



NEWSLETTER ONE HEALTH – OCTUBRE 2024

www.prosaia.org

Influenza aviar altamente patógena

H5N1 detectada en un porcino en EEUU

El Departamento de Agricultura de los EEUU (USDA) y las autoridades sanitarias de Oregon están investigando casos positivos de Influenza aviar altamente patógena (HPAI/IAAP) en una granja con animales de traspatio de varias especies, aves y porcinos entre otras. El 25 de octubre fueron confirmados casos en aves y 4 días más tarde se detectó también un caso positivo en uno de los cinco porcinos del establecimiento. Las distintas especies de la granja compartían aguadas, espacios y equipamiento.

Aún no se ha determinado si los hisopados positivos son debido a una infección o a una contaminación en la granja y se esperan los resultados de la necropsia para confirmarlo.

Por otra parte, el estado de Utah informó la detección del virus de HPAI en 8 establecimientos lecheros bovinos, siendo a la fecha 15 los estados que confirmaron la infección en tambos.

Moscas *Calliphora* potenciales vectores de IAAP

Si bien el modo principal de transmisión de la influenza aviar altamente patógena (IAAP/HPAI) es a través del contacto directo entre aves, un estudio reciente publicado en *Scientific Reports*, ha revelado que las moscas azules (*Calliphora nigribarbis*), que suelen estar asociadas con la carne en descomposición y las heces, podrían ser una vía de propagación de la enfermedad.

El estudio realizado por investigadores de la Universidad de Kyushu, Japón, se centró en una población de grullas salvajes en la ciudad de Izumi, en el sur de Japón. Durante el invierno, miles de grullas migran a esta zona, lo que las hace susceptibles a la infección. En el invierno de 2022-2023, 1.600 de estas aves de una colonia de 10.000 murieron a causa de la gripe aviar.

Los investigadores colocaron trampas en toda la ciudad para capturar moscas azules, en particular *Calliphora nigribarbis*. A diferencia de otras especies de moscas, éstas permanecen activas durante el invierno, coincidiendo con la temporada alta de influenza aviar. Su atracción por la carne y las heces de los animales las convirtió en las principales sospechosas de transmitir el virus.

Los investigadores recogieron 648 moscas azules y descubrieron que 14 de ellas eran portadoras del virus de la gripe aviar. La mayoría de las moscas azules que dieron positivo al virus se recogieron en el sitio de muestreo más cercano a la colonia de grullas.

Los hallazgos del equipo, publicados en *Scientific Reports*, destacan una nueva vía potencial para la propagación de la gripe aviar. Las moscas azules, atraídas por la carroña y los desechos, desempeñan un papel inesperado en la transmisión del virus.

Comprender estos vectores es crucial para proteger tanto a la fauna silvestre como a los seres humanos que trabajan en estrecha colaboración con el ganado. A medida que continúan combatiendo la gripe aviar, los investigadores explorarán vías adicionales para prevenir nuevos brotes y proteger a las poblaciones de aves de corral mundiales.

Fuente: [Promed](#) - [APHIS](#) - [CIDRAP](#) - [Utah Dep. of Agriculture and Food](#) - [Motivar](#) - [Nature](#)

Peste Porcina Africana

Varios países han informado nuevos brotes de Peste porcina africana (PPA) y Filipinas se prepara para su campaña de vacunación.

En Europa, 3 estados registran nuevos casos de PPA en cerdos domésticos. Hasta ahora, en 2024, 15 países en la región han confirmado casos que afectan a cerdos domésticos comerciales y no comerciales con total de brotes para esta población de 643. Serbia ha registrado la mayor cantidad de brotes en cerdos domésticos desde el inicio de este año con 261, seguida por Rumania (164) y Ucrania (62). La última actualización del boletín nacional de PPA en Italia incluye un nuevo brote confirmado, con más de 5.415 cerdos en una granja en la región de Lombardía. Si bien la mayoría de los brotes han ocurrido en esta región, algunos de los brotes en cerdos domésticos han sido en las regiones de Calabria, Lazio (Roma), Piamonte y un pequeño número de casos detectados previamente en la isla de Cerdeña. En cuanto a los jabalíes, al 16 de octubre se habían registrado un total de 5.166 brotes en 21 estados europeos desde principio de año. Hasta ahora en 2024, la mayoría

de los brotes se han confirmado en Polonia (1.456) e Italia (1.146); le siguen Letonia (664), Alemania (511) y Lituania (458).

En Corea del Sur, un último brote eleva el total nacional a nueve casos este año. Se considera que esta es una temporada de alto riesgo para la PPA en el país, ya que los jabalíes son atraídos a las granjas en busca de fuentes fáciles de alimento. Además, la presencia de excursionistas en las áreas más remotas aumenta el riesgo de infectar a los animales salvajes con alimentos contaminados y perturbarlos, provocando su desplazamiento a nuevas áreas. Los primeros casos se produjeron en el país en septiembre de 2019 y, desde entonces, se registraron 47 brotes en cerdos domésticos y 4166 en jabalíes.

En la India, 3 estados del noreste del país registraron nuevos brotes durante las últimas dos semanas.

Vietnam está experimentando más brotes de PPA que en 2023. Hasta el 27 de septiembre de este año se habían confirmado 1.005 brotes en 46 provincias del país, con más de 63.000 cerdos sacrificados para controlar la propagación de la infección mientras que 2023 fueron registrados brotes en 45 provincias/municipios con más de 34.500 cerdos sacrificados durante todo el año.

En Filipinas, las autoridades sanitarias tienen el objetivo de acelerar la aplicación de la vacuna. En una actualización reciente de los datos de la vacunación realizada por el gobierno el 30 de agosto en 41 cerdos en estudio, se informó que el desarrollo de anticuerpos aumentó a un 90%, un indicador temprano de la posible eficacia de la vacuna.

Fuente: [FeedStrategy](#) – [FeedStrategy 1](#) - [PNA](#)

Dengue

Mosquitos estériles modificados por radiación

La Comisión Nacional de Energía Atómica (CNEA) está aplicando la técnica de insectos estériles modificados por radiación para producir mosquitos macho estériles que fecunden hembras silvestres del *Aedes aegypti* con el objetivo de que no puedan generar descendencia y así reducir la población de mosquitos.

En la CNEA exponen a mosquitos a los rayos gamma generados por cobalto 60. En la medida justa, esta radiación produce daños en el ADN que esterilizan a los mosquitos. Estos daños siempre generan efectos negativos para los mosquitos y no es posible que se generen mejoras en la especie o resistencias nuevas con este método, que se usa hace unos 50 años. Los mosquitos son marcados con un polvo fluorescente que solo se puede ver con luz ultravioleta para que puedan ser identificados por los investigadores en los trabajos de campo,.

Este proyecto viene trabajando en el control del *Aedes aegypti* desde 2016 y recientemente liberó un lote de mosquitos en el Barrio 1 de Ezeiza. Como parte del estudio, hay trampas de mosquitos para estimar la población de mosquitos salvajes en el área, en qué medida se dispersan y otras variables de control. Luego se harán nuevos estudios de campo para analizar las diferencias se encontraron luego de la liberación de mosquitos estériles y así medir la efectividad de la técnica.

En Mendoza, un proyecto similar está siendo desarrollado por el Instituto de Sanidad y Calidad Agropecuaria de Mendoza (ISCAMEN) con una liberación de mosquitos estériles. En este caso, los mosquitos resultantes son de color rojo, pigmento que usan los investigadores para diferenciarlos de los ejemplares comunes.

Los machos estériles compiten con los machos fértiles silvestres por el apareamiento con las hembras silvestres. Los huevos resultantes de esos cruces no son viables, es decir, no logran desarrollarse en larvas. Al hacer varias liberaciones, se espera reducir la población de mosquitos en el área tratada.

Este es el tercer ensayo, en el cual se liberaron más 30.000 mosquitos machos y se continuará en enero y febrero de una manera más masiva.

Transmisión de Dengue por trasplante de órganos

El Boletín Epidemiológico nacional informó la notificación de dos casos de dengue asociados a trasplante de órgano (sin circulación viral autóctona), un caso con residencia en la provincia de Buenos Aires y otro con residencia en Santa Fe, asistido en Córdoba.

Los casos de dengue asociados a trasplante de órganos, especialmente de órganos sólidos, son extremadamente raros y existe poca literatura al respecto.

La transmisión no vectorial del dengue se produce a partir de una persona infectada por el mosquito, quien dona sangre u órganos, por una embarazada que transmite la infección por vía transplacentaria o hematógena al producto de la concepción o a través de accidentes por objetos contaminados en miembros del equipo de salud.

Desde el Instituto Nacional Central Único Coordinador de Ablación e Implante (INCUCAI) explicaron que “desde el inicio del año y ante el aumento de casos de dengue, la Comisión de Infecciones en Trasplante de Órganos Sólidos de la SADI, la Sociedad Argentina de Trasplante (SAT), en conjunto con el INCUCAI, elaboraron un protocolo, que se aplica a nivel nacional, que establece la exigencia de testear a los donantes con el fin de evitar la transmisión del dengue a receptores”.

Fuente: [Agencia TSS](#) – [Mendoza.gov.ar](#) - [Infobae](#) - [Boletín epidemiológico nacional](#) - [REC 2872](#)

Virus de Oropouche

Detección del OROV en semen

En Brasil, la identificación de resultados adversos del embarazo asociados con la infección por el virus de Oropouche (OROV) condujo a investigaciones en curso sobre la posible transmisión vertical del virus. En la década de 1980, los abortos espontáneos en mujeres embarazadas con anticuerpos OROV ya sugerían que la infección podría ser perjudicial durante el embarazo.

Un reciente estudio revela que, el 2 de agosto de 2024, un hombre de 42 años de Italia fue evaluado por una enfermedad febril aguda. Había visitado Cuba entre el 19 y el 29 de julio de 2024. Los resultados del hemocultivo fueron negativos y la reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa (RT-PCR) específica de sangre completa y suero fue negativa para los virus Dengue, Chikungunya y Zika. Se le diagnosticó fiebre de Oropouche mediante dos RT-PCR específicas para OROV, que resultaron positivas en muestras de suero, sangre completa y orina recolectadas el día 4 después del inicio de los síntomas. El paciente se recuperó y estuvo libre de síntomas el día 10. La RT-PCR siguió siendo positiva en muestras de sangre completa y orina obtenidas los días 10, 16 y 32 después del inicio de los síntomas. El suero fue positivo para el ARN de OROV el día 10, pero no el día 16.

Se detectó ARN de OROV en muestras de semen fresco los días 16 y 58. Los niveles de ARN viral fueron más altos en el semen que en la orina o la sangre completa. El día 58, el OROV todavía era detectable en sangre completa y en semen, pero no en orina.

El día 16 después del inicio de los síntomas, se obtuvo OROV infeccioso del semen en cultivo celular; se confirmó la replicación del virus. El día 32 todavía se detectaba ARN del OROV en niveles más altos en el semen que en la orina y la sangre completa, pero ya no se pudo demostrar la replicación.

La detección de ARN del OROV en el semen podría ser resultado de la replicación en el tracto genital masculino, pero también de la difusión pasiva del virus. En este paciente no se pudo descartar la sangre como causa de una RT-PCR positiva en el semen, pero la contaminación cruzada con orina parece poco probable porque la eliminación de ARN de OROV persistió durante más tiempo en el semen que en la orina.

Se informó una eliminación prolongada del ARN del virus Oropouche en sangre completa, suero, orina y semen, y de la detección de virus con capacidad de replicación en un paciente, pero se advierte contra la sobreinterpretación de los hallazgos. Debido a que no se separaron fracciones seminales, no se pudo

establecer una asociación con la fracción celular o los espermatozoides. El hecho de no aislar el OROV detectable mediante RT-PCR del semen no excluye la posibilidad de una eliminación prolongada del virus infeccioso.

Los hallazgos plantean inquietudes sobre la posibilidad de transmisión del OROV de persona a persona a través de encuentros sexuales y pueden tener implicaciones para los bancos de espermatozoides y las tecnologías de reproducción asistida.

Fuente: [CDC](#) – [REC 2864](#)

Situación de la Mpox en Argentina y el mundo

Argentina

En 2024, entre las semanas epidemiológicas (SE) 1 y 43 se identificaron hasta el momento **85 casos confirmados de Mpox** de un total de 502 casos sospechosos notificados. La curva epidémica de casos confirmados por fecha mínima muestra una persistencia en la detección de casos desde la SE29 y hasta SE39, con un promedio de 7 casos semanales y con el mayor número en la SE 36 con 11 casos. Se observa un descenso desde la SE40, sin casos confirmados en la SE43.

Hasta el momento, se realizaron estudios para la identificación de clado en el Laboratorio Nacional de Referencia del INEI-ANLIS “Carlos G. Malbrán” en 62 de los casos confirmados, identificándose en todos ellos el clado II. Seis de los casos requirieron internación, ninguno de ellos en cuidados intensivos. No se registraron casos fallecidos en el presente año. Trece casos registran antecedentes de viaje o contacto con viajeros. El 95% de los casos confirmados residen en jurisdicciones de la región Centro, principalmente en CABA (69%) y Buenos Aires (20%).

De los 85 casos confirmados, 83 corresponden a personas de sexo masculino y dos al sexo femenino, mientras que la mediana de edad es de 35 años.

Américas

Desde mayo del 2022 hasta la semana epidemiológica (SE) 40 del 2024, se notificaron 65.876 casos confirmados de Mpox, incluidas 150 defunciones en 31 países y territorios de la Región de las Américas. En total, 57.697 casos y 120 defunciones se registraron en el 2022, 3.966 casos y 24 defunciones en 2023 y 4.213 casos y seis defunciones en lo que va de 2024. Desde la última actualización epidemiológica de Mpox de la OPS/OMS del 10 de septiembre del 2024 se notificaron 1.207 casos de Mpox adicionales en la Región. La mayor proporción de casos se registró durante el año 2022 (88%), con el mayor número en el mes de agosto del 2022. Posteriormente se observó un descenso progresivo que continuó durante el 2023 y el 2024. La vigilancia genómica identificó al clado IIb en todos los

casos de Mpox analizados, el cual sigue siendo el único clado detectado hasta la fecha en la Región de las Américas.

La mayor proporción de casos confirmados de Mpox desde mayo del 2022 a octubre del 2024 corresponde a los Estados Unidos de América (n= 34.067 casos, incluidas 63 defunciones), seguido de Brasil (n= 12.724 casos, incluidas 16 defunciones), Colombia (n= 4.269 casos), México (n= 4.178 casos, incluidas 35 defunciones) y Perú (n= 3.948 casos, incluidas 23 defunciones).

Global

A nivel global, desde enero del 2022 hasta el 30 de septiembre del 2024, se notificaron 109.699 casos confirmados de Mpox, incluidas 273 defunciones, en 123 Estados Miembros. En septiembre del 2024, el número de nuevos casos notificados mensualmente aumentó en un 8%, en comparación con el mes de agosto. La mayoría de los casos notificados en septiembre fueron reportados en la Región de África (63,6%) y la Región de las Américas (15,5%). Desde enero y hasta el 6 de octubre del 2024 se notificaron en África 7.535 casos confirmados, incluyendo 32 defunciones, en 16 países. El país más afectado sigue siendo la República Democrática del Congo, seguido de Burundi y Nigeria. Dieciséis países de la Región de África han notificado casos de Mpox en las últimas seis semanas y se considera que hay brotes activos y en curso. El clado Ib que fue reportado en la República Democrática del Congo, del cual se identificaron casos en Burundi, Kenia, Ruanda y Uganda, y que está relacionado con la declaración de la OMS de la Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional (ESPII), realizada el 14 de agosto del 2024, ha sido identificado en casos confirmados fuera de la Región de África de la OMS en: Alemania (1 caso), India (1 caso), Suecia (1 caso) y Tailandia (1 caso)

Fuente: [Boletín epidemiológico nacional 43](#)