



NEWSLETTER ONE HEALTH – N°5 2026

www.prosaia.org

Brote de ébola

A principios de mayo, se identificó en un hospital en la Zona de Salud de Bunia, en el noreste de la República Democrática del Congo (RDC), un conglomerado de casos de enfermedad grave entre trabajadores de la salud. Las muestras iniciales que se analizaron en la RDC dieron un resultado negativo por el virus del Ébola, pero más tarde, 8 de 13 muestras dieron positivo en la prueba y 5 fueron no concluyentes. Mediante la identificación genética, se determinó que la enfermedad era causada por el virus de Bundibugyo (BDBV), uno de los 4 tipos de ortoebolavirus que causan la enfermedad del Ébola en las personas.

Este brote fue clasificado por la Organización Mundial de la Salud (OMS) como una Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional (ESPII) desde el 17 de mayo de 2026.

Hasta el 9 de junio, se han reportado un total de 550 casos confirmados y 101 fallecimientos, localizándose el epicentro del brote en la provincia de Ituri, con aproximadamente el 94% de los casos. Simultáneamente, Uganda ha confirmado 19 casos y 2 muertes, con transmisiones locales identificadas en la capital, Kampala. Las investigaciones de secuenciación genómica sugieren que el brote actual podría derivar de un nuevo evento de desbordamiento (spillover) independiente de cadenas de transmisión anteriores.

La tasa de letalidad confirmada en este evento se sitúa aproximadamente en un 17.7%, una cifra que se sugiere interpretar con cautela debido a la reclasificación continua de casos, y que se encuentra por debajo de los rangos históricos para esta especie, que oscilaba entre el 25% y el 50% en brotes previos registrados en 2007 y 2012.

A diferencia de otros ebolavirus, para la variante Bundibugyo no existen vacunas ni tratamientos terapéuticos específicos aprobados hasta la fecha, lo que limita la intervención clínica a los cuidados de apoyo y al manejo de síntomas graves como fiebre, vómitos hemorrágicos, debilidad extrema y dolor abdominal. En respuesta a

esta carencia de contramedidas, se han iniciado investigaciones para evaluar candidatos vacunales y protocolos de profilaxis post-exposición.

El control de la transmisión enfrenta desafíos operativos críticos, incluyendo la inseguridad en las zonas de salud afectadas, la desinformación y una tasa de seguimiento de contactos que en regiones como Ituri apenas alcanza el 43.2%, muy por debajo del objetivo institucional del 95% necesario para interrumpir las cadenas de contagio.

A nivel internacional, la vigilancia se ha intensificado mediante el lanzamiento de un plan de respuesta continental por parte de la Unión Africana y la OMS, que busca coordinar la preparación en países limítrofes como Sudán del Sur y Zambia. Países como los Estados Unidos, los Emiratos Árabes Unidos y Corea del Sur han implementado protocolos de detección reforzada en puntos de entrada y restricciones de viaje para pasajeros procedentes de las zonas afectadas. Mientras tanto, en Europa y América, el riesgo para la población general se considera muy bajo, aunque se han activado mecanismos de preparación de laboratorio y diagnóstico molecular para garantizar una detección rápida ante posibles casos importados.

Fuentes: [GOV.UK](#) – [CDC](#) – [WHO](#) – [Beacon](#) - [ECDC](#)

Hantavirus

El 2 de mayo del corriente año, el Centro Nacional de Enlace (CNE) de Países Bajos comunicó al CNE de Argentina sobre un brote de enfermedad respiratoria aguda grave a bordo de un crucero con 147 pasajeros y tripulantes de 23 nacionalidades. El buque zarpó de Ushuaia, Tierra del Fuego, el 1 de abril y siguió un itinerario por el Atlántico Sur, con múltiples escalas. Posteriormente se confirmó que se trató de casos de hantavirus.

Este brote ha sido vinculado a la cepa Andes, la única variante conocida capaz de transmitirse entre seres humanos y que circula habitualmente en el sur de Argentina y Chile. La OMS contabiliza 13 casos (confirmados o probables) relacionados con este episodio, los cuales han resultado en 3 fallecimientos. Cinco de estos casos presentaron síntomas durante la repatriación. La investigación epidemiológica inicial sugiere que la infección primaria pudo ocurrir durante actividades al aire libre en la Patagonia, previo al embarque en Ushuaia el 1 de abril, dado que el periodo de incubación del virus puede extenderse hasta los 45 días.

Como parte de las acciones para rastrear el origen del brote, en mayo se llevó a cabo una misión en la provincia de Tierra del Fuego, donde se capturaron más de cien roedores para su análisis. Sin embargo, en dicha zona no se halló ningún ejemplar de "colilargo" (*Oligoryzomys longicaudatus*), que es el principal reservorio del virus. El

Ministerio de Salud continúa analizando estas muestras y se espera que los resultados, que demoran aproximadamente cuatro semanas, aporten información clave para el estudio del brote. A estos esfuerzos se suma ahora una nueva investigación en la provincia de Mendoza, conducida por biólogos del centro ANLIS-Malbrán junto con expertos de los CDC de Estados Unidos.

Aunque Mendoza no registra actualmente circulación autóctona confirmada del virus Andes, la investigación se fundamenta en criterios ecológicos y ecoepidemiológicos que sugieren una presencia potencial del roedor reservorio en la zona. Además del colilargo, el estudio capturará muestras de otras especies como *Abrothrix hirta* y *Abrothrix olivacea*, también asociadas a la transmisión del virus en ambientes naturales.

Es importante destacar que el hantavirus es una enfermedad poco frecuente para la cual no existen vacunas ni tratamientos específicos, lo que subraya la importancia de estas tareas de vigilancia. Pese a la preocupación sanitaria internacional suscitada por la dispersión de casos en diversos países, organismos como los CDC y la OMS enfatizan que el riesgo de una pandemia o de un peligro generalizado para el público es extremadamente bajo, ya que el virus Andes no se propaga con la misma facilidad que otros patógenos como el COVID-19.

Fuentes: [BEN](#) - [Beacon](#) - [CDC](#) - [WHO](#) - [EC](#) - [BA Times](#) - [ECDC](#) -

Influenza aviar altamente patógena. Un estudio documentó la transmisión de felinos a humanos.

Una investigación publicada por los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC), bajo la autoría de Vaughan y colaboradores, documentó la primera transmisión serológicamente confirmada del virus de influenza aviar altamente patogénica A(H5N1) de un gato doméstico a un ser humano en el condado de Los Ángeles durante el año 2025. El incidente se originó a partir de un brote en 19 felinos que contrajeron el genotipo B3.13 tras el consumo de leche o productos cárnicos crudos, lo que resultó en la muerte o eutanasia de 14 de ellos. Durante el seguimiento de los 139 contactos humanos totales identificados, un 22% reportó síntomas similares a la gripe, aunque ninguno resultó positivo para H5 mediante RT-PCR; además, se detectó la co-circulación del virus de influenza estacional H3N2 en la población monitoreada.

El contagio humano afectó a un profesional veterinario que permaneció asintomático y cuya infección se identificó mediante pruebas de anticuerpos realizadas 120 días después de la exposición, a pesar de que una prueba de RT-PCR practicada a los siete días del contacto inicial había arrojado un resultado negativo. Esta diferencia en los resultados diagnósticos indica que los sistemas de vigilancia actuales, basados

mayoritariamente en técnicas moleculares, podrían estar omitiendo infecciones zoonóticas leves o asintomáticas.

El informe concluye que el uso de alimentos crudos de origen animal en mascotas funciona como un factor de riesgo que traslada el virus a entornos domésticos y clínicos, donde -si bien se indica que el riesgo es bajo- puede producirse una transmisión a las personas.

Fuentes: [CDC](#) - [AVMA](#)

Se detectó peste porcina africana por primera vez en una granja comercial en Hungría

Las autoridades húngaras han confirmado la detección del primer brote de Peste Porcina Africana (PPA) en cerdos domésticos dentro de su territorio. La Oficina Nacional de Seguridad de la Cadena Alimentaria (NÉBIH) informó que el foco se localizó en una granja situada en la aldea de Vállaj, perteneciente al condado de Szabolcs-Szatmár-Bereg en el noreste del país. Como respuesta inmediata para contener la propagación del patógeno, se ordenó el sacrificio sanitario de aproximadamente 3.000 cerdos que conformaban la piara de la explotación afectada.

El virus de la PPA se caracteriza por ser altamente contagioso y letal para los cerdos, aunque no representa un riesgo para la salud humana. Tras la confirmación del caso, los servicios veterinarios húngaros iniciaron una investigación epidemiológica para determinar el origen de la infección y evaluar el riesgo de una posible expansión a otras zonas. De manera complementaria, las autoridades establecieron perímetros de protección y zonas de vigilancia alrededor de la ubicación de la granja para restringir el movimiento de animales.

Este hallazgo afecta la situación epidemiológica de Hungría, marcando la transición del virus desde el reservorio ya establecido en jabalíes silvestres hacia el sector porcino doméstico. La NÉBIH ha señalado que este brote en el sector comercial podría ocasionar daños económicos significativos para Hungría, país que contaba con una población de unos 2,9 millones de cerdos domésticos al finalizar el año 2025.

Fuentes: [National Hog Farmer](#) - [Beacon](#) - [UkrAgroConsult](#) - [EuroMeatNews](#)

Gusano barrenador

El Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA) confirmó el 3 de junio de 2026 la detección de gusano barrenador del Nuevo Mundo (*Cochliomyia hominivorax*) en un ternero de tres semanas en el condado de Zavala, Texas,

marcando el primer caso en ganado de producción en el país en aproximadamente sesenta años. Esta plaga se caracteriza por ser un parásito obligado que causa miasis, cuyas larvas se alimentan exclusivamente de tejido vivo de animales de sangre caliente, diferenciándose de otras moscas que infestan tejido necrótico. El ciclo biológico inicia cuando las hembras depositan masas de huevos en los bordes de heridas frescas o mucosas, tras lo cual las larvas eclosionan en un periodo de doce a veinticuatro horas y perforan progresivamente la carne viva, pudiendo causar infecciones bacterianas secundarias y la muerte del huésped si no se aplica tratamiento. Hasta el 8 de junio de 2026, la situación epidemiológica se ha expandido con cinco casos confirmados en seis días, afectando a terneros en los condados de Zavala y La Salle, una cabra en el condado de Gillespie en Texas, y un perro en el condado de Lea, Nuevo México, a más de 640 kilómetros de la detección inicial.

La dispersión geográfica observada en áreas ecológicamente distintas sugiere la posibilidad de múltiples eventos de introducción independiente o una rápida dispersión desde el brote inicial, lo que complica los esfuerzos de contención en terrenos contiguos que carecen de barreras geográficas naturales. Las autoridades han establecido zonas de 20 kilómetros alrededor de cada detección con restricciones inmediatas al movimiento de animales; la respuesta técnica incluye la liberación aérea de millones de moscas estériles por semana y la implementación del Sistema de Supresión de Adultos de Barrenador, que utiliza cebos con insecticidas para reducir las poblaciones de moscas silvestres.

El impacto económico se ha manifestado con la caída de los futuros del ganado y la imposición de restricciones temporales por parte de la Agencia de Inspección Alimentaria de Canadá a las importaciones de ganado procedentes de Texas, así como reglas de emergencia en Florida para la entrada de animales desde zonas infestadas.

El riesgo para la salud humana se considera bajo y localizado en áreas donde circulan las moscas, aunque la miasis humana es posible por contacto directo de larvas con heridas abiertas; hasta la fecha, no se han reportado casos humanos adquiridos localmente en este brote específico.

Fuentes: [CDC](#) – [APHIS](#) – [APHIS 1](#) - [Feed Strategy](#) – [Beacon](#) – [TAHC](#)