



AGRICULTURA
SECRETARÍA DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL



SENASICA
SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD,
INOCUIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA



Monitor Zoosanitario



25 DE AGOSTO DE 2020



Monitor Zoonosario

Contenido

Detección de los focos del Virus del Oeste del Nilo en caballos en España, a través de una red de vigilancia sanidad animal.....	2
Análisis de susceptibilidad de 410 especies animales ante el SARS-CoV-2.....	3
Identificación de dos nuevos genes en el coronavirus aviar (Bronquitis Infecciosa Aviar) en el Reino Unido.....	4



DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO

Detección de los focos del Virus del Oeste del Nilo en caballos en España, a través de una red de vigilancia sanidad animal.



Plaga o enfermedad: Virus del Oeste del Nilo
Especie afectada reportada: Caballos
Localización: Andalucía España
Clave (s) de identificación: ZOOT.082.020.04.25082020

El 24 de agosto de 2020, de acuerdo con una nota periodística la Consejería de Agricultura, Ganadería, Pesca y Desarrollo Sostenible de Andalucía en España, informó que derivado de la vigilancia epidemiológica implementada como parte del programa para la detección del Virus del Oeste del Nilo (VON) en caballos, en los últimos días fueron confirmados focos en las provincias de Sevilla, Cádiz y Huelva;

La importancia de esta notificación radica en que permite la detección temprana de la circulación del virus en caballos y aplicar medidas de control e iniciar el tratamiento oportuno sobre aquellos ejemplares que tiene la infección; este sistema se ha implementado desde el año 2019 en España, y actualmente en otros países de la Unión Europea como Italia, Francia, Austria, Alemania o Hungría.

Mencionan que la aparición de estos brotes, se vienen detectando desde hace años, y se debe a la particular situación geográfica de Andalucía, como paso de aves migratorias, que juegan un papel reservorio del virus que transmite el mosquito Culex y otros géneros de mosquitos. Apenas un 10% de los équidos infectados desarrollan síntomas y sólo el 1% muere como consecuencia de ella. Los caballos infectados no transmiten la enfermedad a otros caballos. Existen vacunas autorizadas para la enfermedad.

Esta red de vigilancia activa, mediante caballos y aves centinelas, en explotaciones repartidas por las zonas de mayor riesgo, permite la circulación viral por el territorio.

En lo que va de año se han registrado un total de 19 positivos confirmados: 2 focos en Cádiz, uno en Puerto Real y otro en Jerez de la Frontera; 5 en Huelva (2 en Almonte y 1 en Moguer, San Bartolomé y Gibraleón); y 12 en Sevilla (4 en Lebrija, 3 en Los Palacios, 3 en Dos Hermanas y 2 en Las Cabezas de San Juan).

De acuerdo a la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE, por sus siglas en inglés), el virus se mantiene gracias a un ciclo de transmisión mosquito-ave-mosquito, mientras que se considera que los seres humanos y los équidos son huéspedes finales del virus. La mayoría de las infecciones humanas se producen por transmisión natural del virus por los mosquitos.

DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO

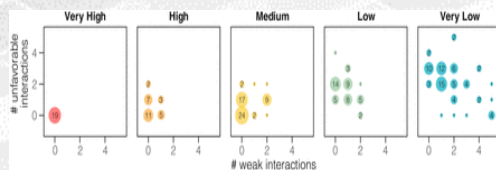
El comercio nacional de gansos y patos puede contribuir a la difusión del VON, ya que la viremia desarrollada por algunas especies ha demostrado ser suficiente para infectar a los mosquitos. La enfermedad es de declaración obligatoria ante la OIE. Los países miembros no deben imponer restricciones al comercio de huéspedes finales, como, por ejemplo, caballos.

En México, esta enfermedad tiene el estatus de exótica, por lo cual, forma parte del grupo 3 dentro del ACUERDO mediante el cual se dan a conocer en los Estados Unidos Mexicanos las enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria de los animales terrestres y acuáticos (DOF, 29/11/2018).

Fuente: Agrodiario (Nota periodística).

https://www.agrodiario.com/texto-diario/mostrar/2065218/red-andaluz-a-vigilancia-sanidad-animal-permite-deteccion-precoz-tratamiento-casos-fiebre-nilo-caballos?utm_source=newsletter&utm_medium=email&utm_campaign=Newsletter%20www.agrodiario.com
<https://www.animalshealth.es/profesionales/andalucia-sigue-virus-nilo-gracias-red-vigilancia-sanidad-animal>

Análisis de susceptibilidad de 410 especies animales ante el SARS-CoV-2.



Plaga o enfermedad: SARS-CoV-2 / COVID-19

Especie afectada reportada: No Aplica

Localización: California, Estados Unidos de América.

Clave (s) de identificación: ZOOT.013.093.03.25082020

El 21 de agosto de 2020, la Universidad de California Davis de EUA, publicó un artículo en la revista científica Proceedings of the National Academy of Sciences, sobre el análisis genómico para conocer la susceptibilidad de distintos animales al virus SARS-CoV-2.

Este estudio fue realizado para comprender las rutas de transmisión y la sensibilidad en diferentes especies al virus, ya que, la enzima convertidora de angiotensina-2 o ACE2 I, ha sido el principal receptor celular del virus y está presente en humano, por lo cual, se estudiaron 410 especies diferentes de vertebrados, incluidos aves, peces, anfibios, reptiles y mamíferos para determinar si estos son susceptibles al virus y evitar que este se propague en estas especies.

Se tomó la enzima convertidora de angiotensina-2 o ACE2, que se encuentra en diferentes células y tejidos, incluidas las células epiteliales de la nariz, la boca y los pulmones y se modeló su estructura proteica. De acuerdo al modelo, se observó que, de los 410 especímenes el 40% fueron potencialmente susceptibles a esta enfermedad, entre los cuales los visones, gatos, hámsteres,

DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO

leones y tigres, ganado vacuno y ovino tenían un riesgo medio, mientras que se encontró que los perros, caballos y cerdos tenían un riesgo bajo.

Esta investigación ayudará a determinar qué especies podrían haber servido como huésped intermediario entre el coronavirus y los humanos, para controlar futuro brotes en estas especies, así como, en humanos.

Referencias: Proceedings of the National Academy of Sciences (Artículo Científico).

Joana D., Graham M., Kathleen C., Corrie A (2020) Broad host range of SARS-CoV-2 predicted by comparative and structural analysis of ACE2 in vertebrates Proceedings of the National Academy of Sciences <https://www.pnas.org/content/early/2020/08/20/2010146117>

Enlace: <https://www.pnas.org/content/early/2020/08/20/2010146117>

Identificación de dos nuevos genes en el coronavirus aviar (Bronquitis Infecciosa Aviar) en el Reino Unido.



Plaga o enfermedad: Bronquitis Infecciosa Aviar

Especie afectada reportada: Aves

Localización: Pirbright, Reino Unido

Clave (s) de identificación: ZOOT.096.002.03.25082020

El 21 de agosto de 2020, el Instituto de Pirbright, Reino Unido publicó en la revista científica *Journal of General Virology*, un estudio acerca del descubrimiento de dos nuevos genes del coronavirus aviar, por lo que se piensa que éste podría ser más complejo de lo que se tenía reportado.

El coronavirus aviar, es el causante de la enfermedad de la bronquitis infecciosa aviar, y es muy importante ya que causa grandes pérdidas en la producción avícola. Durante el estudio, fueron utilizadas aves y huevos infectados y a través de la secuenciación fueron identificados distintos fragmentos del genoma.

Derivado de lo anterior, se descubrieron dos nuevos genes llamados Gen2 y Gen7; el Gen2 fue ubicado en la cepa *Beaudette* de la Bronquitis Infecciosa Aviar mientras que Gen7 se encontró en varias cepas diferentes del coronavirus, pero no en la de *Beaudette*.

Posteriormente, se insertó el Gen7 en la cepa *Beaudette* para ver el cambio que este podría ocasionar, lo cual ocasionó una actividad ciliar reducida. Se determinó que se debe seguir trabajando para determinar si los resultados de este estudio tienen alguna implicación para las cepas salvajes o utilizadas en vacunas.

Este nuevo estudio aportó la identificación de dos nuevos genes, lo cual, ayudará al desarrollo de nuevas vacunas y terapias antivirales.



DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO

Referencias: Journal of General Virology (Artículo Científico).

Sarah K., Michael S., Filip L. (2020) Multiple novel non-canonically transcribed sub-genomic mRNAs produced by avian coronavirus infectious bronchitis virus, Journal of General Virology

Enlace:

<https://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/jgv/10.1099/jgv.0.001474/jgv001474.pdf?expires=1598378019&id=id&accname=guest&checksum=290D6EB6962DDA49BFB4CE8AFA0B7A2C>