genera nuevos escenarios de riesgo sanitario (Morelle et al., 2026) y dificulta las estrategias clásicas de contención basadas en barreras físicas y reducción poblacional (Vicente et al., 2019).

En conjunto, la dinámica expansiva del jabalí en la Península Ibérica constituye uno de los principales determinantes del riesgo de endemidad de la PPA y obliga a implementar estrategias integradas de gestión poblacional, vigilancia sanitaria y control en la interfaz periurbana.

Cronología y caracterización del brote de PPA en Cataluña (2025-2026)

La detección del primer foco de PPA en jabalíes silvestres en Cataluña a finales de 2025 supuso la confirmación de la entrada del virus en el territorio español tras más de tres décadas de ausencia. Este evento epidemiológico se enmarca en el contexto de expansión progresiva del genotipo II del vPPA en Europa desde su introducción en Georgia en 2007, con posteriores episodios de diseminación hacia Europa oriental, central y occidental, frecuentemente asociados a la dinámica de las poblaciones de jabalí y a saltos a larga distancia debido a acciones antrópicas (Dei Giudici et al., 2023; Jori et al., 2025).

El brote fue inicialmente identificado mediante el sistema de vigilancia pasiva en fauna silvestre, basado en la notificación y análisis laboratorial de cadáveres de jabalí hallados en el medio natural. Este enfoque ha demostrado ser el método más sensible para detectar la circulación temprana del virus en poblaciones silvestres, dado que la elevada letalidad del genotipo II provoca un incremento de la mortalidad detectable en el campo (Morelle et al., 2020).

Los primeros casos positivos se detectaron en el área metropolitana de Barcelona, concretamente en municipios de la comarca del Vallès Occidental, una zona caracterizada por una elevada densidad de jabalíes y una intensa interacción entre ecosistemas agroforestales, áreas periurbanas y corredores ecológicos asociados a la red fluvial. Tras la confirmación de los primeros casos, se activaron los protocolos establecidos en el marco del Reglamento de Ejecución (UE) 2023/594, incluyendo la delimitación de zonas infectadas, la instalación de barreras de contención de movimientos de jabalí, y la búsqueda y extracción de carcasas, así como el refuerzo de la vigilancia sanitaria (MAPA, 2026; Jori et al., 2021).

Según la actualización oficial de la situación epidemiológica emitida por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación el 12 de marzo de 2026, se han confirmado 38 focos de PPA en jabalíes silvestres, de los cuales 3 corresponden a focos primarios y 35 a focos secundarios, con un total acumulado de 227 jabalíes positivos detectados mediante análisis de laboratorio. En paralelo a los casos positivos, se realizaron análisis diagnósticos sobre 1.971 jabalíes adicionales, de los cuales 1.408 correspondían a animales capturados o abatidos sin sintomatología clínica y 563 procedían de vigilancia pasiva (cadáveres o animales con signos clínicos compatibles). Todos estos individuos

resultaron negativos por PCR, lo que permitió delimitar con mayor precisión la extensión espacial del brote y evaluar la eficacia de las medidas de contención (MAPA, 2026a).

El patrón espacial de los casos mostró inicialmente una distribución relativamente agregada en el entorno de los focos iniciales, un comportamiento consistente con el modelo epidemiológico descrito en otros países europeos con focos a largas distancias (Lentz et al., 2023), donde la propagación local del virus se produce principalmente a través del contacto directo entre jabalíes y la exposición a cadáveres infectados en el medio natural (Sung Yoo et al., 2025; Schulz et al., 2019).

Tras la confirmación del brote, las autoridades sanitarias españolas y catalanas implementaron un conjunto de medidas integradas de control epidemiológico. Estas actuaciones incluyeron la intensificación de la búsqueda activa de cadáveres, considerada una estrategia clave para reducir la carga viral ambiental y limitar la transmisión del virus más frecuente entre jabalíes (Morelle et al., 2020; Probst et al., 2017).

Asimismo, se puso en marcha un programa de reducción poblacional mediante captura en trampas y abatimiento selectivo realizado por agentes rurales y otras autoridades. En las primeras semanas de aplicación de estas medidas se abatieron 118 jabalíes en la zona de control intensivo, todos ellos negativos por PCR, lo que sugiere que las actuaciones se estaban realizando principalmente en áreas periféricas de la zona infectada. Otra de las herramientas utilizadas fue la instalación de sistemas de vallado estratégico a lo largo de vías de comunicación y en puntos de tránsito habituales de jabalíes. Estos dispositivos, combinados con el refuerzo de vallados ya existentes en carreteras y vías férreas, tenían como objetivo limitar la dispersión del virus mediante la restricción de los movimientos de los animales. Además, se instalaron 222 puntos de control en estructuras de cruce de vías (drenajes y pasos superiores o inferiores) con vallados y otro tipo de barreras como pasos de rejilla tipo trámex, para gestionar los desplazamientos de la fauna silvestre (MAPA, 2026a).

El 20 de febrero de 2026 el Comité Permanente PAFF de la Comisión Europea aprobó la actualización de la regionalización sanitaria en Cataluña conforme al Reglamento de Ejecución (UE) 2023/594. Esta decisión estableció la delimitación de una zona infectada (de 6 km de radio desde los focos primarios) y zona de vigilancia (de 20 km de radio) con el objetivo de permitir la reanudación controlada de determinados movimientos de animales y productos porcinos bajo estrictas condiciones de bioseguridad. En paralelo, se intensificaron los controles sanitarios en las explotaciones porcinas situadas en las áreas afectadas. En total, 60 explotaciones localizadas en las zonas reguladas fueron sometidas a inspecciones de bioseguridad y vigilancia clínica reforzada, sin detectarse hasta la fecha signos compatibles con la enfermedad en porcino doméstico. Este resultado es particularmente relevante desde el punto de vista epidemiológico, ya que la experiencia europea demuestra que la transición del virus desde poblaciones silvestres hacia explotaciones porcinas suele constituir el punto crítico que desencadena las mayores consecuencias económicas y sanitarias (EFSA et al., 2023).

Tabla 1. Evolución del muestreo y casos confirmados de PPA en jabalí (Cataluña, actualización febrero 2026)

Parámetro epidemiológico	Valor registrado
Periodo analizado	Noviembre 2025 – Febrero 2026
Primer caso confirmado	28 noviembre 2025
Área inicial de detección	Cerdanyola del Vallès (Barcelona)
Jabalíes analizados (total)	2.198
Jabalíes positivos confirmados (PCR)	227
Jabalíes negativos capturados/abatidos	1.408
Jabalíes negativos procedentes de vigilancia pasiva	563
Número total de focos notificados	38
Focos primarios	3
Focos secundarios	35
Municipios afectados	9
Municipios principales	Cerdanyola del Vallès, Sant Cugat del Vallès, Sant Quirze del Vallès, Terrassa, Rubí, Molins de Rei, Sant Feliu de Llobregat, Sant Just Desvern y Barcelona
Zona epidemiológica principal	Vallès Occidental – entre Bellaterra y el entorno del Parque Natural de Collserola
Explotaciones porcinas inspeccionadas	60
Casos confirmados en porcino doméstico	0
Animales abatidos en control poblacional	118
Barreras físicas instaladas	222

Interpretación epidemiológica

La evolución temporal del brote sugiere un patrón de difusión espacial radial y progresiva, característico de las fases iniciales de introducción del virus en poblaciones de jabalí. En este tipo de dinámica, la propagación se produce principalmente a escala local, mediante contacto directo entre animales infectados y susceptibles a nivel intra-grupo, así como por la exposición a cadáveres contaminados que actúan como reservorios temporales del virus, favoreciendo la transmisión inter-grupo (Figura 1; Shaw et al., 2024). Este mecanismo genera una expansión geográfica gradual y territorialmente contigua alrededor de los focos primarios, con un avance relativamente lento pero epidemiológicamente persistente (Lentz et al., 2022). Patrones similares de dispersión espacial han sido descritos en varios países europeos afectados por PPA desde 2014,

217 donde la persistencia ambiental del virus en restos orgánicos infectados constituye uno
218 de los factores clave que sostienen la transmisión en poblaciones de jabalí (Bosch et al.,
219 2017).



220

221 **Figura 1.** Interacción de jabalíes (*Sus scrofa*) con restos de un cadáver de su misma especie. La
222 imagen ilustra el comportamiento de necrofagia y contacto oronasal, mecanismos críticos en la
223 epidemiología de la PPA. Las carcasas infectadas actúan como reservorios ambientales de alta
224 persistencia, facilitando la transmisión del virus tanto dentro del grupo familiar como entre
225 diferentes piaras que frecuentan el mismo punto de alimentación, lo que favorece el
226 mantenimiento del ciclo infeccioso en el medio natural.

227

228 En el caso del brote de Cataluña, la mayor parte de los casos se han concentrado en el
229 Vallès Occidental, con una progresión hacia el sur que aproxima el frente epidemiológico
230 al interior del Parque Natural de Collserola, un área forestal continua más espesa,
231 caracterizada por elevadas densidades de jabalíes y una fuerte interfaz urbano-forestal.
232 Este tipo de entorno favorece tanto la persistencia del virus como la detección temprana
233 de cadáveres debido a la mayor frecuencia de interacción con actividades humanas.

234 El hecho de que no se hayan detectado casos en explotaciones porcinas hasta la fecha
235 representa un elemento clave para la contención del brote. La experiencia europea
236 demuestra que el salto epidemiológico desde poblaciones silvestres hacia el sector
237 porcino doméstico constituye un detonante de crisis comerciales a mayor escala.

238

239 **Análisis molecular: la singularidad del aislado (Genotipo II, Subgrupo 29)**

240 La caracterización molecular del virus responsable del brote detectado en Cataluña en
241 noviembre de 2025 se realizó mediante tipificación filogenética y secuenciación

genómica completa en el Laboratorio de Referencia de la Unión Europea para la PPA (CISA-CSIC/INIA). El análisis del gen B646L (p72) confirmó que el aislado pertenece al Genotipo II del vPPA, el linaje responsable de la actual epizootía euroasiática tras su introducción en Georgia en 2007 (Bastos et al., 2003; Dixon et al., 2019). La tipificación multigénica, basada en marcadores utilizados habitualmente para discriminar sublinajes dentro del Genotipo II —como la región CVR del gen B602L, el IGR entre I73R e I329L y regiones de las familias multigénicas MGF— reveló una firma genética singular. En particular, se identificó una sustitución nucleotídica específica en la región MGF505-9R/10R, lo que permitió clasificar provisionalmente el virus del brote español como un nuevo subgrupo genético (Subgrupo 29) dentro del Genotipo II (MAPA 2026b).

La secuenciación genómica completa mostró un genoma de aproximadamente 180 kb que presenta una delección extensa de 9820 pb en la región variable izquierda (Left Variable Region, LVR) en comparación con la cepa basal Georgia 2007/1 (MAPA 2026b). Esta delección afecta a varios genes pertenecientes a las familias multigénicas MGF110, MGF360 y MGF100, implicadas parcialmente en la modulación de la respuesta inmune del hospedador y en la determinación de la virulencia viral (Chapman et al., 2011; Dixon et al., 2019).

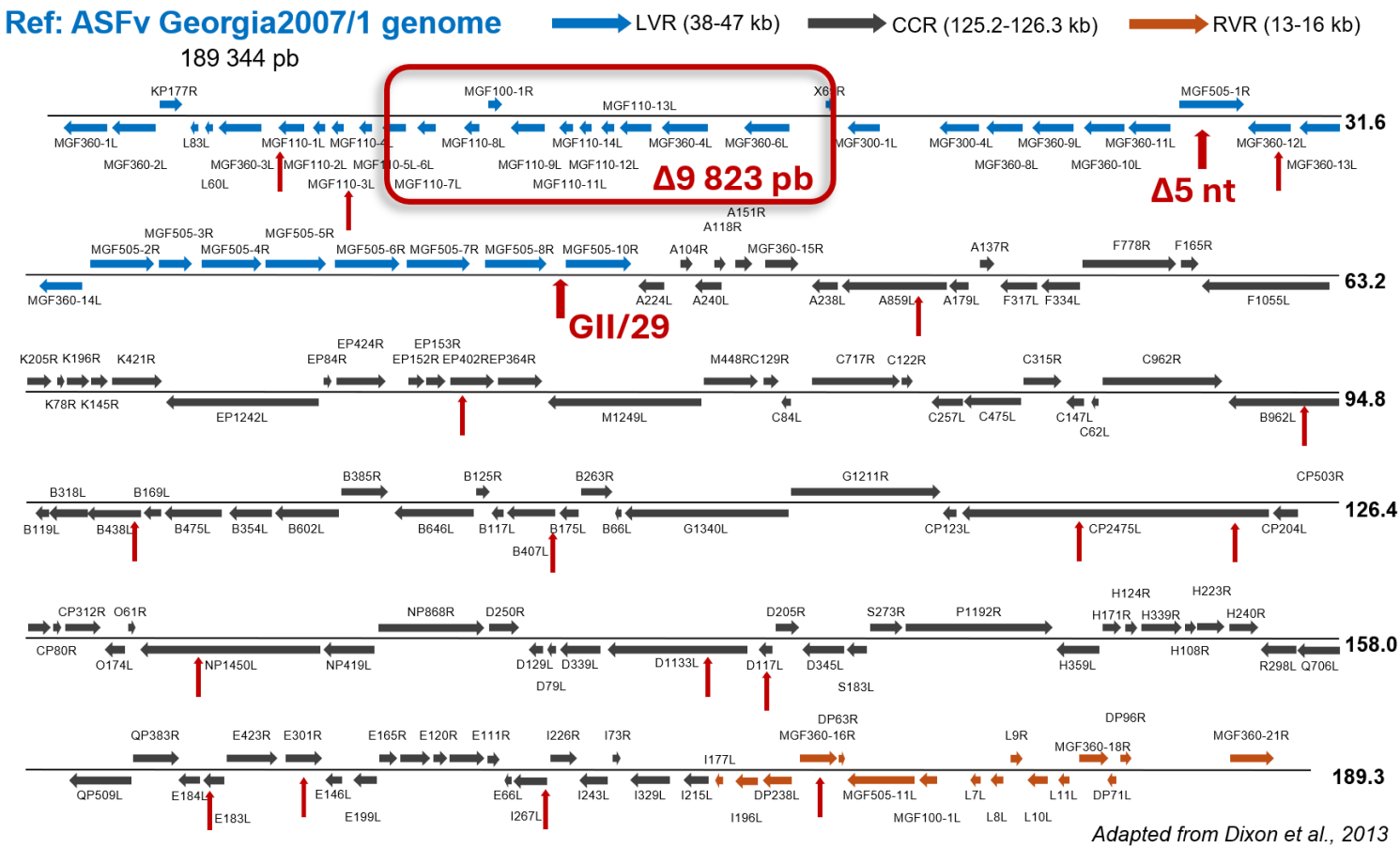


Figura 2. Organización genómica del aislado español del vPPA detectado en Cataluña (2025) en comparación con la cepa de referencia Georgia 2007/1. Representación esquemática del genoma lineal de doble cadena de ADN del ASFV (≈189,3 kb) basada en la arquitectura descrita para la cepa Georgia 2007/1 (genotipo II; adaptada de Dixon et al., 2013), que incluye una región central

conservada (CCR) flanqueada por regiones variables izquierda (LVR) y derecha (RVR), donde se localiza la mayor parte de la diversidad genética del virus (Dixon et al., 2013). Las flechas indican la orientación y posición de los genes virales. Las modificaciones genómicas señaladas en rojo corresponden a las modificaciones genómicas identificadas durante la caracterización del aislado detectado en España en noviembre de 2025 (subgrupo genético GII/29), y descritos en el Informe inicial del Comité Científico en relación con el brote de peste porcina africana en España (2026b).

Algunas deleciones en estas familias génicas se han asociado previamente con modificaciones en la interacción virus-hospedador y con posibles cambios en la patogenicidad del virus (Reis et al., 2016). En conjunto, la combinación de esta deleción estructural y de mutaciones puntuales genera una huella genómica distintiva, clave para la trazabilidad epidemiológica del brote y para el seguimiento evolutivo del virus durante su circulación en poblaciones de jabalí.

Implicaciones epidemiológicas: posible prolongación del curso clínico y patológico

La información molecular, epidemiológica y patológica disponible durante la fase inicial del brote sugiere que el aislado detectado en Cataluña podría presentar una dinámica de infección ligeramente distinta a la observada en otros brotes recientes de Europa asociados a genotipo II altamente virulento. No existen, hasta el momento, evidencias de supervivencia de animales infectados; sin embargo, diversos indicadores apuntan a que el curso clínico y el proceso patológico podrían ser más prolongados que los descritos para las cepas de evolución hiperaguda o aguda, responsables de episodios a largas distancias en Europa oriental y central (Gallardo et al., 2021; Schulz et al., 2019).

Las necropsias realizadas en jabalíes detectados en el área afectada han mostrado lesiones compatibles con formas subagudas de la enfermedad en cadáveres de jabalíes, incluyendo hemorragias petequiales marcadas en riñón y en pulmón, sin evidencias generalizadas de muerte peraguda inmediata tras la infección. Este patrón podría sugerir un periodo de infección más prolongado, lo que potencialmente ampliaría la ventana temporal durante la cual los animales infectados pueden desplazarse y transmitir el virus dentro de las poblaciones de jabalí. Desde una perspectiva comparativa, los brotes puntuales a largas distancias en Europa asociados a subgrupos genéticos del genotipo II (por ejemplo, los subgrupos 3, 19 y 25) se han caracterizado por un curso clínico predominantemente agudo o hiperagudo, con letalidad cercana al 100% en pocos días tras la infección, favoreciendo patrones de dispersión rápida asociados a movimientos humanos o transporte de productos contaminados. En contraste, un curso clínico ligeramente más prolongado podría favorecer una propagación espacial más gradual dentro de las poblaciones locales de jabalí.

La confirmación de estas hipótesis requerirá estudios experimentales de patogenicidad y análisis comparativos de virulencia, que permitan determinar con precisión las características biológicas del aislado detectado y su posible impacto sobre la dinámica de transmisión en poblaciones silvestres.

Actuaciones de control, medidas desarrolladas y recomendaciones estratégicas

La estrategia de respuesta frente al brote de PPA detectado en Cataluña se ha basado en un modelo integrado de gestión epidemiológica, siguiendo las recomendaciones internacionales para la contención de la enfermedad en poblaciones de jabalí, y principalmente con las lecciones aprendidas en otros focos de PPA en jabalí a larga distancia (Figura 3). Este enfoque combina medidas de reducción del riesgo de transmisión ambiental, limitación de movimientos de animales y disminución de la densidad poblacional, con el objetivo de interrumpir la circulación viral y evitar su transmisión al porcino doméstico (EFSA, 2021; Chenais et al., 2019).

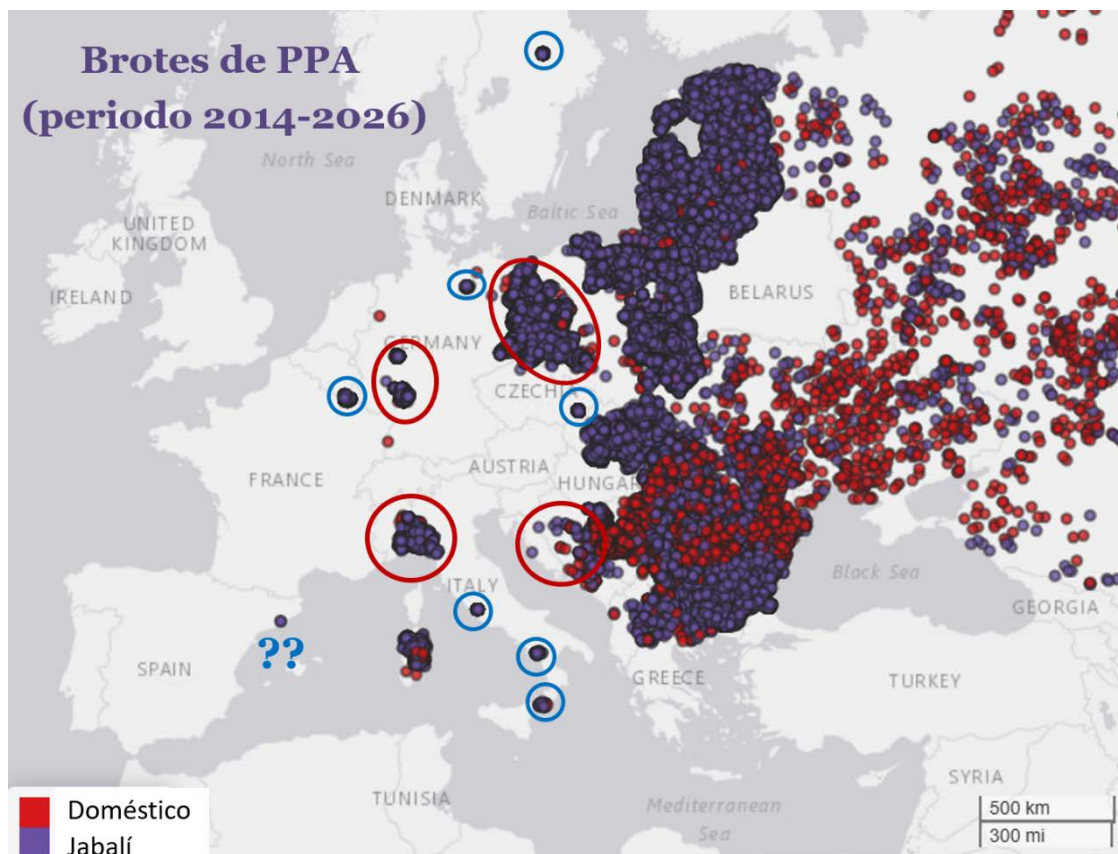


Figura 3. Distribución espacial de los brotes de PPA en Europa durante el periodo 2014–2026. El mapa que muestra la localización de focos notificados de PPA en cerdo doméstico (puntos rojos) y jabalí (puntos morados). Los círculos destacan los principales eventos de dispersión a larga distancia que han dado lugar a nuevos focos epidemiológicos en poblaciones de jabalí, separados geográficamente de los frentes de expansión continua del virus. Los círculos azules señalan focos que han sido contenidos y erradicados con éxito mediante estrategias intensivas de control. Por el contrario, los círculos rojos indican regiones donde la infección ha derivado en establecimiento endémico en poblaciones silvestres, con expansión sostenida del virus en el territorio, y desarrollo de nuevos frentes epidémicos. El patrón espacial observado refleja la coexistencia de dos procesos epidemiológicos: (i) una expansión geográfica progresiva por transmisión local en jabalíes, y (ii)

342 introducciones discontinuas a larga distancia, responsables de la aparición de nuevos focos
343 aislados en Europa central y occidental.

344

345 Una de las primeras medidas aplicadas ha sido la restricción del acceso público a
346 determinadas áreas forestales dentro de la zona infectada, especialmente en aquellas
347 donde se han detectado cadáveres o focos positivos. Estas restricciones buscan evitar
348 perturbaciones que puedan provocar desplazamientos de jabalíes potencialmente
349 infectados y reducir el riesgo de dispersión mecánica del virus por actividades humanas,
350 incluyendo senderismo, ciclismo o trabajos forestales. La literatura epidemiológica ha
351 demostrado que las actividades humanas pueden contribuir indirectamente a la dispersión
352 espacial del virus a través del transporte de material contaminado, especialmente en
353 contextos periurbanos o con elevada movilidad humana (Chenais et al., 2019).

354 Paralelamente, se ha implementado un programa intensivo de búsqueda activa y retirada
355 sistemática de cadáveres de jabalí, considerada una de las medidas más eficaces para
356 reducir la persistencia ambiental del virus. El vPPA presenta una elevada estabilidad en
357 tejidos en descomposición, pudiendo permanecer infeccioso durante largos periodos en
358 restos animales y suelos contaminados. Diversos estudios experimentales y
359 observacionales han demostrado que los cadáveres constituyen un importante reservorio
360 epidemiológico y pueden mantener la circulación viral en poblaciones de jabalí incluso
361 cuando la densidad de animales vivos es baja (Probst et al., 2017; EFSA, 2021). Por ello,
362 se han organizado equipos especializados que realizan prospecciones sistemáticas del
363 territorio, con apoyo de unidades caninas entrenadas para la detección de restos biológicos
364 y tecnologías de apoyo como drones con cámaras térmicas en zonas de difícil acceso.

365 Un elemento particularmente relevante en la estrategia de contención ha sido la
366 instalación de cerramientos perimetrales estratégicos destinados a limitar los
367 movimientos naturales de jabalíes entre áreas infectadas y territorios libres de la
368 enfermedad. En el contexto europeo, la utilización de barreras físicas se ha consolidado
369 como una herramienta complementaria para frenar la expansión espacial del virus,
370 especialmente en fases tempranas del brote. Experiencias previas en países como Bélgica,
371 República Checa, Suecia o Alemania han demostrado que la recogida sistemática de
372 carcasas y la instalación de vallados combinada con la reducción de densidad poblacional
373 puede contribuir significativamente a la contención del virus dentro de áreas geográficas
374 delimitadas (O'Neill et al., 2020; Reichold et al., 2022).

375 En el caso del brote de Cataluña, la estrategia ha consistido en aprovechar y reforzar
376 infraestructuras lineales ya existentes —como autopistas, vías ferroviarias y carreteras de
377 alta capacidad— para crear barreras funcionales al movimiento de jabalíes,
378 complementándolas con la instalación de vallados adicionales en puntos críticos de
379 permeabilidad. Estas infraestructuras, cuando se encuentran adecuadamente cerradas
380 mediante vallados cinegéticos específicos para jabalí, anclados o enterrados al terreno en
381 su base, y correctamente mantenidos (Rosell et al., 2019; Rosell et al 2023), pueden actuar
382 como elementos de compartimentación territorial que reducen significativamente la

probabilidad de dispersión de animales infectados. No obstante, la eficacia de estas barreras depende de múltiples factores, incluyendo la continuidad del cerramiento, la presencia de pasos de fauna, la topografía del terreno y el comportamiento adaptativo del jabalí, una especie altamente oportunista capaz de explotar puntos débiles en las infraestructuras (Laguna et al., 2022).

Por este motivo, la estrategia aplicada ha incluido la revisión sistemática y el refuerzo de vallados existentes, el cierre temporal de determinados pasos de fauna y la instalación de cerramientos complementarios en zonas de paso identificadas mediante estudios de movimiento de jabalíes. Estas actuaciones se han diseñado teniendo en cuenta el conocimiento acumulado sobre ecología espacial del jabalí, que indica que la dispersión de individuos puede alcanzar varios kilómetros (Keuling et al., 2009; Laguna et al., 2021), Datos recientes aún no publicados obtenidos a partir de jabalíes marcados con GPS en Cataluña registran movimientos de dispersión que alcanzan distancias comprendidas entre 20 y de 50 km.

La cuarta línea de actuación consiste en la reducción dirigida de la densidad de jabalí mediante capturas y control silencioso, realizadas por equipos especializados mediante distintos métodos adaptados al contexto periurbano y forestal, incluyendo trampeo, esperas selectivas o caza con silenciadores y visores nocturnos, y con el apoyo de drones para la localización de los animales. La reducción de densidad constituye un elemento clave para disminuir la probabilidad de contacto entre animales susceptibles e infectados, así como para limitar la persistencia del virus en el ecosistema (EFSA, 2021).

De forma paralela, se han reforzado las medidas de bioseguridad en explotaciones porcinas situadas en las zonas de riesgo, incluyendo vigilancia clínica intensificada, muestreo diagnóstico sistemático y control estricto de movimientos de animales y vehículos. A medio plazo, se plantea además la creación de una franja territorial con densidades muy bajas de jabalí en el entorno de las áreas infectadas, que actúe como zona de amortiguación epidemiológica reduciendo la probabilidad de expansión del virus hacia nuevas regiones.

La experiencia acumulada en Europa indica que la cooperación entre administraciones públicas, comunidad científica, gestores de fauna, sector ganadero y población local es un elemento crítico para lograr la erradicación de la enfermedad. En ausencia de vacunas autorizadas en la Unión Europea, la aplicación sostenida de estas medidas de gestión integrada constituye actualmente la herramienta más eficaz para controlar la PPA en poblaciones de jabalí y proteger la sanidad del sector porcino (Blome et al., 2020).

Conclusiones

La reemergencia de la PPA en España tras más de tres décadas de ausencia representa un desafío epidemiológico de gran complejidad, condicionado tanto por las características ecológicas del entorno afectado como por la dinámica de transmisión del virus en poblaciones de jabalí. A diferencia del escenario epidemiológico existente durante el

proceso de erradicación del genotipo I entre 1960 y 1994, el virus se enfrenta actualmente a una realidad territorial y ecológica profundamente distinta, caracterizada por densidades significativamente más elevadas de jabalí y por una creciente interacción entre fauna silvestre, ganado y entornos periurbanos (Barasona et al., 2014). Este contexto incrementa de forma notable la dificultad de aplicar medidas de control tradicionales y aumenta el riesgo de persistencia del virus en el medio natural.

Las características observadas en el aislado detectado, junto con la posible prolongación del curso clínico en animales infectados, podrían favorecer dinámicas de transmisión local sostenida en poblaciones de jabalí, lo que incrementa el riesgo de establecimiento endémico si las medidas de control no se aplican con la intensidad y continuidad necesarias. En este contexto, la contención del brote requiere la aplicación simultánea y sostenida de múltiples estrategias de intervención, incluyendo bioseguridad reforzada en explotaciones porcinas, búsqueda y eliminación de carcadas de jabalíes, zonificación epidemiológica estricta, limitación de movimientos de fauna mediante barreras físicas y reducción intensiva de densidad poblacional de jabalíes.

La experiencia europea demuestra que el éxito de estas estrategias depende en gran medida de la aplicación coordinada y simultánea de todas las medidas disponibles, evitando la dependencia excesiva de una única herramienta de control. En consecuencia, la estrategia recomendada debe basarse en ejercer una presión de control elevada y sostenida sobre todos los componentes del sistema epidemiológico, incluso situándose en el límite superior de intensidad de cada intervención. En este enfoque, la implementación de una medida adicional nunca debe interpretarse como sustituta de las restantes, sino como un elemento complementario dentro de un marco de actuación integral.

En definitiva, la erradicación del virus en el actual contexto epidemiológico dependerá de la capacidad de mantener una estrategia coordinada, multidisciplinar y sostenida en el tiempo, capaz de responder simultáneamente a los retos derivados de la elevada densidad de jabalíes, la complejidad del entorno periurbano y la importancia económica estratégica del sector porcino español.

Agradecimientos

El presente trabajo se ha realizado gracias a los fondos y conocimientos generados en el marco de los proyectos CPP2023-010878 y CNS2025-166676, financiados por MICIU/AEI/10.13039/501100011033, y por la Unión Europea a través de FEDER. JAB es beneficiario de un contrato Ramón y Cajal (RYC2022-038060-I) financiado por el Ministerio de Ciencia e Innovación (MCIN/AEI) y el Fondo Social Europeo Plus (FSE+). MSS es beneficiaria de un contrato predoctoral de la Comunidad de Madrid (CAM CT 2/25). Los autores desean expresar su agradecimiento a los equipos técnicos y científicos de VISAVET, Minuartia y GSD Madrid por su colaboración y apoyo en el desarrollo de este trabajo. Asimismo, agradecen especialmente la contribución y el asesoramiento científico de Christian Gortázar, Carmina Gallardo, Sandra Barroso, Marta Martínez y

Antonio Rodríguez, cuya experiencia ha resultado de gran valor para el desarrollo y contextualización de este estudio.

Referencias^o

AHDB. 2025. Spanish pork market: Export opportunities improve in 2025. <https://Spanish-pork-market-export-opportunities-2025>

Barasona, J. A., Latham, M. C., Acevedo, P., Armenteros, J. A., Latham, A. D. M., Gortazar, C., ... & Vicente, J. (2014). Spatiotemporal interactions between wild boar and cattle: implications for cross-species disease transmission. *Veterinary research*, 45(1), 122.

Bastos, A. D. S., Penrith, M. L., Crucière, C., Edrich, J. L., Hutchings, G., Roger, F., Couacy-Hymann, E., & Thomson, G. R. (2003). Genotyping field strains of African swine fever virus by partial p72 gene characterisation. *Archives of Virology*, 148, 693–706.

Blome, S., Franzke, K., & Beer, M. (2020). African swine fever—A review of current knowledge. *Virus research*, 287, 198099.

Bosch, J., Rodríguez, A., Iglesias, I., Muñoz, M. J., Jurado, C., Sánchez-Vizcaíno, J. M., & De la Torre, A. (2017). Update on the risk of introduction of African swine fever by wild boar into disease-free European Union countries. *Transboundary and emerging diseases*, 64(5), 1424-1432.

Cadenas-Fernández, E., Sánchez-Vizcaíno, J. M., Pintore, A., Denurra, D., Cherchi, M., Jurado, C., ... & Barasona, J. A. (2019). Free-ranging pig and wild boar interactions in an endemic area of African swine fever. *Frontiers in Veterinary Science*, 6, 376.

Ceruti, A., Kobialka, R. M., Abd El Wahed, A., & Truyen, U. (2025). African swine fever: a one health perspective and global challenges. *Animals*, 15(7), 928.

Chapman, D. A., Tcherepanov, V., Upton, C., & Dixon, L. K. (2008). Comparison of the genome sequences of non-pathogenic and pathogenic African swine fever virus isolates. *Journal of General Virology*, 89(2), 397-408.

Chenais, E., Ståhl, K., Guberti, V., & Depner, K. (2018). Identification of wild boar–habitat epidemiologic cycle in African swine fever epizootic. *Emerging infectious diseases*, 24(4), 810.

Colomer, J., Massei, G., Roos, D., Rosell, C., & Rodríguez-Teijeiro, J. D. (2024). What drives wild boar density and population growth in Mediterranean environments?. *Science of The Total Environment*, 931, 172739.

DARPA (Departament d'Agricultura, Pesca i Alimentació). 2024. Programa de seguiment de les poblacions de senglar a Catalunya. Informe inédito. https://senglar.cat/wp-content/uploads/2025/09/seguiment_senglar_cat_2024.pdf

500 Dei Giudici, S., Loi, F., Ghisu, S., Angioi, P. P., Zinellu, S., Fiori, M. S., ... & Oggiano,
 501 A. (2023). The long-jumping of African swine fever: First genotype II notified in
 502 Sardinia, Italy. *Viruses*, 16(1), 32.

503 Dixon, L. K., Sun, H., & Roberts, H. J. A. R. (2019). African swine fever. *Antiviral*
 504 *research*, 165, 34-41.

505 EFSA (European Food Safety Authority). (2018). Epidemiological analyses of African
 506 swine fever in the European Union. *EFSA Journal*, 16(11):5494.

507 EFSA (European Food Safety Authority). (2021). Epidemiological analyses of African
 508 swine fever in the European Union (November 2020–October 2021). *EFSA Journal*,
 509 19(11), e06993. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6993>

510 Gallardo, M. C., Reoyo, A. D. L. T., Fernández-Pinero, J., Iglesias, I., Muñoz, M. J., &
 511 Arias, M. L. (2015). African swine fever: a global view of the current challenge.
 512 *Porcine Health Management*, 1(1), 21.

513 Gallardo, C., Soler, A., Nurmoja, I., Cano-Gómez, C., Cvetkova, S., Frant, M., ... &
 514 Arias, M. (2021). Dynamics of African swine fever virus (ASFV) infection in domestic
 515 pigs infected with virulent, moderate virulent and attenuated genotype II ASFV
 516 European isolates. *Transboundary and emerging diseases*, 68(5), 2826-2841.

517 INTERPORC/MAPA. 2025. Datos del sector porcino de capa blanca en España.
 518 https://Sinfoporc_2025/

519 Ito, S., Bosch, J., Martínez-Avilés, M., & Sánchez-Vizcaíno, J. M. (2022). The
 520 evolution of African swine fever in China: a global threat?. *Frontiers in veterinary*
 521 *science*, 9, 828498.

522 Jori, F., Massei, G., Licoppe, A., Ruiz-Fons, F., Linden, A., Václavěk, P., ... & Rosell, C.
 523 I. E. P. (2021). 8. Management of wild boar populations in the European Union before
 524 and during the ASF crisis. In *Understanding and combatting African swine fever* (pp.
 525 197-228). Wageningen Academic.

526 Jori, F., Burnichon, E. P., Casal, J., & Barasona, J. A. (2025). Wild boar trade and
 527 African swine fever risk of introduction into new territories: A quantitative release
 528 assessment with retrospective data of wild boar shipments to France and Spain (2010–
 529 2017). *One Health*, 101185.

530 Jurado, C., Martínez-Avilés, M., De La Torre, A., Štukelj, M., de Carvalho Ferreira, H.
 531 C., Cerioli, M., ... & Bellini, S. (2018). Relevant measures to prevent the spread of
 532 African swine fever in the European Union domestic pig sector. *Frontiers in veterinary*
 533 *science*, 5, 77.

534 Keuling, O., Stier, N., & Roth, M. (2009). Commuting, shifting or remaining?: Different
 535 spatial utilisation patterns of wild boar *Sus scrofa* L. in forest and field crops during
 536 summer. *Mammalian Biology*, 74(2), 145-152.

537 Laguna, E., Barasona, J. A., Vicente, J., Keuling, O., & Acevedo, P. (2021). Differences
538 in wild boar spatial behaviour among land uses and management scenarios in
539 Mediterranean ecosystems. *Science of the Total Environment*, 796, 148966.

540 Laguna, E., Barasona, J. A., Carpio, A. J., Vicente, J., & Acevedo, P. (2022).
541 Permeability of artificial barriers (fences) for wild boar (*Sus scrofa*) in Mediterranean
542 mixed landscapes. *Pest Management Science*, 78(6), 2277-2286.

543 Lentz, H. H., Bergmann, H., Conraths, F. J., Schulz, J., & Sauter-Louis, C. (2023). The
544 diffusion metrics of African swine fever in wild boar. *Scientific Reports*, 13(1), 15110.

545 MAPA (2024) El sector de la carne de porcino en cifras. Principales indicadores
546 económicos. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. [https://Indicadores carne
547 de cerdo-2024.pdf](https://Indicadores carne de cerdo-2024.pdf)

548 MAPA; Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (2026a). Actualización de la
549 situación de peste porcina africana en jabalíes silvestres en Cataluña, 26 de febrero de
550 2026. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, España. [https://Actualizacion de
551 la situación PPA 26-2-2026-.pdf](https://Actualizacion de la situación PPA 26-2-2026-.pdf)

552 Mateos, G. G., Corrales, N. L., Talegón, G., & Aguirre, L. (2024). Pig meat production
553 in the European Union-27: current status, challenges, and future trends. *Animal
554 bioscience*, 37(4), 755.

555 MAPA; Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Informe inicial en relación
556 con el brote de peste porcina africana en España (2026b).
557 [https://www.mapa.gob.es/dam/mapa/contenido/ganaderia/temas/sanidad-animal-e-
558 higiene-ganadera/sanidad-animal/noticias-sanidad-animal/documentos-de-noticias/nota-
559 actualizacion-situacion-ppa_12-03-2026.pdf](https://www.mapa.gob.es/dam/mapa/contenido/ganaderia/temas/sanidad-animal-e-higiene-ganadera/sanidad-animal/noticias-sanidad-animal/documentos-de-noticias/nota-actualizacion-situacion-ppa_12-03-2026.pdf)

560 Morelle, K., Bubnicki, J., Churski, M., Gryz, J., Podgórski, T., & Kuijper, D. P. (2020).
561 Disease-induced mortality outweighs hunting in causing wild boar population crash
562 after african swine fever outbreak. *Frontiers in Veterinary Science*, 7, 378.

563 Morelle, K., Wielgus, E., Brogi, R., Bhardwaj, M., Chamaillé-Jammes, S., Baubet, E., ...
564 & Porphyre, T. (2026). Spatio-temporal patterns and risk factors of wild boar–pig farm
565 contact across Europe. *Journal of Applied Ecology*, 63(2), e70314.

566 O'Neill, X., White, A., Ruiz-Fons, F., & Gortázar, C. (2020). Modelling the
567 transmission and persistence of African swine fever in wild boar in contrasting
568 European scenarios. *Scientific reports*, 10(1), 5895.

569 Penrith, M. L. (2020). Current status of African swine fever. *CABI Agriculture and
570 Bioscience*, 1(1), 11.

571 Pérez-González, J., Hidalgo-Toledo, S. P., Martínez, R., Hermoso-de-Mendoza, J.,
572 Gonçalves, P., & Hidalgo-de-Trucios, S. J. (2025). Demography, peri-urban presence,
573 and male-biased dispersal in an expanding wild boar (*Sus scrofa*) population in western
574 Spain. *European Journal of Wildlife Research*, 71(6), 149.

575 Probst, C., Globig, A., Knoll, B., Conraths, F. J., & Depner, K. (2017). Behaviour of
576 free ranging wild boar towards their dead fellows: potential implications for the
577 transmission of African swine fever. *Royal Society open science*, 4(5).

578 Reichold, A., Lange, M., & Thulke, H. H. (2022). Modelling the effectiveness of
579 measures applied in zones dedicated to stop the spread of African Swine Fever in wild
580 boar when bordering with a region of limited control. *EFSA Supporting Publications*,
581 19(5), 7320E.

582 Reis, A. L., Abrams, C. C., Goatley, L. C., Netherton, C., Chapman, D. G., Sanchez-
583 Cordon, P., & Dixon, L. K. (2016). Deletion of African swine fever virus interferon
584 inhibitors from the genome of a virulent isolate reduces virulence in domestic pigs and
585 induces a protective response. *Vaccine*, 34(39), 4698-4705.

586 Reuters. 2025. Eight more suspected swine fever cases as Spain struggles to limit export
587 damage. <https://Export-damage-2025-11-30/>

588 Rosell, M., Pericas, B., Colomer, J., Navàs, J., Navàs, F., 2019. Guía de medidas para
589 reducir los daños causados por mamíferos de la fauna salvaje en zonas rurales, urbanas
590 y infraestructuras. Diputació de Barcelona. 60pp
591 [https://llibreria.diba.cat/cat/unclick/descargaebook.php?uid=0CCF4E5B1379C20E8E4](https://llibreria.diba.cat/cat/unclick/descargaebook.php?uid=0CCF4E5B1379C20E8E4B344A503AAAC320BA84FCCABE46D37E49BED4E3906C59&c=61830&m=descarga)
592 [B344A503AAAC320BA84FCCABE46D37E49BED4E3906C59&c=61830&m=descar](https://llibreria.diba.cat/cat/unclick/descargaebook.php?uid=0CCF4E5B1379C20E8E4B344A503AAAC320BA84FCCABE46D37E49BED4E3906C59&c=61830&m=descarga)
593 [ga](https://llibreria.diba.cat/cat/unclick/descargaebook.php?uid=0CCF4E5B1379C20E8E4B344A503AAAC320BA84FCCABE46D37E49BED4E3906C59&c=61830&m=descarga)

594 Rosell, C., Chrétien, L., Guinard, E., Nowicki, F., Righetti, A., Seiler, A., Trocmé, M.,
595 Fernández, L.M., Aliaga, A., Bartels, P., Böttcher, M., Deyrieux, O., Eicher, C., Elstrom,
596 M., Figueras, A., Herold, M., Morand, A., Navàs, F., Paquier, F., Petrovan, S., Schwab,
597 T., Suter, S., & Zumbach, S. (2023). Solutions to mitigate impacts and benefit nature.
598 In: C. Rosell et al., (Eds.) 2023. *IENE Biodiversity and infrastructure. A handbook*
599 *for action*. <https://www.biodiversityinfrastructure.org/>

600 Sanchez-Cordon, P. J., Montoya, M., Reis, A. L., & Dixon, L. K. (2018). African swine
601 fever: A re-emerging viral disease threatening the global pig industry. *The Veterinary*
602 *Journal*, 233, 41-48.

603 Schulz, K., Conraths, F. J., Blome, S., Staubach, C., & Sauter-Louis, C. (2019). African
604 swine fever: fast and furious or slow and steady?. *Viruses*, 11(9), 866.

605 Shaw, C., McLure, A., & Glass, K. (2024). African swine fever in wild boar:
606 investigating model assumptions and structure. *Royal Society Open Science*, 11(5).

607 Smith, G. C., Vicente, J., Croft, S., Warren, D., Blanco-Aguiar, J. A., Acevedo, P., ... &
608 Ferroglio, E. (2026). Mapping wild boar density across Europe: combining spatial
609 models and density estimates. *European Journal of Wildlife Research*, 72(2), 31.

610 Sung Yoo, D., Cho, H. S., & Oh, Y. (2025). Impact of Carcass Detection Delays on the
611 Sustained Transmission of African Swine Fever Among Wild Boars. *Transboundary and*
612 *Emerging Diseases*, 2025(1), 9889895.

613 Vicente, J., Apollonio, M., Blanco-Aguilar, J. A., Borowik, T., Brivio, F., Casaer, J., ... &
614 Acevedo, P. (2019). Science-based wildlife disease response. *Science*, 364(6444), 943-
615 944.
616