



NEWSLETTER ONE HEALTH – FEBRERO 2022

Coronavirus

Al 2 de marzo de 2022, los casos de COVID-19 superan los 439 millones diagnosticados a nivel mundial, con casi 6 millones de muertes registradas.

Perú sigue siendo el país con mayor cantidad de fallecidos por millón de habitantes, habiendo alcanzado los 6.245, con más 210 mil muertes y 3.52 millones de casos informados. Le siguen Bulgaria, Bosnia y Herzegovina, Hungría, Macedonia del Norte y Montenegro mientras que, en cantidad total de casos informados, EE.UU. aún encabeza la lista habiendo superado los 80 millones, seguido por India con 42.9 y Brasil con 28.7.

Argentina

En Argentina, la curva de casos detectados se desaceleró luego de la suba importante que sufrió desde fin de 2021 hasta principios de febrero. Los casos detectados superan los 8.9 millones. En términos acumulados se han registrado hasta el momento 126.531 casos de COVID-19 fallecidos (2.752 fall/mill. Hab), lo cual equivale a una tasa de letalidad global de 1.4%. En el análisis por regiones, la región Centro fue la que registró mayor concentración de casos confirmados fallecidos. La mayor cantidad de casos fallecidos fueron registrados el día 3 de junio de 2021 con 652 casos.

Más de 40.3 millones de personas recibieron la primera dosis de la vacuna de los cuales más de 36 millones completaron el esquema de vacunación y 17 millones recibieron la dosis de refuerzo.

Estudio genético para evaluar relación de proteínas con la gravedad de COVID

Un estudio genético ha identificado seis proteínas que podrían ser claves en tener un mayor riesgo de Covid-19 grave y otras ocho que podrían contribuir a la protección contra el Covid-19 grave. Este es el primer estudio que evalúa una cantidad tan grande de proteínas por su conexión con el Covid-19.

El trabajo, Publicado en PLOS Genetics, ha analizado más de 3.000 proteínas para identificar cuáles están causalmente relacionadas con el desarrollo Covid-19 grave.

Una de las proteínas (ABO) que se identificó por tener una conexión causal con el riesgo de desarrollar COVID-19 grave determina los grupos sanguíneos, lo

que sugiere que los grupos sanguíneos desempeñan un papel decisivo para que las personas desarrollen formas graves de la enfermedad.

El estudio consideró dos niveles incrementales de gravedad de Covid-19: hospitalización y soporte respiratorio o muerte. Usando datos de una serie de estudios de asociación de todo el genoma, los investigadores encontraron seis proteínas que estaban causalmente relacionadas con un mayor riesgo de hospitalización o asistencia respiratoria/muerte debido a Covid-19 y ocho relacionadas causalmente con la protección contra la hospitalización o la asistencia respiratoria/muerte.

El estudio identificó que una enzima (ABO) que determina el grupo sanguíneo estaba asociada causalmente tanto a un mayor riesgo de hospitalización como a la necesidad de asistencia respiratoria.

Este hallazgo no vincula el grupo sanguíneo preciso con el riesgo de COVID-19 grave pero, dado que en investigaciones anteriores se ha observado que la proporción de personas del grupo A es mayor en los individuos con COVID-19 positivo, esto sugiere que el grupo sanguíneo A es el candidato más probable para los estudios de seguimiento" sobre la asociación del grupo sanguíneo con una mayor probabilidad de muerte.

Los investigadores también identificaron tres moléculas de adhesión que están relacionadas con un menor riesgo de hospitalización y de necesidad de asistencia respiratoria. Como estas moléculas de adhesión median en la interacción entre las células inmunitarias y los vasos sanguíneos, esto concuerda con investigaciones anteriores que sugieren que la fase tardía de la COVID-19 es también una enfermedad que afecta al revestimiento de los vasos sanguíneos.

Fuentes: [WORLDOMETER](#), [BOLETÍN INTEGRADO DE VIGILANCIA, MONITOR PÚBLICO DE VACUNACIÓN](#), [US NEWS](#), [ABC](#)

Influenza – EEUU

Los virus de la Influenza A afectan principalmente a las aves, los cerdos y el hombre. Se clasifican por una combinación de dos grupos de proteínas: hemoaglutinina (H) de las cuales hay 16 (H1-H16) y neuraminidasa (N) de las que hay 9 (N1-N9). Hay muchas combinaciones posibles de estas dos proteínas y cada una de ellas es considerada un subtipo diferente; luego estos subtipos son clasificados de acuerdo a su patogenicidad (alta o baja).

El APHIS-USDA (Servicio de Inspección Sanitaria animal y vegetal del Departamento de Agricultura de los EEUU) confirmó la presencia de Influenza aviar altamente patógena (IAAP) A(H5N1) en distintos tipos de aves y en varias ciudades del país. Hasta el 4 de marzo, se registraron infecciones en animales

en Nueva York, Indiana, Michigan, Maine, Delaware, Kentucky, Virginia, Iowa, Missouri y Connecticut.

De acuerdo con la información provista por los CDC, la reciente detección del virus no representa una preocupación inmediata para la salud pública. Esta cepa del virus no se detectaba en EEUU desde 2016 y nunca se reportaron casos humanos en el país.

Por otra parte, California informó una infección humana con una nueva variante del virus de la influenza A (H1N2). La infección ocurrió en un adulto mayor de 18 años de edad quien no tuvo que ser hospitalizado. El caso tuvo contacto directo con cerdos antes de la recolección de la muestra. No se ha identificado ninguna transmisión continua de persona a persona asociada con este caso.

Esta es la tercera infección humana con una nueva variante del virus de la influenza registrado durante la temporada de influenza 2021-22 en Estados Unidos. Ohio notificó una variante del virus de la influenza A(H3N2) y Oklahoma una variante del virus de la influenza A(H1) (neuraminidasa no determinada).

Cuando se detecta en una persona un virus de la influenza que normalmente circula en los cerdos (pero no en las personas), se le llama “variante del virus de la influenza”. La mayoría de las infecciones humanas con variantes del virus de la influenza ocurren después de estar en la proximidad de cerdos, pero puede ocurrir la transmisión de persona a persona. En la mayoría de los casos, las variantes de los virus de la influenza no han demostrado la capacidad de propagarse de forma fácil y sostenible de persona a persona.

La identificación e investigación tempranas de las infecciones humanas con los nuevos virus de la influenza A son fundamentales para que el riesgo de infección se pueda comprender mejor y se puedan tomar las medidas de salud pública adecuadas.

Fuente: [CDC](#), [CDC SWINE FLU](#), [12 NEWS](#), [APHIS USDA](#), [APHIS DETECTIONS](#)

***Otobius megnini* en el sur de la provincia de Buenos Aires**

El INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria) informó que se registró la presencia de la garrapata *Otobius megnini* (garrapata espinosa del oído) en rodeos bovinos del sur de la provincia de Buenos Aires.

Si bien es un área con aptitud ecológica para esta garrapata, no existían registros previos de la misma en estas latitudes.

Según el grado de infestación, esta garrapata puede provocar otitis, problemas neurológicos, ulceraciones y predisponer a miasis e infecciones bacterianas. No está involucrada en la transmisión de hemoparásitos aunque su rol en la transmisión de otros agentes es desconocido.

Fuente: [SDVE INTA Balcarce](#)

Superbacterias: la pandemia aceleró 10 años el problema de la resistencia a los antibióticos en Argentina

En la Argentina, el pronóstico de aumento del problema de la resistencia a los antimicrobianos se adelantó 10 años. Antes de la pandemia, se venía produciendo un aumento del 2% en el número de bacterias resistentes que afectaban a los pacientes internados en los hospitales. En cambio, durante el primer año de la pandemia, se produjo un aumento del 30% en el número de bacterias resistentes en los hospitales, según informó la organización sin fines de lucro Investigación en Resistencia Antibiótica (INVERA), que nuclea a especialistas en infectología y bioquímica.

El problema de la resistencia a los antimicrobianos venía en aumento antes de la pandemia por la automedicación de las personas, por las prescripciones de medicamentos inadecuados, y por la administración de fármacos en animales, entre otras razones. Pero la crisis por la emergencia de salud pública que produjo el COVID-19 en el mundo influyó aún más con la resistencia a los antibióticos.

En la Argentina, hay dos especies de bacterias resistentes que son las que agravan más la situación. Una de esas “superbacterias” es la *Klebsiella pneumoniae*. Pertenece al grupo de las bacterias Gram negativas y causa infecciones del tracto urinario, neumonías, sepsis, infecciones de tejidos blandos, e infecciones de herida quirúrgica. La otra bacteria que genera más problemas es *Acinetobacter baumannii*. Durante la pandemia, ese patógeno aumentó su alcance al afectar a más pacientes internados y creció su resistencia a diferentes fármacos.

Fuente: [INFOBAE](#)

Síndrome Urémico Hemolítico – Francia

La Dirección General de Salud de Francia ha iniciado una investigación sanitaria tras el alarmante aumento de casos de síndrome urémico hemolítico en niños desde principios de febrero.

Al 24 de febrero de 2022 se han identificado 13 casos de SHU con características similares que podrían estar. Estos casos ocurrieron en 5 regiones de la Gran Francia: Nueva Aquitania (5 casos), Hauts-de-France (3 casos), Ile-de-France (3 casos), Bretaña (1 caso), Pays de la Loire (1 caso) entre el 18/01/2022 y el 11/02/2022. Los síntomas aparecieron en niños enfermos, entre 1 y 15 años de edad y se confirmó el fallecimiento de uno de ellos.

La fuente de infección aún no ha sido identificada y no se descartan comida contaminada, contacto animal o transmisión persona-persona.

Fuente: [FOOD SAFETY NEWS](#), [PROMED](#)