



NEWSLETTER ONE HEALTH – ENERO 2022

Coronavirus

Al 31 de enero de 2022, los casos de COVID-19 superan los 376 millones diagnosticados a nivel mundial, con más de 5,68 millones de muertes registradas.

Perú sigue siendo el país con mayor cantidad de fallecidos por millón de habitantes, habiendo alcanzado los 6.108, con más 205 mil muertes y 3.23 millones de casos informados. Le siguen Bulgaria, Bosnia y Herzegovina, Hungría, Montenegro y Macedonia del Norte mientras que, en cantidad total de casos informados, EE.UU. aún encabeza la lista con más de 76.2 millones, seguido por India con 41.4 y Brasil con 25.4.

La Unidad de Inteligencia y Análisis de Datos del Seguro Social de Salud (Essalud) de Perú informó que en la tercera semana de enero se registraron más de 327 mil nuevos casos positivos de Covid-19, cifra que representa casi 5 veces más de lo registrado en el pico de la segunda ola y que los decesos por esta enfermedad se duplicaron.

En Rusia, en las últimas 24 horas se registraron 121.228 nuevos casos y 617 decesos, superando así los 11 millones de casos y las 330 mil muertes. Si bien esas cifras son las informadas por el gobierno, se considera que más de 660.000 personas murieron a causa de la enfermedad.

Argentina

En Argentina, los casos detectados superan los 8.37 millones y 121.273 muertes (2.645 fall/mill. Hab); más de 39.6 millones de personas recibieron la primera dosis de la vacuna de los cuales casi 35 millones completaron el esquema de vacunación.

Detección de SARS-Cov-2 en animales. El proyecto “Detección y caracterización molecular del SARS-CoV-2 en animales y vigilancia epidemiológica de posibles reservorios, amplificadores y/o transmisores del virus”, obtuvo resultados que dan cuenta por primera vez de la presencia del virus en animales en la Argentina. Se detectó la presencia del genoma de SARS-CoV-2 en diferentes animales. Por un lado, se observó por PCR en tiempo real la presencia del genoma del virus en un gato doméstico de la ciudad de La Plata, por otro lado, en Santiago del Estero se detectó, por la misma técnica, en cuatro perros y un gato. Además, en colaboración con un equipo de la Dirección de Bosques y Fauna de Santiago del Estero se logró identificar el virus en muestras tomadas a partir de un ejemplar de puma (*Puma concolor*), lo cual representa el

primer caso positivo para SARS-CoV2 reportado en nuestra fauna autóctona. Los resultados obtenidos fueron notificados a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), donde hasta el momento han sido reportados casos de SARS-CoV-2 (en animales) en 21 países.

El INTA desarrolla un kit que detecta anticuerpos de COVID-19 en animales.

El INTA, Conicet y la Universidad Nacional de José C. Paz crearon el kit Serocovid-Federal que detecta la presencia de anticuerpos contra el coronavirus en seres humanos, y ahora están trabajando para que pueda usarse en animales, ya sea silvestres o de laboratorio. SEROCOVID-Federal permite medir en suero la presencia de cualquier tipo de anticuerpo reactivo a la proteína de la espícula (S o Spike, en inglés) del virus que causa la COVID-19. Según indicaron investigadores involucrados en el desarrollo, "este trabajo tiene dos marcos fundamentales, uno relacionado con la necesidad de contar con equipos de diagnóstico que sean accesibles al sistema público de salud a partir del desarrollo del sistema científico tecnológico nacional y, por otro, aplicar el enfoque de 'Una salud' que considera que la salud humana, ambiental y animal son una sola. Esta pandemia es causada por un virus zoonótico y las zoonosis son enfermedades compartidas entre los animales y las personas. INTA trabaja desde su creación en la prevención, tratamiento y epidemiología de las enfermedades zoonóticas".

La transmisión al ratón podría ser una explicación al origen de la variante ómicron

El origen de la variante ómicron continúa bajo estudio. Sabemos que viene del linaje B.1.1 y que sorprendentemente tiene mutaciones que no se encuentran en otras variantes como alfa, beta, delta o gamma. Un hallazgo importante consiste en que las 27 mutaciones que se han acumulado en la proteína de la espícula han ocurrido solamente en 18 meses, es decir, 3,3 veces más rápido que otras variantes.

Este hallazgo es muy relevante y aunque podría haber múltiples hipótesis sobre la manera en que ómicron acumuló este enorme número de mutaciones tan rápido, una posible explicación es que el virus tuviera un hospedero animal y que se haya transmitido nuevamente a los humanos; hipótesis recientemente estudiada por un grupo de científicos de Pekín, China.

En este estudio se plantea la posibilidad de que los ratones pudieran haber sido un hospedero de SARS-CoV-2, lo cual explicaría la evolución tan rápida del virus, generando la variante ómicron, cuyas 45 mutaciones puntuales son diferentes a las de otras variantes del SARS-CoV-2 que se originaron de humanos; adicionalmente, estas mutaciones son estrechamente parecidas a las mutaciones asociadas a la evolución del virus en un entorno celular del ratón.

Es decir, las mutaciones de la proteína de la espícula de ómicron se parecen significativamente a las mutaciones del SARS-CoV-2 conocidas para promover la adaptación del virus a los ratones, particularmente una mayor afinidad a la proteína de la espícula al receptor de la enzima convertidora de angiotensina-2 del ratón, que permite la entrada del virus a las células, lo cual reafirma que estas mutaciones de ómicron están adaptadas para poder enclavarse a receptores de

los ratones y que esta variante que infectó a ratones se transmitió a los humanos, indicando una probable trayectoria evolutiva interespecie.

Esta evidencia solo reafirma la necesidad de evitar la transmisión del virus y tratar de mantener niveles bajos de infección.

Afortunadamente ómicron evolucionó a poder unirse de forma más exitosa a los receptores de la enzima convertidora de angiotensina-2 de los ratones, lo cual es consistente con el escape inmunológico que la variante presenta a las vacunas que tenemos disponibles, ya que estas están diseñadas para el virus del SARS-CoV-2 wild type de 2019, originario de Wuhan, China, y probablemente es la razón por la que ómicron causa una mayor infección en vías respiratorias superiores.

Nuevas mutaciones ante nuevos hospederos: La transmisión del SARS-CoV-2 de humanos a animales es un evento que hemos temido desde el inicio de la pandemia, porque da pie a nuevas mutaciones y variantes de preocupación. En marzo de 2021 en Países Bajos se reportó un brote de SARS-CoV-2 en dos granjas de visones; en ambas granjas al menos un trabajador tenía síntomas asociados a COVID-19 antes del brote.

Enero 2022

Fuentes: [REC](#), [ESSALUD](#), [ARGENTINA GOB](#), [CRONISTA](#), [MEDSCAPE](#), [WORLDOMETER](#), [MONITOR PÚBLICO DE VACUNACIÓN](#)

Influenza aviar – China (H9N2, H5N6) , Inglaterra (H5N1)

China: Al 24 de enero fueron informados a la OMS 24 casos de influenza aviar A(H9N2) en China a la en 2021. En la mayoría de los casos de H9N2 en humanos, los síntomas asociados a la enfermedad han sido leves y no hay evidencia de transmisión humano-humano. Estos casos son generalmente producidos por contacto con medio ambiente o aves infectadas.

En el caso de la Influenza A (H5N6), las autoridades sanitarias de China continental informaron 65 casos humanos desde 2014 al 27 de enero de 2022. Actualmente se está realizando el seguimiento de dos posibles casos, que serían el segundo y tercero de 2022.

De acuerdo con los informes de la OIE (Organización Internacional de Epizootias), varios subtipos de Influenza A(H5) siguen siendo detectados en aves en África, Europa y Asia. Se ha producido un aumento en el número de casos de H5N6 en humanos en 2021: al menos 5 casos fueron confirmados en diciembre 2021 y serían otros 3 en enero 2022, tal como se detalló anteriormente.

Inglaterra: El 6 de enero de 2022, las autoridades sanitarias del Reino Unido notificaron a la Organización Mundial de la Salud (OMS) la detección de un caso humano confirmado por laboratorio de influenza aviar A(H5) en South West England. El caso convivió con un gran número de aves criadas en el país que

comenzaron a enfermar el 18 de diciembre de 2021 y posteriormente dieron positivo para influenza aviar altamente patógena (IAAP) A(H5N1) en el Laboratorio Nacional de Referencia del Reino Unido en la Agencia de Salud Animal y Vegetal (APHA), en Weybridge. Este es el primer caso informado de infección humana por influenza A(H5) en el Reino Unido.

Enero 2022

Fuentes: [PROMEDMAIL](#), [GOV UK](#), [WHO](#)

Botulismo – Argentina, Misiones

El Ministerio de salud de Misiones confirmó un brote de botulismo que afectó al menos a 18 personas y causó tres muertes en la ciudad de Andresito. El brote se produjo por la ingesta de chacinados ahumados elaborados por una familia de forma casera con carne de caza y en malas condiciones de higiene y fueron compartidos al menos con otras dos familias de la zona. Las muestras fueron remitidas al Instituto Malbrán donde se confirmó la presencia de la toxina botulínica. A la fecha aún hay 4 personas internadas debido a la intoxicación.

Enero 2022

Fuente: [FOOD SAFETY NEWS](#), [REC](#), [LA VOZ](#)

Identifican dos virus nuevos para la Argentina en la Cuenca Matanza-Riachuelo

Científicos del Conicet, Malbrán y Leloir junto a la Prefectura Naval Argentina (PNA) identificaron dos virus que no se habían detectado previamente en Argentina en la cuenca Matanza - Riachuelo en grandes cantidades, lo que según ellos supone una “alta circulación silenciosa” entre la población y confirma los altos niveles de contaminación fecal humana del Riachuelo. Según los especialistas, estos virus suelen provocar diarrea y problemas respiratorios.

Se encontraron en la cuenca Matanza - Riachuelo dos patógenos del tipo picornavirus: el cosavirus y el cardiovirus Saffold. Estos son parte de una familia de virus que tienen material genético del tipo ARN, al igual que la polio, los virus de la meningitis y el de la hepatitis A, entre otros. Los nuevos virus fueron encontrados en 274 muestras de agua tomadas entre 2005 y 2015 en la cuenca, según reportó la agencia Telam. A pesar de ser cercanos a todas estas dolencias, estos virus provocan infecciones asintomáticas en la mayoría de los casos y no generaron epidemias en otros lugares del planeta.

“Estos virus ya se habían encontrado en otras partes del mundo, de hecho son virus globalizados, pero en Argentina todavía no se habían detectado en el medio ambiente”, indicó a Télam el doctor en Bioquímica y Virología Daniel Cisterna,

líder de la investigación e integrante del Servicio de Neurovirosis, del Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS Malbrán.

El estudio dirigido por Cisterna fue publicado en la revista “The Journal of Food and Environmental Virology” como parte de un trabajo de vigilancia de los poliovirus en los países del cono sur y Bolivia realizado por el Malbrán para la Organización Panamericana de la Salud (OPS) y la Organización Mundial de la Salud (OMS).

El profesional remarcó la importancia de detectar cuando estos virus circulan en la población para “poder investigar su asociación a patologías que son muy importantes para la comunidad” y remarcó que hay entre un 30 y 40% de los casos donde se tiene diarrea o dificultades respiratorias y no puede diagnosticarse su origen, ya que el otro 60% se conoce que provienen de los rotavirus y norovirus.

El científico dijo que gracias a su detección se puede “ver si estos virus tienen algún impacto en las diarreas, enfermedades respiratorias o neurológicas que hasta el momento no tenían diagnóstico del origen y en eso estamos trabajando”. Así, de confirmarse la relación de los patógenos con las enfermedades, podrían luego ser sumadas en los “diagnósticos de rutinas de los hospitales”.

También, el virólogo agregó en entrevista con la agencia CyTA-Leloir: “En términos de salud pública, la presencia de estos virus confirma los altos niveles de contaminación fecal humana del río Riachuelo y la probable presencia de otros virus entéricos como rotavirus, norovirus, hepatitis A y E, de reconocida virulencia”. A su vez, sumó que “la contaminación humana de los cursos de agua puede atenuarse a través del tratamiento de los efluentes cloacales”.

En el estudio colaboraron Gabriela Riviello López y Laura Freyre de la PNA, que desde el 2005 realiza un muestreo sistemático del río Riachuelo para medir diversas variables ambientales; Leila Marina Martinez, María Cecilia Freire y Sara Vladimírsky, del INEI-ANLIS Malbrán; y Alejandro Rabossi, del Conicet y del Instituto Leloir.

Enero 2022

Fuente: [LA NACIÓN](#)

Peste porcina Africana – Italia, Tailandia

Italia. El pasado 7 de enero de los servicios veterinarios oficiales italianos detectaron mediante PCR, realizada en el Laboratorio Nacional de Referencia de Perugia, el virus de la peste porcina africana (PPA) genotipo 2 -genotipo circulando en el este y centro de Europa- en muestras recogidas de un cadáver de jabalí hallado muerto en el municipio de Ovada, región de Piamonte en la provincia de Alejandría, al noroeste del país.

Después de conocerse este primer caso, el Ministerio de Salud italiano ha ido anunciado nuevos focos de peste porcina africana en el territorio italiano. Al 28 de febrero el número de casos confirmados se eleva a 20; todos los casos se han localizado en las provincias de Alessandria y Génova, dentro de la zona infectada..

Tailandia. Las autoridades sanitarias de Tailandia reportaron por primera vez un brote de peste porcina africana en un matadero en la provincia de Nakhon Pathom. Luego del primer brote se informó que la enfermedad ya se diseminó a 13 provincias, abarcando unidades de producción en las regiones Centro, Noreste y Sur de ese país, además de una instalación de procesamiento, según comunicó el Ministerio de Agricultura local.

Enero 2022

Fuentes: [PORCICULTURA](#), [PROMED MAIL](#), [DIARIO VETERINARIO](#)