



NEWSLETTER ONE HEALTH – N°6 2026

www.prosaia.org

Fiebre aftosa. Estado de situación

La situación global de la fiebre aftosa a mediados de 2026 presenta un panorama de alta volatilidad, definido por la expansión de serotipos exóticos hacia regiones tradicionalmente libres y la reemergencia de cepas en zonas con estatus sanitario previamente estable. El actual dinamismo epidemiológico se caracteriza por el movimiento "trans-pool" de linajes virales, lo que complica la selección de vacunas y pone a prueba la bioseguridad de las explotaciones ganaderas a nivel mundial.

En Europa, la isla de Lesbos, Grecia, continúa bajo una presión sanitaria extrema debido a un brote activo del serotipo SAT1, con 118 focos confirmados hasta mediados de junio de 2026. Desde su detección inicial en marzo, la enfermedad ha mostrado una tendencia de expansión hacia el este de la isla, afectando a más de 55,000 animales susceptibles y forzando el sacrificio de más de 37.000 ejemplares bajo una política de erradicación total. Las autoridades griegas han descartado la vacunación para proteger el acceso a los mercados de exportación, particularmente del queso feta, priorizando el sacrificio y las restricciones de movimiento como únicos mecanismos de contención ante el riesgo inminente de que el virus alcance la Grecia continental.

Simultáneamente, en el sur de África, Botsuana gestiona una crisis multidistrital por el serotipo SAT1 en ganado bovino que se ha intensificado desde principios de año, registrando nuevos brotes en zonas meridionales cerca de la frontera con Sudáfrica a finales de junio de 2026. Esta escalada nacional ha provocado que la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) suspenda el estatus de libre de fiebre aftosa en varias zonas del país.

En el sudeste asiático, Vietnam ha reportado un cambio epidemiológico crítico con la reaparición del serotipo A en las provincias de Cao Bang y Thai Nguyen tras ocho años de ausencia. Los brotes detectados en junio de 2026 han afectado a búfalos, vacunos, cabras y cerdos, sugiriendo un vacío de inmunidad en la población ganadera nacional que ha obligado a realizar vacunaciones de emergencia y cierres temporales de

mercados ganaderos clave. Esta situación se produce en un contexto de máxima alerta en la región por la amenaza del serotipo SAT1, que ya ha sido confirmado en China y Mongolia entre abril y mayo de 2026, marcando una expansión sin precedentes de este virus desde su rango histórico en África subsahariana hacia el este de Asia.

Por su parte, Corea del Sur ha activado en julio su máximo nivel de alerta sanitaria tras confirmar focos del serotipo O en granjas de cerdos y ganado bovino en el condado de Yecheon, una región estratégica para la producción cárnica del país. Este evento representa la tercera incursión del serotipo O en lo que va de 2026, lo que ha llevado a las autoridades a acelerar las campañas de vacunación de emergencia y a intensificar la desinfección en explotaciones tras hallar trazas del virus en inspecciones rutinarias de mataderos durante el mes de junio. En paralelo, y para prevenir la entrada del serotipo SAT1 desde países vecinos, las autoridades sanitarias completaron la vacunación de emergencia de 170.000 rumiantes en zonas fronterizas. Este programa, iniciado a mediados de mayo en 11 ciudades y condados limítrofes, consistió en un esquema de dos dosis separadas por cuatro semanas; el gobierno prevé aumentar las reservas de vacunas y programar nuevas inmunizaciones para 770.000 animales en la costa oeste, integrándolas con las campañas masivas contra los serotipos O y A.

La preocupación se centra en que la mayoría de las poblaciones ganaderas en Asia son inmunológicamente vírgenes ante los nuevos linajes de SAT1 introducidos recientemente. La FAO estima que la propagación incontrolada de este serotipo en Asia-Pacífico podría generar pérdidas directas de hasta 2.000 millones de dólares anuales, lo que subraya la urgencia de fortalecer la vigilancia en mercados y puntos fronterizos, así como el diagnóstico rápido y la caracterización viral.

Fuentes: [Beacon](#) - [WOAH](#) - [FAO](#) - [European Comission](#) - [3tres3](#) - [The Korea Times](#) - [Intellinews](#) - [Tridge](#) - WRLFMD

Detección de Influenza aviar altamente patógena por primera vez en Australia

La influenza aviar altamente patógena (IAAP) ha consolidado una crisis sanitaria global sin precedentes impulsada por el clado 2.3.4.4b del subtipo H5N1, el cual ha afectado a cientos de especies de aves y mamíferos desde 2021. Entre 2025 y 2026, se han documentado más de 2.000 brotes en 64 países, resultando en la pérdida o sacrificio de aproximadamente 140 millones de aves de corral y una expansión geográfica que ya abarca todos los continentes.

Hasta mediados de 2026, Australia se mantenía como la última gran zona libre de este clado específico, pero la situación cambió el 20 de junio de 2026 con la notificación oficial ante la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) de la primera detección en una escúa parda (*Stercorarius antarcticus*) en la costa de Australia

Occidental. Los análisis genómicos han vinculado este virus, genotipo B3.2, con los eventos de mortalidad masiva registrados en las islas Heard y McDonald, donde se estima la muerte de 13.000 crías de elefantes marinos.

La evolución epidemiológica en territorio australiano ha sido acelerada, registrándose hasta el 10 de julio de 2026 un total de doce detecciones confirmadas en aves silvestres distribuidas en Australia Occidental, Australia del Sur y Nueva Gales del Sur. Un hito crítico en esta incursión ocurrió con la confirmación del virus en un charrán piquigualdo (*Thalasseus bergii*) en Robe, Australia del Sur, lo que representa la primera detección en una especie de ave residente nativa en lugar de especies migratorias. Este hallazgo marca un cambio cualitativo en la dinámica de transmisión, sugiriendo un riesgo de establecimiento y circulación sostenida en poblaciones locales que carecen de inmunidad previa ante los virus H5 altamente patógenos.

A pesar de la dispersión geográfica detectada a lo largo de las costas meridionales, las autoridades veterinarias confirman que, hasta el momento, no se ha registrado evidencia de mortalidad masiva en la fauna local ni incursiones en sistemas de producción avícola o entornos agrícolas. El riesgo para la salud humana se mantiene calificado como bajo por el Centro para el Control de Enfermedades de Australia, no habiéndose reportado infecciones en personas vinculadas a estos hallazgos.

Ante este escenario, el gobierno australiano ha movilizado una respuesta robusta, para fortalecer la bioseguridad y los sistemas de vigilancia. No obstante, la inminente temporada migratoria de primavera incrementará la presión de infección con la llegada de millones de aves desde el hemisferio norte, lo que exige mantener una vigilancia diagnóstica rigurosa y reforzar las medidas de bioseguridad estructural para mitigar el impacto.

Fuente: [WOAH](#) - [Beacon](#) - [Australian CDC](#) - [SciMex](#)

Influenza aviar altamente patógena H5N1. Mecanismo de acción en bovinos lecheros

El brote de influenza aviar altamente patógena (IAAP) H5N1 clado 2.3.4.4b en ganado lechero detectado inicialmente a principios de 2024 en Texas, Estados Unidos, presentó una manifestación clínica atípica ya que, a diferencia de lo observado en otras especies de mamíferos, donde el virus suele presentar un tropismo respiratorio o neurológico predominante, en los bovinos el patógeno mostró una afinidad inusual por las glándulas mamarias, provocando mastitis necrotizante grave sin signos respiratorios significativos. Un estudio en *Science Advances* detalla el proceso biológico por el cual el virus H5N1 utiliza los glicanos del tejido mamario como receptores de entrada, explicando por qué el patógeno se concentra en la glándula mamaria en lugar de los pulmones.

El equipo de investigación compuesto por científicos de la Universidad de Pittsburgh y la Facultad de Medicina de Harvard combinó múltiples técnicas para examinar cómo el virus H5N1 interactúa con diferentes tejidos. Su análisis demostró que no todos los receptores de glicanos funcionan de la misma manera en lo que respecta a la infección por gripe aviar y que esta depende de la distribución anatómica de receptores específicos de ácido siálico (SA).

El estudio reveló que el tejido mamario de las vacas posee una abundancia de receptores de ácido siálico "N-linked", los cuales son compatibles con la hemaglutinina del virus H5N1 y actúan como la "llave" química necesaria para la entrada viral en las células. Por el contrario, el epitelio de la tráquea bovina carece de estos receptores y presenta principalmente glicanos "O-linked", que no permiten una unión viral productiva, lo que explica la ausencia de enfermedad respiratoria sistémica en el ganado afectado.

Este tropismo tisular específico convierte a las glándulas mamarias en un entorno de replicación ideal, permitiendo que el virus alcance concentraciones extraordinariamente altas en la leche. La alta carga viral en la secreción láctea facilita una transmisión intra-rebaño extremadamente eficaz, alcanzando niveles de seroprevalencia del 90% en las poblaciones analizadas. Los datos epidemiológicos indican que incluso las vacas no lactantes pueden albergar el virus, lo que sugiere que la fase seca del ciclo productivo también representa un riesgo para la bioseguridad de las explotaciones.

Es fundamental destacar que, si bien el virus es sensible a la pasteurización comercial, el consumo de leche cruda y el manejo de animales infectados suponen un riesgo de transmisión para trabajadores rurales y animales de compañía, como los gatos, en los cuales el virus suele manifestar cuadros neurológicos fatales.

Este nuevo marco de comprensión sobre los receptores virales permitirá evaluar la vulnerabilidad de otras especies y órganos ante futuras adaptaciones del virus H5N1.

Fuente: [Science Advances](#) – [Science Daily](#) - [Infobae](#)

Ébola

La actual emergencia sanitaria provocada por el virus del Ébola Bundibugyo (BDBV) representa un desafío epidemiológico sin precedentes en África Central, exacerbado por un contexto de crisis humanitaria, desplazamientos masivos y fragilidad institucional.

A diferencia de la especie Zaire, la variante Bundibugyo ha registrado históricamente tasas de letalidad de entre el 30% y el 50%, y el brote actual, declarado formalmente el 15 de mayo de 2026, ya ha superado en magnitud a cualquier evento previo

registrado de esta cepa específica, escalando rápidamente a una Emergencia de Salud Pública de Importancia Internacional.

La situación en la República Democrática del Congo es crítica, con un reporte de **1.759 casos confirmados y 600 fallecimientos** hasta la fecha, lo que sitúa la tasa de letalidad general en un 34,1%. La provincia de Ituri se mantiene como el epicentro, concentrando el 91% de los casos nacionales, aunque la dispersión geográfica ya afecta a cinco provincias del noreste, incluyendo Kivu Norte, Kivu Sur, Haut-Uélé y recientemente Tshopo, donde la aparición de casos en la ciudad de Kisangani sugiere una transmisión autóctona sin vínculos geográficos previos. El análisis regional revela disparidades en el control de la enfermedad; mientras que en Kivu Norte la letalidad alcanza el 56,8% debido a que gran parte de los pacientes mueren fuera de los centros de atención formal, en la vecina Uganda la situación se ha mantenido estable con 20 casos confirmados y 2 muertes, sin reportarse nuevos contagios desde el 22 de junio. Este contraste sugiere que la interrupción de las cadenas de transmisión es posible ante sistemas de vigilancia robustos.

Más allá del continente africano, la **detección de un caso importado en Francia** en un médico humanitario —quien ya ha sido declarado curado— subraya el riesgo persistente de exportación internacional a través de trabajadores de primera línea, a pesar de que el riesgo global se mantiene evaluado como bajo por los organismos sanitarios. Para la comunidad científica, veterinaria y productores agropecuarios en contacto con fauna silvestre, el principal desafío radica en que los signos hemorrágicos son poco frecuentes en esta cepa, presentándose inicialmente con síntomas inespecíficos como fiebre, mialgias y trastornos gastrointestinales que suelen confundirse con patologías endémicas como la malaria.

Ante la inexistencia de una vacuna aprobada o un tratamiento estándar para el virus Bundibugyo, la respuesta médica se ha volcado hacia el uso compasivo del antiviral galidesivir en Uganda y la OMS ha iniciado en la República Democrática del Congo un ensayo clínico para determinar si dos tratamientos antivirales - remdesivir y MBP134- pueden reducir las muertes por la infección. Actualmente, la contención depende de medidas no farmacológicas como el rastreo de contactos, entierros seguros y el fortalecimiento de la bioseguridad en centros de salud, pilares que se ven severamente comprometidos por la inseguridad armada y la desconfianza comunitaria en las zonas de conflicto presentes en la región.

Fuentes: [WHO](#) – [ONU](#) – [El Litoral](#) - [Nature](#)

Brote de ciclosporiasis en los EEUU

La ciclosporiasis, una parasitosis intestinal emergente causada por el protozoo coccidio *Cyclospora cayetanensis*, ha escalado hasta convertirse en una crisis sanitaria de magnitud sin precedentes en los Estados Unidos durante el presente verano de 2026. Este parásito intracelular infecta el epitelio del intestino delgado, provocando un cuadro de diarrea acuosa, frecuentemente explosiva y de carácter recidivante, acompañada de fatiga extrema y pérdida de peso. Epidemiológicamente, su transmisión es estrictamente fecal-oral a través de la ingesta de agua o alimentos contaminados con ooquistes esporulados; es imperativo destacar que, debido a que el parásito requiere de días a semanas en el ambiente para alcanzar su estadio infectivo, no existe la transmisión directa de persona a persona, por lo que su control se enfoca en la inocuidad en la cadena de producción primaria y el manejo de productos frescos.

La situación actual en el territorio estadounidense ha tomado un giro crítico con datos actualizados al 13 de julio de 2026, revelando que el brote en la región del Medio Oeste ha superado ya los 3.000 casos confirmados sumando únicamente los reportes de Michigan y Ohio. Michigan, el epicentro de esta emergencia, ha notificado una cifra alarmante de 2.640 casos, lo que representa un incremento exponencial frente a su promedio histórico anual de apenas 50 casos. Aunque los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) mantienen un recuento nacional oficial de 843 casos domésticos distribuidos en 31 estados, la propia agencia reconoce que esta cifra es un "piso provisional" y que existen más de 1.500 casos adicionales bajo análisis epidemiológico.

Desde la perspectiva de la investigación de campo, la red de Respuesta y Evaluación Coordinada ante Brotes de la FDA se encuentra ejecutando protocolos de rastreo centrados en vehículos alimentarios de distribución masiva, específicamente cebollas blancas y verdes, pepinos y cilantro. Estos esfuerzos de trazabilidad se han intensificado tras identificar focos de infección vinculados a establecimientos de comida mexicana, cadenas de supermercados y eventos sociales con servicio de catering.

El manejo clínico actual exige una alta sospecha diagnóstica, ya que los paneles coprológicos de rutina no suelen detectar al patógeno, requiriendo pruebas de PCR específicas o tinciones ácido-alcohol resistentes modificadas para instaurar el tratamiento de elección basado en trimetoprima-sulfametoxazol.

Fuentes: [CDC](#) – [Beacon](#) – [PBS News](#) – [CNN](#) – [CNN Español](#) – [FOI Clinical](#)