



NEWSLETTER ONE HEALTH – Diciembre 2024

www.prosaia.org

Influenza aviar altamente patógena

Secuencias genéticas de los virus de influenza aviar A(H5N1) altamente patógena identificados en una persona en Luisiana

Los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades de los EEUU (CDC) secuenciaron los virus de la influenza (gripe) en las muestras recolectadas de un paciente de Luisiana que se infectó y enfermó gravemente con el virus A(H5N1) de la Influenza aviar altamente patógena (IAAP/HPAI).

Las secuencias genómicas de las muestras obtenidas del paciente se compararon con otras secuencias del virus A(H5N1) de vacas lecheras, aves silvestres, aves de corral y otros casos en seres humanos en los EE. UU. y Canadá y se identificaron como el genotipo D1.1.

El análisis identificó mutaciones de baja frecuencia en el gen de la hemaglutinina de una muestra secuenciada del paciente, que no se encontraron en secuencias de virus de muestras de aves de corral recolectadas en la propiedad del paciente; **esto sugiere claramente que los cambios surgieron durante la infección a medida que el virus se replicaba en el paciente.** Aunque preocupantes, y como recordatorio de que los virus A(H5N1) pueden desarrollar cambios durante el curso clínico de una infección en seres humanos, **estos cambios serían más preocupantes aún si se encontraran en hospedadores animales o en etapas tempranas de la infección** (por ejemplo, a los pocos días de la aparición de los síntomas) cuando estos cambios podrían ser más propensos a facilitar la propagación a contactos cercanos. **Particularmente, en este caso, no se identificó transmisión del paciente de Luisiana a otras personas.**

El 6 de enero, los CDC informaron la muerte del paciente. Esta es la primera persona que ha muerto en los Estados Unidos como consecuencia de una infección por el virus H5.

Hasta el 6 de enero del 2025, ha habido 66 casos confirmados de influenza aviar H5N1 en seres humanos en los Estados Unidos desde el 2024. Fuera de los Estados

Unidos, se han notificado más de 950 casos de influenza aviar H5N1 a la Organización Mundial de la Salud con aproximadamente el fallecimiento de la mitad de esos casos.

Adaptación de la IAAP (H5N1) a los gatos domésticos

En abril de 2024, un estudio reveló un brote significativo de influenza aviar H5N1 en una zona rural de Dakota del Sur, donde fallecieron diez gatos con síntomas respiratorios y neurológicos. La investigación descubrió hallazgos importantes sobre la evolución del virus que generan preocupación en el ámbito científico.

El brote se caracterizó por la muerte de gatos infectados con la cepa H5N1 clado 2.3.4.4b, probablemente originada por el consumo de aves infectadas y con un posible vínculo con casos previos en ganado local. Los investigadores identificaron mutaciones genéticas únicas, específicamente en las proteínas de hemaglutinina y PA, que sugieren una creciente capacidad del virus para adaptarse a mamíferos.

Un hallazgo particularmente alarmante fue el pronunciado neurotropismo del virus, con alta carga viral y antígenos detectados en el cerebro de los gatos. Esta característica representa una diferencia significativa respecto a cepas anteriores de H5N1, indicando una evolución en la capacidad de invasión del sistema nervioso central.

El virus muestra una expansión en su rango de hospedadores, con un alto riesgo de transmisión entre especies y la potencial capacidad de actuar como un "vaso mezclador" para diferentes cepas de influenza. Los científicos advierten sobre el riesgo de transmisión zoonótica y la posibilidad de que los gatos, como animales domésticos que interactúan frecuentemente con humanos, puedan funcionar como puente de transmisión.

El estudio concluye con recomendaciones urgentes para implementar una vigilancia coordinada de salud pública, monitoreando no solo aves, sino también animales domésticos y silvestres. La investigación subraya la necesidad de comprender y seguir de cerca la evolución del virus H5N1, que representa una amenaza creciente para la salud global.

Primera evidencia de infección de IAAP/HPAI en caballos

En un estudio reciente publicado en la revista *Emerging Infectious Diseases*, investigadores analizaron muestras de casi 1.000 caballos mongoles para detectar el virus de la Influenza A(H5N1). Los hallazgos del estudio revelaron que al menos nueve caballos eran portadores asintomáticos del virus, siendo esta la primera evidencia confirmada de infecciones por gripe aviar en caballos.

Si bien se ha documentado que los burros egipcios han sufrido infecciones por el virus H5N1 de la influenza aviar, las infecciones en caballos nunca habían sido científicamente verificadas.

El presente estudio documenta esfuerzos extensivos y de largo). Tres eventos de muestreo por año plazo (julio 2021 – octubre 2023) para verificar genéticamente la presencia de H5N1 en caballos mongoles en través de 24 manadas que resultaron en un total de 2.160 muestras de suero equino.

De las 2.160 muestras de suero equino analizadas, 997 resultaron positivas para antígenos de nucleoproteína del IAV. Los ensayos ELISA confirmaron la presencia del virus de la Influenza A(H5N1) en 9 muestras, siendo esta la primera evidencia documentada de infecciones por IAV en caballos. Sin embargo, los ensayos de neutralización viral confirmaron solo dos muestras con títulos bajos, lo que sugiere un bajo nivel de infección. De las muestras restantes, 960 fueron negativas para H5N1, mientras que las otras ocho fueron dudosas.

Este estudio destaca la capacidad de IAAP/HPAI para cruzar las barreras entre especies (aves u otros mamíferos) e infectar caballos. Los caballos son huéspedes naturales del virus de la influenza equina, virus que son genéticamente similares a los virus de la IAAP/HAPI y potencialmente capaces de reordenarse con estos últimos con la posibilidad de nuevos subtipos virales,

Fuentes: [CDC](#) - [CDC Media](#) - [StatNews](#) - [Emerging Microbes and Infections](#) - [News Medical Net](#)

Metapneumovirus en China

En muchos países del Hemisferio Norte las tendencias en las infecciones respiratorias agudas aumentan en esta época del año. Estos aumentos son típicamente causados por epidemias estacionales de patógenos respiratorios como la influenza estacional, el virus sincicial respiratorio y otros virus respiratorios comunes, incluyendo el metapneumovirus humano (hMPV).

Muchos países realizan vigilancia rutinaria de infecciones respiratorias agudas y patógenos respiratorios comunes y, en algunos países del Hemisferio Norte templado, las tasas de enfermedades similares a la influenza y/o infecciones respiratorias agudas han aumentado en las últimas semanas y están por encima de los niveles basales, siguiendo las tendencias estacionales habituales.

Recientemente, ha aumentado el interés en los casos de hMPV en China, incluidos informes de hospitales desbordados. El hMPV es un virus respiratorio común que circula en muchos países desde el invierno hasta la primavera, aunque no todos los

países realizan pruebas rutinarias ni publican datos sobre las tendencias de este virus. Si bien algunos casos pueden ser hospitalizados por bronquitis o neumonía, la mayoría de las personas infectadas con hMPV presentan síntomas respiratorios superiores leves similares al resfriado común y se recuperan después de unos días.

Según los datos publicados por China, cubriendo el período hasta el 29 de diciembre de 2024, las infecciones respiratorias agudas han aumentado en las últimas semanas con más detecciones de influenza estacional, rinovirus, virus sincicial respiratorio y hMPV, particularmente en las provincias del norte del país.

El aumento observado en las detecciones de patógenos respiratorios está dentro del rango esperado para esta época del año durante el invierno del Hemisferio Norte. La OMS está en contacto con los funcionarios de salud chinos y no ha recibido informes de patrones inusuales de brotes. Las autoridades chinas informan que el sistema de salud no está desbordado y no se han activado declaraciones de emergencia.

Fuente: [WHO](#)

Evalúan las posibilidades de contraer trichinellosis a partir del consumo de distintos productos porcinos

El informe de un equipo de la Red de Seguridad Alimentaria (RSA) del CONICET determinó que el riesgo es significativamente mayor cuando se trata de productos provenientes de sistemas no controlados, aunque también influyen otros factores.

Científicos del CONICET y otras instituciones académicas, articulados a través de la Red de Seguridad alimentaria del CONICET, publicaron recientemente una [evaluación](#) sobre los riesgos de contraer trichinellosis en Argentina a partir del consumo de carne y subproductos de cerdo, como embutidos y salazones.

La triquinosis o trichinellosis es una enfermedad parasitaria producida por la ingestión de larvas de nematodos del género *Trichinella*, que puede afectar tanto a las personas como a diferentes animales domésticos y silvestres. Se trata de una zoonosis que se transmite a los seres humanos, de forma accidental, a través del consumo de carne o derivados cárnicos, crudos o mal cocidos, que contienen larvas musculares viables del género *Trichinella*.

“Si bien el parásito se encuentra ampliamente distribuido en animales de todo el mundo -con excepción del continente antártico-, Argentina tiene una gran cantidad de casos año a año **en comparación con otros países**”, señala Fernando Fariña, investigador del CONICET en la Unidad Ejecutora de Investigaciones en Producción Animal (INPA, CONICET-UBA) y uno de los coordinadores del grupo ad hoc de la RSA que llevó adelante la evaluación.

De acuerdo con el informe, en la Argentina, la trichinellosis es una enfermedad endémica de notificación obligatoria, transmitida principalmente por cerdos. Aunque hasta la década del 90 el número de casos anuales en humanos se mantenían entre 100 y 200, a partir de esa fecha experimentó un importante crecimiento que llevó a alcanzar la cifra de 5.217 personas afectadas entre 1990 y 1999. En 2023 se notificaron, en todo el país, 1103 casos en humanos; mientras que en 2020 se registraron, a nivel nacional, un total de 80 brotes en cerdos domésticos.

“En Argentina, la trichinellosis es una de las enfermedades parasitarias de transmisión alimentaria que mayor impacto tienen en la salud pública. Si bien, Buenos Aires Córdoba y Santa Fe son las provincias más afectadas, en los últimos diez años hubo un aumento en la distribución de la zoonosis en todo el territorio nacional”, explica Viviana Randazzo, profesora e investigadora en la Universidad Nacional del Sur (UNS) y también coordinadora del informe.

Los investigadores destacan que si bien en la Argentina se conoce la cantidad de casos humanos que se producen todos los años -ya que constituye un evento de notificación obligatoria-, así como el número de brotes en porcinos (registrados por SENASA), el informe elaborado por la RSA aporta información significativa sobre el riesgo de que una persona contraiga trichinellosis asociado al consumo de carne, chacinados y salazones, en base a la evidencia científica que se tiene hasta el momento en Argentina y en el resto del mundo.

En las conclusiones fundamentales del estudio se destaca que, en base a la evidencia, el modelo utilizado reveló que el riesgo de que una persona contraiga trichinellosis asociado al consumo de carne, chacinados y salazones es significativamente mayor en productos provenientes de sistemas no controlados - aquellos que no cuentan con controles sanitarios- en comparación con aquellos de sistemas controlados; algo que, aunque ya se sabía, no estaba cuantificado.

“Entre las variables que más impactaron en la probabilidad de enfermar por el consumo de cortes de carne de cerdo, la dosis consumida fue la más relevante, mientras que en embutidos y salazones, el único factor que mostró relevancia sobre el riesgo de enfermar fue el tiempo de almacenamiento de estos productos”, señala Fariña.

No obstante, el informe señala que la falta de suficiente información, especialmente en cuanto a la cantidad de sistemas no controlados de producción porcina, dificulta la posibilidad de realizar una evaluación integral del riesgo. “Sería necesario mejorar el sistema de documentación y relevamiento de información, así como fomentar la colaboración entre las diferentes instituciones involucradas. Esto permitirá contar con datos oficiales en tiempo real y tomar decisiones basadas en evidencia sólida”, indica Randazzo.

En cuanto a la metodología utilizada, el análisis cuantitativo de riesgo siguió la estructura general aceptada para este tipo de análisis, abarcando la totalidad de la cadena cárnica porcina desde la producción primaria hasta la mesa del consumidor. Se consideraron tres tipos de productos alimenticios elaborados con base en carne porcina: cortes cárnicos, embutidos y salazones. Para la ejecución del estudio se elaboró la hoja de ruta que guió el desarrollo del trabajo realizado, desde la obtención de la información necesaria para la elaboración del análisis de riesgo, pasando por el análisis de riesgo propiamente dicho y la discusión de los resultados generados por dicha evaluación, hasta finalmente confeccionar el informe final. “Durante todo el proceso destacamos la invaluable colaboración del Dr. Marcelo Signorini, que fue quien nos guió en todo momento”, señala Randazzo.

Además de Signorini, investigador del CONICET en el Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL, CONICET-INTA) y los dos coordinadores, participaron del estudio: Mabel Ribicich y Mariana Pasqualetti, del INPA (CONICET-UBA); Cecilia Vila, becaria posdoctoral del CONICET en el Instituto de Estudios de la Inmunidad Humoral “Ricardo A. Margni” (IDEHU, CONICET-UBA); Melina Richardet, de la Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC); Eliana Riva, de la Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires (UNCPBA); y Silvio Krivokapich (INEI - ANLIS “Dr Carlos Malbrán”).

Para acceder al informe, haga clic en el [enlace](#).

Fuente: [CONICET](#)

Aumento de casos de Psitacosis en Argentina

Durante el mes de diciembre, el Ministerio de Salud de Entre Ríos registró 20 notificaciones por psitacosis. Ante el aumento de reportes, las autoridades sanitarias indicaron que es necesario extremar las medidas de prevención frente a esta infección causada por una bacteria que suele ser transmitida a los seres humanos por aves como loros, pavos y palomas.

Por otra parte, en el mes de diciembre se han registrado en Córdoba diez personas con diagnóstico presuntivo de la enfermedad y, ante el incremento en la notificación de casos compatibles con la enfermedad, el Departamento de Zoonosis, del Ministerio de Salud de la Provincia, advirtió sobre los peligros de capturar y/o comprar aves en lugares sin la debida inspección sanitaria, ya que podrían ser portadoras de la bacteria *Chlamydophila psittaci*, transmisible a las personas. De las investigaciones epidemiológicas se pudo establecer que todas las personas tenían antecedentes de compra, tenencia o exposición a aves silvestres.

Generalmente, la psitacosis se contagia por la inhalación de polvo de materia fecal seca de las jaulas de las aves, por polvo de plumas, secreciones de animales y a través de la manipulación de animales infectados. Una característica de esta enfermedad es que el material de desecho o excrementos en la jaula de un pájaro puede mantener su condición infecciosa durante varias semanas.

Fuentes: [Promed](#) - [REC 2895](#)

Rabia pareasiente en el noroeste argentino

La rabia pareasiente ha sido detectada en zonas endémicas en el norte argentino, especialmente en Chaco, Formosa y particularmente en Misiones, donde la zoonosis se expande de norte a sur. Sólo en los últimos 15 días se registraron al menos cuatro brotes en esas provincias.

Los casos fueron confirmados por laboratorios oficiales del Senasa, que es el organismo de notificación obligatoria de la enfermedad y el que interviene en cada caso.

En el Chaco, el organismo tomó medidas sanitarias recientemente ante un brote de rabia pareasiente en Pampa del Indio, en la zona conocida como Pueblo Viejo, donde se corroboró la enfermedad en un bovino. Pampa del Indio es un distrito ubicado al norte chaqueño, en el límite con la provincia de Formosa, donde también un análisis de laboratorio confirmó un caso positivo en un bovino en el paraje La Diosa, en el departamento Las Lomitas, en el centro provincial. Dos brotes más se dieron por estos días en el Cerro Corá y Puerto Leoni, en el sur y centro de la provincia de Misiones, tras confirmarse su presencia en muestras procesadas por el Laboratorio del distrito Candelaria.

El Senasa comunicó que continúa con la recepción de denuncias sobre posibles refugios del vampiro transmisor, por lo que advirtió que la circulación viral persiste en otras localidades de la provincia de Misiones como San Vicente, Eldorado y Puerto Rico, por lo que la situación requiere de una vigilancia constante para prevenir su propagación.

Vacunación

En todos los casos, el Senasa determinó la vacunación obligatoria de especies susceptibles en un radio de diez kilómetros alrededor de los casos confirmados, para prevenir el contagio de la enfermedad. Los animales vacunados deberán recibir una nueva dosis entre los 20 y 30 días posteriores a la primera, conforme a lo establecido por la normativa vigente.

En tanto, los productores ganaderos tienen la obligación no sólo de notificar al organismo cualquier sospecha de rabia, sino que deben registrar la aplicación de la vacuna antirrábica.

Al tratarse de una enfermedad endémica y que se presenta frecuentemente en la región, desde los centros regionales del Senasa se recomienda además a todos los productores incorporar la vacunación preventiva contra la rabia pasesiante a su calendario anual.

Fuente: [Motivar](#)