



AGRICULTURA
SECRETARÍA DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL



SENASICA
SERVICIO NACIONAL DE SANIDAD,
INOCUIDAD Y CALIDAD AGROALIMENTARIA



18 de mayo de 2021



Monitor Zoonosario

Contenido

Rusia: Casos de Peste Porcina Africana en un traspatio y una zona silvestres en las provincias Kaluga y Yaroslavl.....	2
EUA: Nuevo estudio sobre la patología del virus variante 2 de la Enfermedad Hemorrágica del Conejo.....	3
España: Novedoso sistema que permite identificar aminoácidos esenciales para la actividad de dos proteínas del virus de Influenza Aviar de Alta Patogenicidad subtipo H5N1.....	4
España: Aumento de casos por el Virus del Nilo Occidental en animales y humanos.....	5
Nigeria: <i>Escherichia coli</i> resistente a múltiples fármacos aislada en seres humanos, pollos y entornos avícolas.....	6
España: Primer test rápido para diagnosticar SARS-CoV-2 en animales de compañía.....	7



DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO

Rusia: Casos de Peste Porcina Africana en un traspatio y una zona silvestres en las provincias Kaluga y Yaroslavl.



Imagen representativa de las especies afectadas
https://dkt6rvnu67rqi.cloudfront.net/cdn/ff/CSliDoGWCpNBzGz64EaAYw_NlMqMYqmAo8NcpZS5u2A/1579091312/public/styles/max_1000/public/media/cr_files/jabali_y_cerdo.jpg?itok=U9s8NmCj

Recientemente, el Ministerio de Agricultura de la Federación de Rusia, realizó dos informes de notificación inmediata ante la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE, por sus siglas en inglés), sobre nuevos casos de Peste Porcina Africana, por el motivo de “reparación de la enfermedad” los cuales se ubicaron en un traspatio y una

zona silvestre en las provincias Kaluga y Yaroslavl.

De acuerdo con los reportes, se informó que hubo en el área de bosque en la localidad de Marukhta, ocho casos en jabalíes y ocho jabalíes muertos. Por otro lado en el traspatio ubicado en la ciudad de polyany, se detectó un cerdo susceptible, un caso en cerdo y un cerdo fue eliminado, para prevenir la propagación de la enfermedad, asimismo los eventos siguen en curso.

El agente patógeno fue identificado, por el Laboratorio veterinario Kaluzhskaya y el Laboratorio veterinario del Oblast de Yaroslavl mediante pruebas de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR).

Esta enfermedad está considerada en el grupo 1 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), asimismo de acuerdo con la Ventanilla Única de Comercio Exterior Mexicana (VUCEM) durante el 2021, no se han reportado importaciones de origen porcino de este país.

Referencia: Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE). (18 de mayo de 2021). Informe de notificación inmediata Rusia, Peste Porcina Africana. Recuperado de <https://wahis.oie.int/#/report-info?reportId=33373>
ZOOT.052.311.03.18052021



DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO



EUA: Nuevo estudio sobre la patología del virus variante 2 de la Enfermedad Hemorrágica del Conejo.



Imagen representativa de la especie afectada.
Créditos: <https://www.piqsels.com>

El Servicio Geológico de los Estados Unidos (USGS, por sus siglas en inglés) informó sobre un nuevo estudio de la patología del virus variante 2, de la Enfermedad Hemorrágica del Conejo, el cual aporta información oportuna sobre la naturaleza de la enfermedad a medida que el virus continúa propagándose en América del Norte.

De acuerdo con el investigador David Blehert, Jefe de la Rama de Ciencias del Laboratorio del Centro Nacional de Salud de Vida Silvestre (NWHC), este estudio proporciona

información crítica y oportuna a los administradores de recursos de vida silvestre y otros actores de conservación sobre la susceptibilidad de las especies de *Sylvilagus* sp. y *Lepus* sp. de América del Norte.

Refieren que en abril de 2020, la enfermedad se detectó por primera vez en el suroeste de los Estados Unidos de América, en conejos de rabo blanco del desierto y liebres de cola negra, nativos de América del Norte.

Las especies afectadas por la enfermedad incluyen liebres de cola negra silvestres (*Lepus californicus*), liebres antílope (*L. alleni*), conejos del desierto (*Sylvilagus audubonii*), conejos de montaña (*S. nuttallii*), conejos del este (*S. floridanus*) y salvajes, así como conejos europeos.

En el estudio se describió que los conejos y liebres (*lagomorfos*) nativos de América del Norte, muestran lesiones macroscópicas y microscópicas similares del virus, variante 2, a las reportadas en conejos europeos (*Oryctolagus cuniculus*) y otras especies de liebres (*Lepus*). La disociación hepatocelular masiva y la necrosis o apoptosis fueron los hallazgos más distintos desde el punto de vista diagnóstico en conejos y liebres positivos para la enfermedad.

Este estudio fue publicado en el Journal of Wildlife Diseases y señalan que, se necesita trabajo adicional para comprender el rango de hospedadores, la patogenicidad y los posibles efectos del virus (GI.2/RHDV2 /b) en la población de América del Norte.

Referencias: Servicio Geológico de los Estados Unidos. (12 de mayo de 2021) New study details pathology of rabbit hemorrhagic disease virus 2. Recuperado de https://www.usgs.gov/center-news/new-study-details-pathology-rabbit-hemorrhagic-disease-virus-2?utm_source=twitter&utm_medium=social&utm_term=69a95164-9f6a-483f-8164-c8824cfc9fa8&utm_content=&utm_campaign=usgswildlife&qt-news_science_products=1#qt-news_science_products

Julia S. Lankton; Susan Knowles; Saskia Keller; Valerie I. Shearn-Bochsler; Hon S. Ip Pathology of Lagovirus europaeus GI.2/RHDV2/b (Rabbit Hemorrhagic Disease Virus 2) in Native North American Lagomorphs. Journal of Wildlife Diseases. 2021. 10.7589/JWD-D-20-00207. SN 0090-3558 <https://doi.org/10.7589/JWD-D-20-00207> <https://meridian.allenpress.com/jwd/article/doi/10.7589/JWD-D-20-00207/464919/Pathology-of-Lagovirus-europaeus-GI-2-RHDV2-b> ZOO1.012.070.04.18052021



DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO

España: Novedoso sistema que permite identificar aminoácidos esenciales para la actividad de dos proteínas del virus de Influenza Aviar de Alta Patogenicidad subtipo H5N1.



Imagen representativa de la especie afectada.
Créditos: <https://www.piqsels.com>

El Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA) de España, informó de un novedoso sistema basado en bacterias que permiten identificar aminoácidos esenciales para la actividad de dos proteínas del virus de la Influenza Aviar de Alta Patogenicidad (IAAP) subtipo H5N1.

Refieren que, este estudio se realizó en colaboración con investigadores del el Centro de Investigación en Sanidad Animal del INIA, el Centro Nacional de Biotecnología (CNB), junto con el Texas Biomedical Research Institute de Estados Unidos de América y fue publicado en la revista Journal of Virology.

De acuerdo con el estudio, identificaron múltiples aminoácidos determinantes para la función de las proteínas PA y PA-X del virus de IAAP subtipo H5N1. Para ello los investigadores, hicieron uso de un novedoso sistema basado en bacterias. Mediante este método, el gen viral que codifica para la proteína PA-X fue clonado en un plásmido bajo el promotor del fago T7, de tal forma que la expresión basal de PA-X fue suficiente para inducir la introducción de mutaciones que afectaban a la actividad de PA-X.

Los investigadores identificaron cambios de aminoácidos que suprimían la actividad de la proteína PA-X para inhibir la expresión génica de la célula infectada y que también afectaban a la actividad polimerasa de la proteína viral PA.

De acuerdo con los investigadores, el hallazgo permitirá desarrollar nuevas terapias antivirales dirigidas contra elementos claves del virus y servirá de base para el diseño de nuevos compuestos dirigidos contra estas regiones críticas de las proteínas virales PA-X o PA.

Los resultados de este estudio también sugieren que, el sistema basado en bacterias desarrollado podría emplearse para el estudio de otras proteínas virales implicadas en la replicación viral o en la inhibición de la expresión génica de la célula.

Referencia: Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA). (17 de mayo de 2021). Un novedoso sistema basado en bacterias permite identificar aminoácidos esenciales para la actividad de dos proteínas del virus de la gripe aviar H5N1 de alta patogenicidad Recuperado de <https://inianoticias.wordpress.com/2021/05/17/un-novedoso-sistema-basado-en-bacterias-permite-identificar-aminoacidos-esenciales-para-la-actividad-de-dos-proteinas-del-virus-de-la-gripe-aviar-h5n1-de-alta-patogenicidad/#more-708>

Kevin Chiem, Darío López-García, Javier Ortego, Luis Martínez-Sobrido, Marta L. De Diego, Aitor Nogales. Identification of amino acid residues required for inhibition of host gene expression by influenza A/Viet Nam/1203/2004 H5N1 PA-X. Journal of Virology. 2021. doi: 10.1128/JVI.00408-21. ZOOT.026.029.04.18052021



DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO



España: Aumento de casos por el Virus del Nilo Occidental en animales y humanos.



Recientemente, el Centro de Control de Alertas y Emergencias y el Instituto de Salud Carlos III publicó un estudio en la revista científica *Eurosurveillance* sobre el incremento de casos de Virus del Nilo Occidental (VON) en España en 2020 con el enfoque de 'Una Salud' (One Health).

El VON es un patógeno zoonótico transmitido de aves a mamíferos, en particular humanos y caballos, por los mosquitos del género *Culex* (mosquito común). Los primeros casos de VON en España, se documentaron en la década de 1980, para este estudio se tomaron los casos durante el verano 2020, donde los primeros cinco casos en humanos se identificaron en agosto en los municipios de la provincia de Sevilla y Andalucía, simultáneamente se notificaron cuatro brotes de VON en explotaciones de équidos en Andalucía, un mes después, el 11 de septiembre, también se identificaron casos humanos en Cádiz, y luego en Badajoz el 22 de septiembre.

Posteriormente, al 30 de noviembre de 2020, se notificaron 77 casos de infección en humanos, 40 (52%) de los cuales fueron confirmados entre cuatro y 88 años de edad, mientras que durante este mismo periodo se notificaron un total de 139 casos en équidos (ocho en animales centinela y los otros 131 identificados mediante vigilancia pasiva).

Por lo anterior, determinaron que el aumento del riesgo y de los casos, junto con la circulación de la enfermedad en animales infectados, supondrán un desafío para mejorar la capacidad para detectar casos en humanos, así como, desarrollar nuevas técnicas de vigilancia como en el diagnóstico, posibles tratamientos, y el desarrollo de procesos optimizados de diagnóstico de laboratorio. Cabe resaltar que, esto tiene como propósito integrar el enfoque de Una Salud (One Health) e incluir a todos los sectores implicados en la enfermedad (salud animal, humana, vector, medioambiente, entre otros) en España.

Referencia: Eurosurveillance (13 de mayo de 2021) Rodríguez A., Fernández M., Sierra M., Pachés P., Villaceros, Lorusso N., Oyonarte S., Mahillo B., Sánchez S., Suárez R., Ameyugo C., Ruiz C. Unprecedented increase of West Nile virus neuroinvasive disease, Spain, summer. Recuperado de: https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2021.26.19.2002010#metrics_content

ZOOT-082.043.03.18052021



Nigeria: *Escherichia coli* resistente a múltiples fármacos aislada en seres humanos, pollos y entornos avícolas.



Recientemente el Departamento de Salud Pública Veterinaria y Medicina Preventiva de la Universidad

Ahmadu Bello de Nigeria publicó un artículo en la revista científica BioMed Central sobre la prevalencia de *Escherichia coli* resistente a múltiples fármacos en seres humanos, aves de corral y en entornos de las granjas avícolas.

De acuerdo con la publicación, se realizó un estudio transversal entre trabajadores avícolas, pollos y sus entornos de granjas en la provincia de Abuja, Nigeria, donde tomaron 122 muestras de heces humanas obtenidas de trabajadores avícolas, 111 de heces fecales de pollos en granjas y 196 de arena y agua obtenidas de sus entornos de granja, dando un total de 429 muestras.

De las muestras, realizaron un análisis de prevalencia de *E. coli* donde un total de 115 muestras (26,8%) fueron positivas, de las cuales 47 (42,7%) fueron en trabajadores avícolas, 36 (32,7%) de pollos y 27 (24,5%) de entornos de granjas avícolas.

Posteriormente, estas fueron analizadas para determinar su resistencia a los fármacos, los resultados obtenidos fueron que 101 (91,8%) de los aislados fueron resistentes al menos a 3 fármacos, asimismo se observó una alta frecuencia de resistencia para tetraciclina (92,7%), trimetoprima / sulfametoxazol (84,5%), estreptomycin (79,1%) y ampicilina (80%).

Asimismo, se concluyó que los aislamientos de *E. coli* fueron frecuentes entre los trabajadores, las aves de corral y el entorno de las granjas avícolas, por lo cual se debe informar a las autoridades competentes de para que se cumplan las reglamentaciones contra la resistencia a los antimicrobianos (RAM) para garantizar un uso prudente de los mismos y prevenir el riesgo de transmisión a lo largo de la cadena alimentaria.

Referencia: BioMed Central. (23 de marzo de 2021). Aworh, M.K., Kwaga, J.K.P., Hendriksen, R.S. et al. Genetic relatedness of multidrug resistant *Escherichia coli* isolated from humans, chickens and poultry environments. Antimicrob Resist Infect Control. Recuperado de: <https://aricjournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13756-021-00930-x>
ZOOT.089.031.03.18.05.2021



DIRECCIÓN DE SISTEMATIZACIÓN Y ANÁLISIS SANITARIO

España: Primer test rápido para diagnosticar SARS-CoV-2 en animales de compañía.



Imagen representativa de la especie afectada.
Créditos: <https://www.piqsels.com>

La Universidad de Zaragoza en España, informó que un grupo multidisciplinario de investigadores desarrolló el primer test rápido de inmunocromatografía, multiespecie para el diagnóstico serológico de la infección por SARS-CoV-2 en animales de compañía.

Mencionan que, puede ser utilizado de forma sencilla, de manera *in situ*, sin necesidad de disponer de un laboratorio, lo que agiliza la toma de decisiones.

Este proyecto es financiado por el programa *Covid-19 Santander-Unizar* y liderado por la Dra. Maria Dolores Pérez Cabrejas y ha contado con la colaboración interdisciplinaria de diferentes grupos de investigación del Instituto de Biocomputación y Física de Sistemas Complejos (BIFI), Instituto de Investigación Sanitaria Aragón (IIS Aragón), además de la empresa de biotecnología Zeulab y la Universidad de Zaragoza-Instituto Agroalimentario de Aragón (UNIZAR-IA2).

Señalan que, para llevar a cabo este proyecto se tiene la colaboración de la empresa de biotecnología aragonesa Zeulab, que ha puesto a disposición del proyecto el equipamiento del laboratorio de I+D y ha participado en la preparación y validación del prototipo del test desarrollado.

El objetivo de este proyecto ha sido el desarrollo de una prueba rápida multiespecie de inmunocromatografía de flujo lateral, basado en la detección de anticuerpos anti-SARS-CoV-2, para su utilización en el diagnóstico serológico en animales de compañía.

El pasado mes de marzo se hizo una solicitud de patente por la Universidad de Zaragoza en la Oficina Europea de Patentes.

Referencia: Universidad de Zaragoza. (17 de mayo de 2021). Desarrollado el primer test rápido multiespecie para el diagnóstico serológico de la infección por SARS-CoV-2 en animales de compañía. Recuperado de <https://www.unizar.es/noticias/developed-el-first-rapid-multispecies-test-for-the-serological-diagnosis-of-sars-cov-2-in-companion-animals>
ZOOT 013.225.04.18052021