

ARGENTINA

- Vigilancia epidemiológica de enfermedad tipo influenza
- Confirmaron nuevos casos positivos de influenza aviar A(H5) en aves
- Chubut: Confirmaron un nuevo caso de hantaviriosis en El Maitén

AMÉRICA

- Bolivia: La peor epidemia de dengue suma 15.645 casos
- Brasil: Instalaron un Centro de Operaciones de Emergencia para enfrentar las arbovirosis
- Cuba: Autoridades sanitarias en alerta por brote de varicela en Sancti Spíritus
- Estados Unidos: Entre 2011 y 2019 se han duplicado los casos de babesiosis en el noreste del país
- Paraguay: Se detectan casos de fiebre chikungunya en todos los departamentos del país

EL MUNDO

- Burundi: Declaran brote de infecciones por poliovirus circulante tipo 2 derivado de la vacuna
- China: Fuerte evidencia de que la pandemia de COVID-19 se inició en un animal
- India: Maharashtra es el estado que reportó más casos de sarampión en 2022
- Indonesia: Aumentan a nueve las muertes por difteria en Garut
- Uganda: Brote de fiebre del Valle del Rift
- Vietnam: Reportan una nueva muerte humana por rabia en la provincia de Lào Cai

Comité Editorial

Editor Honorario ÁNGEL MÍNGUEZ (1956-2021)

Por su invaluable legado como científico y humanista destacado, y por su esfuerzo en la consolidación del proyecto editorial del REC, como órgano de divulgación destacado en el ámbito de la Epidemiología.

Editor en Jefe

ÍLIDE SELENE DE LISA

Editores adjuntos

RUTH BRITO
ENRIQUE FARÍAS

Editores Asociados

ISSN 2796-7050

ADRIÁN MORALES // ÁNGELA GENTILE // NATALIA SPITALE
SUSANA LLOVERAS // TOMÁS ORDUNA // DANIEL STECHER
ANA CEBALLOS // DOMINIQUE PEYRAMOND // LOLA VOZZA
CARLA VIZZOTTI // FANCH DUBOIS // GUILLERMO CUERVO
DANIEL PRYLUKA // FERNANDO RIERA // CHARLOTTE RUSS
SALVADOR GARCÍA JIMÉNEZ // ALFONSO RODRÍGUEZ MORALES
PILAR AOKI // HUGUES AUMAITRE // MARÍA BELÉN BOUZAS
JORGE BENETUCCI // PABLO BONVEHÍ // ISABEL CASSETTI
HORACIO SALOMÓN // JAVIER CASELLAS // EDUARDO SAVIO
SERGIO CIMERMAN // GUSTAVO LOPARDO // EDUARDO LÓPEZ

Patrocinadores



Adherentes



Distinguido por la Legislatura de la Provincia de Córdoba, según Decreto N° 19197/17, del 17 de mayo de 2017.

© Copyright 2020 - ISSN 2796-7050 - recfot - All Rights Reserved

Nota de la Editorial: La Editorial no se responsabiliza por los conceptos u opiniones vertidos en entrevistas, artículos y documentos traducidos y/o reseñados en este Reporte, los cuales son de exclusiva responsabilidad de los respectivos entrevistados, traductores, autores o colaboradores.

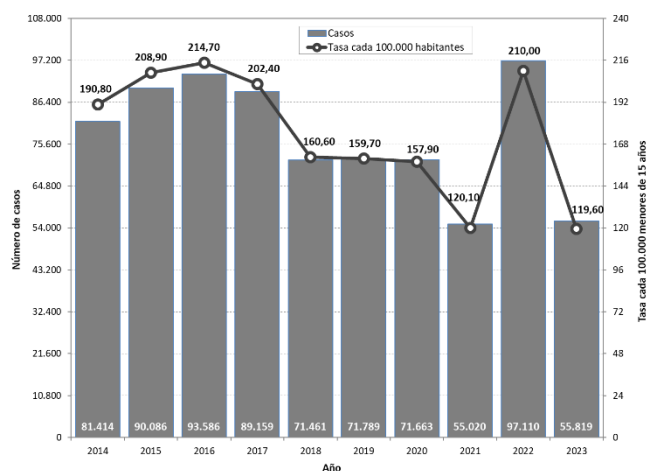
En el año 2023, hasta la semana epidemiológica (SE) 8, se notificaron en el componente de Vigilancia Clínica del Sistema Nacional de Vigilancia de la Salud (SNVS^{2.0}) 55.819 casos de enfermedad tipo influenza, con una tasa de incidencia acumulada de 119,6 casos cada 100.000 habitantes.

En base a los datos de las primeras 8 SE de los últimos diez años, se observa que en 2022 se registró hasta la fecha el mayor número de casos del período (97.110 casos), seguido del año 2016 (93.586 casos). El número de casos notificados en 2023 es menor en relación al registro histórico para los años 2014-2020 y apenas superior al del año 2021.

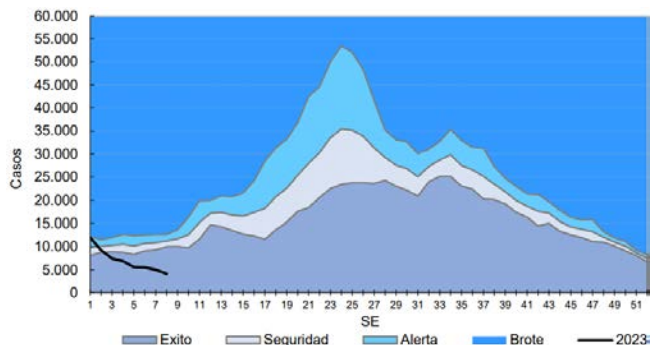
Las cifras de notificaciones registradas en el SNVS^{2.0} se encuentran entre las zonas de alerta y seguridad en la primera semana de 2023, situándose dentro de los límites esperados entre las SE 2 y 8.

Desde el inicio de la estrategia de vigilancia de las unidades de monitoreo de pacientes ambulatorios (UMA) se analizaron mediante reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa (RT-PCR) 11.022 muestras para influenza. En 2022, el porcentaje de positividad alcanzó un máximo entre las SE 16 y 17, con valores por debajo de 10% hasta la SE 35. Entre las SE 36 y 45, se registra un nuevo ascenso en la positividad, alcanzando a 56,04% en la SE 45, con un posterior descenso a partir de la SE 46, sin detecciones positivas en la SE 9 de 2023 hasta la fecha.

Las muestras positivas para virus Influenza fueron 2.251: de éstas, 928 (41,23%) fueron positivas para Influenza A y 1.323 (58,77%) para Influenza B. Respecto de los virus Influenza A, 175 muestras cuentan con subtipificación, detectándose Influenza A(H3N2) en 124 muestras e Influenza A(H1N1)pdm09 en 51 muestras. Desde el comienzo de la implementación de la estrategia UMA y hasta la SE 23 de 2022 se registró de manera predominante la circulación de



Casos notificados y tasas de notificación cada 100.000 habitantes. Argentina. Años 2014-2023, hasta semana epidemiológica 8. Fuente: Ministerio de Salud de Argentina.



Corredor endémico semanal 2023, hasta semana epidemiológica 8, en base a datos de los años 2015/2019. Argentina. Fuente: Ministerio de Salud de Argentina.

A(H3N2). A partir de la SE 30 se registraron casos de A(H1N1). Entre las SE 33 y 52 nuevamente se registran casos de influenza B, con el mayor número de casos identificados entre las SE 44 y 45. De los casos de influenza B detectados entre la SE 16 de 2022 y la SE 9 de 2023, 33 corresponden a influenza B linaje Victoria, mientras que los 1.290 casos restantes son influenza B sin identificación de linaje.

Los casos de influenza se detectaron en todos los grupos etarios, con el mayor número de muestras positivas en los grupos de 25-34 años y 35-44 años.

Entre las SE 23 de 2022 y 9 de 2023, se analizaron en laboratorio 22.586 muestras de pacientes hospitalizados, con 4.075 detecciones positivas (porcentaje de positividad de 18,04%); de éstas, 1.937 fueron Influenza A y 2.138 Influenza B. Respecto de los virus Influenza A, 786 muestras cuentan con subtipificación, de las cuales 398 (50,64%) son Influenza A(H3N2) y 388 (49,36%) son Influenza A(H1N1)pdm09. De las muestras positivas para Influenza B, 1.644 no cuentan con la identificación del linaje y 494 corresponden a Influenza B linaje Victoria.

En relación a la distribución temporal de casos de influenza en pacientes hospitalizados durante el año 2022, desde el inicio de la estrategia se registran casos de influenza A(H3N2) y A(H1N1). En relación a los virus influenza B, a partir de SE 34 y durante el resto del año, se observa un mayor número de detecciones positivas. Entre las SE 23 y 34, el porcentaje de positividad en el grupo analizado se mantiene menor a 10%, observándose un ascenso entre las SE 35 y 44, con valores que oscilan en un rango de 12,96% a 48,86%, con una disminución a partir de la SE 45, situándose en 4,08% en la SE 52. En la SE 9 del año 2023, el porcentaje de positividad para influenza en este grupo es de 0,63%.

En el periodo analizado, las detecciones positivas para Influenza predominan en los grupos de menores de 5 años, en el de 5 a 9 años y en el de 45 a 64 años.

En el año 2022, se registraron 143 fallecimientos con diagnóstico de influenza.

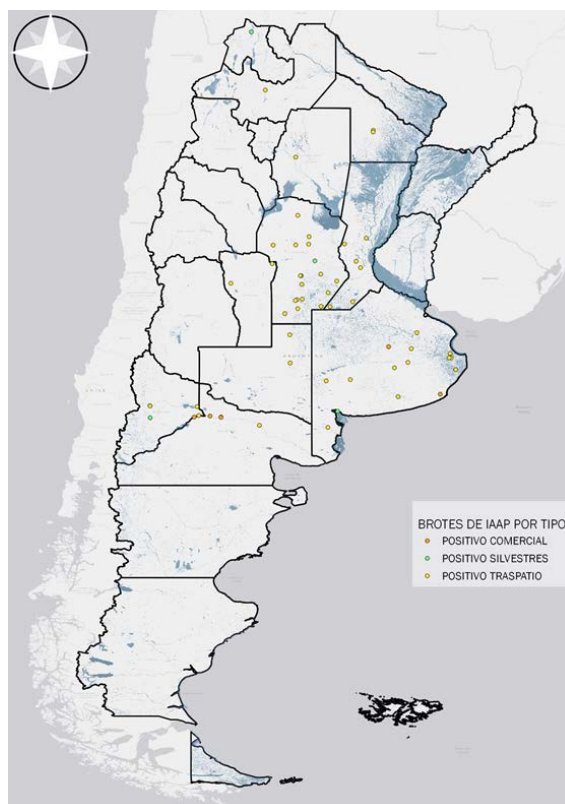
El Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) informó que, el 19 de marzo, de las muestras analizadas por su Laboratorio Nacional, se diagnosticó un nuevo caso positivo de influenza aviar A(H5), en aves del sector comercial de Colonia Cavour, provincia de Santa Fe.

De esta manera, de las más de 300 notificaciones analizadas por el Laboratorio del SENASA, a la fecha son 60 los casos confirmados, en aves de traspatio (49), silvestres (4) y sector comercial (7) distribuidos en las provincias de Córdoba (18), Buenos Aires (15), Neuquén (7), Santa Fe (7), Río Negro (4), Chaco (2), La Pampa (2), San Luis (2), Jujuy (1), Salta (1), y Santiago del Estero (1).

Tras la confirmación de los casos, agentes de los centros regionales del SENASA, efectúan las acciones sanitarias correspondientes en los predios afectados. El organismo está trabajando en acciones sanitarias y de rastillaje en todas las regiones donde se realizaron los hallazgos.

Al mismo tiempo, en las zonas del país donde no se ha detectado la presencia de influenza aviar el SENASA mantiene medidas de prevención y vigilancia permanentes; habiendo reforzado los controles en los pasos fronterizos con Brasil, Bolivia, Paraguay y Uruguay, de las provincias de Entre Ríos, Chaco, Formosa, Corrientes, Misiones, Jujuy y Salta.

El SENASA enfatizó su recomendación al sector productivo de reforzar las medidas de manejo, higiene y bioseguridad de sus granjas avícolas y que le notifiquen inmediatamente toda detección de signos clínicos nerviosos, digestivos o respiratorios, disminución en la producción de huevos, en el consumo de agua o alimento y alta mortandad en aves domésticas o silvestres. También recuerda tomar todas las medidas de prevención y no manipular las aves cuando se detectan estos cuadros clínicos.



Distribución geográfica de brotes de influenza aviar A(H5). Argentina. Datos al 18 de marzo de 2023. Fuente: Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria.

Pueden consultarse las acciones en territorio implementadas por el SENASA entre el 11 y el 17 de marzo de 2023 haciendo clic [aquí](#).

El Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) solicitó que, en caso de observarse la presencia o sospecha de signos clínicos compatibles con influenza aviar de alta patogenicidad en aves o el hallazgo de aves domésticas y/o silvestres muertas, notificar la novedad:

- en cualquiera de sus oficinas;
- por medio de la aplicación "Notificaciones SENASA";
- enviando un correo electrónico a notificaciones@senasa.gob.ar;
- ingresando al apartado "Avisa al SENASA" de la página web del organismo; o
- enviando un WhatsApp al 11-5700-5704.

El Ministerio de Salud de Chubut, a través del Área Programática Esquel, confirmó el 17 de marzo la detección de un nuevo caso de hantavirus en la región cordillerana, correspondiente a un menor de edad que reside en la localidad de El Maitén, el que actualmente se encuentra internado en el Hospital Zonal de Esquel, con una buena evolución clínica.



Ratón colilargo (*Oligoryzomys longicaudatus*).

Este evento endémico fue corroborado por el laboratorio del nosocomio cordillerano, tras efectuar los análisis correspondientes.

En tal sentido, y según los resultados arrojados durante la investigación inicial, el caso en cuestión fue inicialmente atendido en el efector de salud de El Maitén, tras presentar síntomas compatibles con la enfermedad, siendo posteriormente derivado al Hospital Zonal de Esquel dada la complejidad del cuadro clínico.

De igual manera, y siguiendo la normativa nacional que establece los procedimientos a realizarse ante la aparición de un caso de hantavirus, una vez notificada la situación los equipos técnicos de Epidemiología, Salud Mental, Salud Ambiental y de Trabajadores Comunitarios de Salud en Terreno del Área Programática Esquel se trasladaron a la localidad de El Maitén, para continuar avanzando en la investigación del episodio junto a los equipos sanitarios del hospital local, instrumentando además las pertinentes medidas preventivas y pautas de alerta, así como también la identificación de los contactos estrechos y su consecuente aislamiento respiratorio.

Así, entre las principales acciones desarrolladas a lo largo del 17 de marzo se destacan la profundización de la investigación de campo para la identificación de los contactos estrechos; los aislamientos respiratorios correspondientes; el posterior seguimiento y contención de los contactos estrechos durante los días subsiguientes a la exposición; la detección de personas sintomáticas sospechosas; y, como resultado final de la identificación de las actividades realizadas por el caso confirmado, la ejecución de un control de foco ambiental, incluyendo la colocación de trampas para la captura de roedores y su aislamiento viral.

Articulación con la comunidad educativa

Por otra parte, al haberse identificado que algunos de los contactos estrechos son también menores de edad, con concurrencia a la Escuela Agraria de Buenos Aires Chico, durante las últimas horas del 17 de marzo se realizó una reunión entre los equipos sanitarios y la comunidad educativa, con el objetivo de informar y trabajar articuladamente en las acciones y pautas de cuidado que permitan acompañar y llevar tranquilidad a los adolescentes, así como también a sus propias familias.

Síntomas y prevención

El Ministerio de Salud provincial solicitó a los referentes sanitarios y educativos de la zona que refuercen los mensajes de prevención, haciendo especial énfasis en la necesidad de no concurrir a ámbitos laborales, escolares, sociales o familiares en caso de presentar síntomas compatibles con la enfermedad: fiebre de 38°C o más, dolores musculares, escalofríos, cefalea, náuseas, vómitos, dolor abdominal o diarrea sin compromiso de vías aéreas superiores.

Además, recordó que el período de incubación del virus fluctúa entre los 7 y los 45 días, por todo lo cual adquiere una gran relevancia el desarrollo de las acciones de control de foco de los contactos estrechos de un caso positivo, así como también la realización de prácticas ambientales preventivas, a fin de evitar la aparición de casos secundarios.

Transmisión del virus

Por último, desde la Dirección Provincial de Patologías Prevalentes y Epidemiología, dependiente de la cartera sanitaria chubutense, detallaron que los hantavirus se transmiten fundamentalmente por la inhalación de aerosoles cargados de virus provenientes de heces, orina, o saliva de roedores infectados.

Asimismo, otras posibles vías de transmisión son el contacto de las mucosas conjuntivales, nasales o bucales con excrementos o secreciones de roedores infectados, y las mordeduras de los roedores infectados, existiendo también evidencia de transmisión área de persona a persona.

El síndrome cardiopulmonar por hantavirus puede presentarse como un cuadro leve con un síndrome febril inespecífico, o manifestarse de una forma más grave con insuficiencia respiratoria severa y shock cardiogénico, por lo que ante la aparición del primer síntoma es de suma importancia concurrir al efector de salud más cercano.

Hubo varios casos de infecciones por hantavirus en la provincia de Chubut en el año 2022, incluidos dos casos con infecciones adquiridas en el Parque Nacional Los Alerces.

El informe no brinda ninguna indicación acerca del entorno ambiental en el que esta menor de edad podría haber contraído la infección.

Aunque no se menciona el virus involucrado en este caso, lo más probable es que se trate del virus Andes, que se encuentra en el oeste de Argentina en el ratón colilargo (*Oligoryzomys longicaudatus*). También existe la posibilidad de infección por el hantavirus Seoul, que se encuentra ampliamente distribuido en el mundo en la rata parda (*Rattus norvegicus*). El virus Andes también puede transmitirse directamente entre personas en contacto físico cercano. Es por eso que los contactos estrechos del caso positivo están bajo vigilancia en caso de transmisión del caso anterior.

La aplicación del plan estratégico de lucha contra el dengue logró, en la última semana epidemiológica, una drástica disminución de los casos de dengue en Bolivia, con una tasa de incidencia de 0,3% cada 100.000 habitantes, informó el 20 de marzo el ministro de Salud y Deportes, Jeyson Marcos Auza Pinto.

“Desde la semana epidemiológica 6 se ha presentado una disminución de la tasa de incidencia, excepto en la semana 9 que registró un incremento de casos, alcanzando hasta esta semana epidemiológica 11 una tasa de incidencia de 0,3%”, dijo Auza.



En la última semana epidemiológica la tasa de incidencia disminuyó en los siete departamentos donde se registra la enfermedad.

Según los datos oficiales, hasta el 19 de marzo, en Bolivia se registraron 15.645 casos acumulados de dengue y los contagios de esa jornada fueron 47.

El departamento de Santa Cruz presenta 11.152 casos acumulados, Beni 1.510, Tarija 1.545, La Paz 561, Pando 108, Chuquisaca 508 y Cochabamba 261.

La cifra de decesos alcanzó a 47.

El ministro informó que el departamento de Santa Cruz, epicentro del brote del dengue, presenta una incidencia de 0,4%. En la semana epidemiológica 5 registró 5,4%.

En Beni, la disminución de la tasa de incidencia fue de 4,3% a 0,3%. En tanto, en Tarija la tasa de incidencia disminuyó de 6,35 a 0,5%. La Paz bajó la incidencia de 4,4% en la semana 8 a 0,5%.

“La tendencia de la tasa de incidencia es descendente; las acciones que se llevaron adelante han logrado la disminución de casos y esta semana epidemiológica solo se registró un deceso”, dijo Auza.

Sin embargo, el ministro instó a la población a no bajar la guardia porque “la enfermedad en cualquier momento puede tener una variación”.

La epidemia ha agravado la crisis política entre el ministro de Salud y Luis Fernando Camacho Vaca, gobernador de Santa Cruz, detenido en La Paz bajo acusaciones de participar en la planeación de un golpe de Estado contra Juan Evo Morales Ayma en 2019.

Para monitorear el aumento de los casos de dengue, fiebre chikungunya y fiebre zika en el país, el Ministerio de Salud de Brasil instaló el Centro de Operaciones de Emergencia (COE Arboviroses), con el objetivo de desarrollar estrategias para controlar y reducir los casos graves y las muertes. La alerta se da por el aumento en los registros de estas enfermedades, como los casos de dengue, que crecieron 43,8% hasta marzo de este año, en comparación con igual período del año pasado. Las notificaciones de fiebre chikungunya aumentaron 97%.

“Identificamos aumentos en algunos estados, lo que nos pone en alerta. Ya enviamos equipos de campo para hacer un diagnóstico de la situación en estas zonas y reforzaremos el seguimiento del escenario de los arbovirus en todo el país. La prioridad es concientizar a la población para controlar la propagación de estas enfermedades”, dijo Alda Maria da Cruz, directora del Departamento de Enfermedades Transmisibles del Ministerio de Salud.

Con la activación del COE, la cartera dará seguimiento a la situación, con énfasis en dengue y fiebre chikungunya, para orientar la ejecución de acciones encaminadas a la vigilancia epidemiológica y de laboratorio, asistencia y control vectorial. La planificación de acciones y la respuesta coordinada se realizará en conjunto con los estados y municipios.

Dengue

En 2022, entre enero y principios de marzo, se notificaron 209.900 casos probables de dengue. En 2023, el número saltó a 301.800, en el mismo período de tiempo, una incidencia de 141,5 casos cada 100.000 habitantes. En cuanto a los casos graves, se registraron 2.900 entre todas las notificaciones. Este número disminuyó en comparación con el mismo período del año pasado: alrededor de 3.800 registros. En lo que va del año, se han reportado 73 muertes por la enfermedad. Otros 64 aún están bajo investigación. En el mismo período del año pasado, el número total de muertes confirmadas fue de 172.

La región con mayor incidencia de dengue en 2023 es la Centro-Oeste, con 254,3 casos cada 100.000 habitantes, seguido del Sudeste, con 214,7 casos cada 100.000 habitantes, y el Sur, con 98,2 casos cada 100.000 habitantes. Espírito Santo fue el estado que presentó el mayor aumento en las tasas de incidencia, con 921,7 casos cada 100.000 habitantes, seguido de Mato Grosso do Sul, (432,5 casos cada 100.000 habitantes) y Minas Gerais (392,1 casos cada 100.000 habitantes).

Fiebre chikungunya

En 2023, también entre enero y principios de marzo, hubo 43.000 casos probables de fiebre chikungunya, un aumento de 97,1% en comparación con el mismo período de 2022. Este año se confirmó una muerte en Espírito Santo y otras 13 están bajo investigación. El año pasado, en el mismo período, se confirmaron 14 muertes.

La región con mayor incidencia de la enfermedad en 2023 es la Sudeste, con 34,3 casos cada 100.000 habitantes, seguido de la Nordeste (13,8 casos cada 100.000 habitantes) y la Norte (13,1 casos cada 100.000 habitantes). Tocantins tiene la mayor incidencia (139,2 casos cada

100.000 habitantes), seguido de Minas Gerais (129,0 casos cada 100.000 habitantes), y Espírito Santo (51,6 casos cada 100.000 habitantes).

Fiebre zika

En cuanto a la fiebre zika, entre enero y fines de febrero de este año se reportaron 1.194 casos probables de la enfermedad, un aumento de 35,2% si se compara con el mismo período de 2022, cuando se registraron 883 casos probables. La región Norte del país presenta, en 2023, la mayor incidencia de la enfermedad, con 2,8 casos cada 100.000 habitantes, seguida por las regiones Nordeste (1,0 casos cada 100.000 habitantes) y la Sur (0,5 casos cada 100.000 habitantes).

El estado de Tocantins también tiene la mayor incidencia de fiebre zika, con 28 casos cada 100.000 habitantes. Le siguen Rio Grande do Norte, (2,8 casos cada 100.000 habitantes) y Bahía (1,2 casos cada 100.000 habitantes).

Las autoridades sanitarias de Sancti Spíritus indicaron que el territorio se encuentra en alerta debido a un brote de varicela que ha afectado a más de 100 ciudadanos.

Alrededor de 120 personas en la provincia han necesitado atención médica por dicha enfermedad, siendo los niños de entre 5 y 9 años los más afectados.

Según la vicedirectora de Higiene del Centro Provincial de Higiene, Epidemiología y Microbiología, Yurien Negrín Calvo, la ciudad cabecera es la que presenta la mayor cantidad de casos, seguida de los municipios de Cabaiguán, Yaguajay, Trinidad, Le Sierpe, Fomento y Taguasco.

La funcionaria señaló que el municipio de Jatibonico ha sido el único en la provincia que no ha reportado casos de varicela.

De igual manera, reconoció el problema como una epidemia, por lo que las autoridades sanitarias se han puesto en alarma.

“El corredor endémico de la provincia se encuentra en la zona de alarma. Al cierre de esta semana, el municipio de Sancti Spíritus se halla en epidemia, mientras que el resto de los territorios, excepto Jatibonico que se encuentra en éxito, permanecen en la zona de seguridad”.

La funcionaria señaló que la varicela ha afectado de manera similar a ambos sexos, pero las edades son las que difieren, con 16 personas mayores de 25 años siendo contagiadas, mientras que el resto son menores de edad.

Negrín Calvo aseguró que los dos primeros brotes de la enfermedad fueron controlados, algo que determinaron luego de que pasara una semana sin que se reportaran contagios nuevos. “No obstante, existen otras escuelas que reportan niños con varicela, pese a que no estén considerados como brotes”, agregó.

La experta explicó que la varicela tiene un índice de contagio muy alto, y que sus principales síntomas incluyen fiebre y erupciones cutáneas que generan comezón. Estas erupciones ocurren en áreas como el cuero cabelludo, el rostro, y el tronco. Estos síntomas aparecen entre los 14 y los 16 días de haberse expuesto a la enfermedad.

Los casos de babesiosis, una enfermedad transmitida por garrapatas, se duplicaron con creces en algunos estados del noreste de Estados Unidos entre 2011 y 2019, según un reciente [estudio](#).

Aunque muchas personas con babesiosis son asintomáticas, otras [desarrollan síntomas](#) similares a los de la influenza, como fiebre, escalofríos, sudores y dolores musculares. La enfermedad puede ser grave o incluso fatal en personas que tienen sistemas inmunológicos comprometidos u otros factores de riesgo.



Garrapata patas negras (*Ixodes scapularis*)

La enfermedad, que durante décadas fue extremadamente rara en Estados Unidos, ahora es endémica en 10 estados del Noreste y el Medio Oeste. El aumento puede haber sido impulsado por el incremento de las temperaturas y la creciente población de ciervos, dos factores que ayudan a que las garrapatas prosperen.

La babesiosis es causada por parásitos que normalmente se encuentran en ratones y otros roedores. Las garrapatas patas negras (*Ixodes scapularis*), que pueden transmitir la enfermedad de Lyme, también pueden transmitir la babesiosis a los humanos después de alimentarse de ratones infectados.

El primer caso en Estados Unidos se informó en 1969 en Massachusetts. Hoy en día, la mayoría de los casos ocurren en el Noreste y el Medio Oeste Superior durante la primavera y el verano. El parásito también puede transmitirse por transfusiones de sangre, y la Administración de Alimentos y Medicamentos recomienda evaluar la sangre donada en ciertos estados.

En el estudio, se analizaron 16.174 casos de babesiosis informados en 10 estados entre 2011 y 2019. Solo en 2019, hubo más de 2.300 casos, más del doble que en 2011. La enfermedad era más común en New York, Massachusetts y Connecticut, que normalmente registraban cientos de casos por año.

Pero hubo diferencias regionales en las tendencias. En dos estados del Medio Oeste, Minnesota y Wisconsin, la cantidad de casos anuales se mantuvo relativamente constante. Por el contrario, en ocho estados del noreste, el número de casos aumentó significativamente durante ese período, con los aumentos más pronunciados en Vermont, Maine, New Hampshire y Connecticut.

En tres de esos estados, Maine, New Hampshire y Vermont, la babesiosis no se había considerado previamente endémica. Los aumentos en esos estados son particularmente notables, y la enfermedad aparenta estar extendiéndose hacia el norte, probablemente a causa del cambio climático.

Las garrapatas, que prefieren condiciones cálidas y húmedas, han expandido su territorio hacia el norte. Los hallazgos resaltan la necesidad de ampliar la vigilancia y la detección de la enfermedad.

Una creciente población de ciervos también podría estar impulsando el aumento de la babesiosis. Aunque los ciervos no portan los parásitos que causan la babesiosis, son la fuente de alimento preferida para las garrapatas adultas. Eso amplifica enormemente la cantidad de garrapatas: muchas más sobreviven, y muchas más hembras ponen huevos.

La construcción de nuevas viviendas en áreas donde hay garrapatas también podría desempeñar un papel, al igual que una mayor conciencia, lo que puede estar impulsando a más médicos a evaluar a los pacientes para detectar la enfermedad.

No está claro por qué los estados del Medio Oeste no han experimentado el mismo aumento de casos. Pero la enfermedad típicamente ha sido menos común allí que en el Noreste.

La babesiosis se puede tratar con medicamentos antimicrobianos. Se puede prevenir evitando la hierba alta y la maleza, y usando pantalones largos y repelente de garrapatas, en áreas donde la enfermedad es endémica. Los controles diarios de garrapatas pueden ayudar a las personas a detectar y eliminar las garrapatas antes de que los arácnidos tengan la oportunidad de transmitir el parásito.

La babesiosis es una enfermedad transmitida por garrapatas causada por parásitos *Babesia*. En Estados Unidos, la mayoría de los casos de babesiosis son causados por *Babesia microti*, transmitida por picaduras de las garrapatas patas negras (*Ixodes scapularis*) en los estados del Noreste y Medio Oeste. La transmisión también puede ocurrir a través de transfusiones de sangre, trasplante de órganos de donantes infectados o transmisión congénita. La infección por *Babesia* puede ser asintomática o causar una enfermedad de leve a grave que puede ser fatal. En general, los casos de enfermedades transmitidas por garrapatas en Estados Unidos aumentaron 25%, de 40.795 notificados en 2011 a 50.856 en 2019.

La babesiosis puede causar enfermedades que van desde asintomáticas o leves hasta graves; la enfermedad puede ser fatal, particularmente entre las personas inmunocomprometidas o asplénicas. Los síntomas comunes incluyen fiebre, dolor muscular y articular y dolor de cabeza. En ciertos pacientes, pueden ocurrir complicaciones graves, como trombocitopenia, insuficiencia renal y síndrome de dificultad respiratoria aguda. La babesiosis se puede tratar con una combinación de medicamentos antimicrobianos, como azitromicina y atovacuona.

El primer caso de babesiosis humana adquirida en los Estados Unidos se identificó en 1969 en Nantucket Island, Massachusetts. En 2011, la babesiosis se convirtió en una condición de notificación obligatoria a nivel nacional. Cuando la babesiosis es notificable, los departamentos de salud estatales notifican los casos a los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC). Hasta ahora, los CDC consideraban que la babesiosis era endémica en siete estados: Connecticut, Massachusetts, Minnesota, New Jersey, New York, Rhode Island y Wisconsin. En 2019, la Administración de Drogas y Alimentos recomendó evaluar las donaciones de sangre para *Babesia* en los estados donde se consideraba que los residentes tenían un alto riesgo de infección: Connecticut, Delaware, Maine, Maryland, Massachusetts, Minnesota, New Hampshire, New Jersey, New York, Pennsylvania, Rhode Island, Vermont, Virginia, Wisconsin y el Distrito de Columbia.

La Dirección General de Vigilancia de la Salud de Paraguay informó el 17 de marzo que al cierre de casos de arbovirosis en las últimas tres semanas epidemiológicas (SE 8, 9 y 10), se registra un total de 11.649 casos de fiebre chikungunya, 285 de dengue y ningún caso de fiebre zika. “El 98% de los casos detectados corresponde a fiebre chikungunya, y aproximadamente 2% a dengue”, refirió el Dr. Víctor Guillermo Sequera Buzarquis.

La curva epidemiológica actualmente se encuentra en una meseta, y se observa un aparente descenso de casos; sin embargo, la epidemia se dispersó a todo el país. “Los casos disminuyeron un poco en Asunción y Central, pero aumentó en el interior del país. Tenemos una fase de dispersión a nivel nacional; además, debemos tener en cuenta que las personas están acudiendo menos a los centros asistenciales y como consecuencia se realizan menos testeos para fiebre chikungunya”, expresó.

Los casos se concentran en los departamentos Central (47%), Asunción (20%), Alto Paraná (8%), Amambay (4%), Paraguairí (4%), Cordillera (3%), Guairá (3%), Concepción (3%), Itapúa (2%) y Presidente Hayes (2%).

En Central, el epicentro sigue siendo San Lorenzo, lo cual afecta a su vez a todo el eje metropolitano por convertirse en el distribuidor de la enfermedad. “La mayoría de los casos, hoy se encuentra en San Lorenzo, y no solo de fiebre chikungunya, sino también los pocos casos de dengue”, explicó el titular de Vigilancia de la Salud.

En cuanto a los barrios de Asunción con mayores casos continúan siendo Barrio Obrero, Sajonia, San Pablo y Roberto L. Petit.

El grupo etario más afectados es el de 20 a 39 años (29%), seguido por el de 60 años y más (22%) con predominancia del sexo femenino (58%).

Se registran 569 casos confirmados en total en lactantes y recién nacidos, de los cuales 87 corresponden a bebés de 0 a 29 días.

Así también, se observan varios casos de infección en niños pequeños, de 0 a 5 meses y adultos mayores de 60 años. “Entre 2018 y 2020 se registraban 15 casos semanales aproximadamente de meningoencefalitis, y ahora, en 2023, los números se quintuplicaron por semana, y son explicados por la fiebre chikungunya”, refirió.

Sobre los pacientes hospitalizados, se contabiliza un total de 191. El predominio sigue siendo de menores de un año y adultos de 60 años y más.

Haciendo un resumen de fallecidos, hasta la fecha se cuenta con 51 decesos confirmados, de los cuales son mayormente niños y adultos de 60 años y más. La tasa de mortalidad es de 0,6 cada 100.000 habitantes y la tasa de letalidad es de 0,1%.

El Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social instó a continuar con la eliminación de criaderos de mosquitos para mitigar el impacto de las arbovirosis.



BURUNDI

DECLARAN BROTE DE INFECCIONES POR POLIOVIRUS
CIRCULANTE TIPO 2 DERIVADO DE LA VACUNA

17/03/2023

Las autoridades sanitarias de Burundi declararon el 17 de marzo un brote de infecciones por poliovirus circulante tipo 2 derivado de la vacuna (cVDPV2) tras confirmar ocho detecciones, las primeras de este tipo en más de tres décadas.

Los casos se confirmaron en un niño de 4 años del distrito de Isale, en el oeste de Burundi, que no había recibido ninguna vacuna contra la poliomielitis, así como en otros dos niños que eran contactos del niño de 4 años. Además, cinco muestras de vigilancia ambiental de aguas residuales confirmaron la presencia del cVDPV2.

“La detección del cVDPV2 demuestra la efectividad de la vigilancia de la enfermedad en el país. La poliomielitis es altamente infecciosa y la acción oportuna es fundamental para proteger a los niños a través de una vacunación eficaz”, dijo la Dra. Matshidiso Rebecca Natalie Moeti, Directora Regional para África de la Organización Mundial de la Salud (OMS). “Estamos apoyando los esfuerzos nacionales para aumentar la vacunación contra la poliomielitis para garantizar que ningún niño quede sin vacunar y no corra los riesgos del impacto debilitante de la poliomielitis”.

El gobierno de Burundi, que ha declarado la detección del virus como una emergencia nacional de salud pública, planea implementar una campaña de vacunación para combatir la poliomielitis en las próximas semanas, con el objetivo de proteger a todos los niños elegibles (de 0 a 7 años) contra el virus.

Las autoridades sanitarias, con el apoyo de la OMS y los socios de la Iniciativa Mundial para la Erradicación de la Poliomielitis (GPEI), también se han embarcado en más investigaciones epidemiológicas, incluidas evaluaciones de riesgo para determinar la extensión del brote. Burundi está reforzando aún más la vigilancia de la poliomielitis, con expertos de la OMS en el campo apoyando la recolección de muestras adicionales y evaluando la posibilidad de abrir nuevos sitios de vigilancia ambiental para la detección temprana de poliovirus de circulación silenciosa.

El cVDPV2 es la forma más prevalente de poliomielitis en África y los brotes de este tipo de poliovirus son los más notificados en la región, con más de 400 casos notificados en 14 países en 2022. La infección por cVDPV2 puede ocurrir cuando la cepa del virus contenida en la vacuna oral contra la poliomielitis circula entre poblaciones insuficientemente inmunizadas durante largos períodos.

La parálisis flácida aguda se define por la aparición aguda de debilidad o parálisis con reducción del tono muscular en los niños. Hay muchas causas infecciosas y no infecciosas de pará-

lisis flácida aguda. La poliomielitis es una de sus causas. Su detección temprana es fundamental para contener un posible brote.

La Iniciativa Mundial para la Erradicación de la Poliomielitis (GPEI) es una asociación que tiene como objetivo relegar la poliomielitis a los libros de historia. Está dirigido por gobiernos nacionales con cinco socios: la Organización Mundial de la Salud (OMS), Rotary International, los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) de Estados Unidos, el Fondo de las Naciones Unidas para la Infancia (UNICEF), la Fundación Bill y Melinda Gates y la Alianza para las Vacunas (GAVI). Desde que se fundó la GPEI, los casos de poliomielitis se han reducido en todo el mundo en más de 99%. Sin embargo, si no se la erradica, puede producirse un resurgimiento mundial de la enfermedad. Dentro de diez años, podrían ocurrir 200.000 nuevos casos cada año, en todo el mundo. Por eso es sumamente urgente completar el trabajo de erradicación de la poliomielitis de una vez por todas.

Desde hace tres años, el debate sobre los orígenes de la pandemia de COVID-19 ha oscilado entre dos grandes ideas: que el SARS-CoV-2 se derramó a las poblaciones humanas directamente de una fuente de animales salvajes y que el patógeno se filtró de un laboratorio. A través de un torbellino de datos confusos por parte de las autoridades chinas y la politización dentro de Estados Unidos, y la especulación desenfadada en todos los rincones del mundo, muchos científicos han mantenido la idea de que este



Mapache japonés (*Nyctereutes procyonoides*)

brote –como muchos otros– tuvo raíces puramente naturales. Pero a esa hipótesis le ha faltado una prueba clave: la evidencia genética del mercado mayorista de mariscos de Huanan en Wuhan, China, que muestre que el virus había infectado a las criaturas que allí estaban a la venta.

Ahora, un equipo internacional de virólogos, genómicos y biólogos evolutivos finalmente puede haber encontrado datos cruciales para ayudar a llenar ese vacío de conocimiento. Un nuevo análisis de las secuencias genéticas recopiladas del mercado muestra que los mapaches japoneses (*Nyctereutes procyonoides*) que se venden ilegalmente en el lugar podrían haber portado y posiblemente propagado el virus a fines de 2019. Los expertos afirman que es una de las bases más fuertes obtenidas hasta el momento que apoyan la teoría de que la pandemia comenzó cuando el SARS-CoV-2 saltó de animales a humanos, en lugar de un accidente entre científicos que experimentaban con virus.

“Esto realmente fortalece la teoría de un origen natural”, dijo Seema Lakdawala, viróloga de la Universidad de Emory, que no participó en la investigación. Angela Rasmussen, una viróloga involucrada en la investigación, agregó: “Esta es una indicación muy fuerte de que los animales en el mercado estaban infectados. Realmente no hay otra explicación que tenga sentido”.

Los hallazgos no convencerán por completo a las ideas arraigadas a ambos lados del debate sobre los orígenes. Pero el nuevo análisis puede ofrecer algunas de las pruebas más claras y convincentes acerca del origen animal del virus que, en poco más de tres años, ha matado a casi siete millones de personas en todo el mundo.

Las secuencias genéticas se extrajeron de hisopos tomados en los puestos del mercado y sus alrededores al comienzo de la pandemia. Representan los primeros fragmentos de datos sin procesar a los que han tenido acceso los investigadores fuera de las instituciones académicas de China y sus colaboradores directos. Hace unas semanas, los datos aparecieron en una base de datos genómicos de acceso abierto llamada GISAID (*Global Initiative on Sharing All Influenza Data*, Iniciativa Global para Compartir Todos los Datos sobre Influenza), después de que investigadores del Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades del país los

publicaran discretamente. Casi por pura casualidad, científicos de Europa, América del Norte y Australia detectaron las secuencias, las descargaron y comenzaron a analizarlas.

Ya se sabía que las muestras eran positivas para el SARS-CoV-2 y habían sido examinadas previamente por el mismo grupo de investigadores chinos que cargaron los datos en GISAID. Pero ese análisis previo, divulgado como una publicación preliminar en febrero de 2022, afirmó que “no se puede deducir ningún huésped animal del SARS-CoV-2”.



Cualquier rastro del coronavirus en el mercado, sugirió el estudio, probablemente había sido transportado por humanos infectados, en lugar de criaturas salvajes que estaban a la venta.

El nuevo análisis, dirigido por Kristian Andersen, Edward Holmes y Michael Worobey, tres destacados investigadores que han estado investigando las raíces del virus, muestra que ese puede no ser el caso. Aproximadamente medio día después de descargar los datos de GISAID, el trío y sus colaboradores descubrieron que varias muestras del mercado que dieron positivo para el SARS-CoV-2 también regresaban repletas de material genético animal, gran parte del cual coincidía con el mapache japonés, un pequeño animal emparentado con los zorros. Debido a cómo se recolectaron las muestras y a que los virus no pueden persistir por sí mismos en el ambiente, los científicos creen que sus hallazgos podrían indicar la presencia de un mapache japonés infectado con el coronavirus en los lugares donde se tomaron los hisopados. “A diferencia de muchos de los otros puntos de discusión que se han discutido en el debate sobre los orígenes, los datos genéticos son tangibles”, dijo Alex Crits-Christoph, biólogo computacional y uno de los científicos que trabajaron en el nuevo análisis. “Y esta es la especie de la que todo el mundo ha estado hablando”.

“Encontrar el material genético de virus y mamíferos tan estrechamente mezclados, lo suficiente como para extraerlo de un solo hisopo, no es una prueba perfecta”, dijo Lakdawala. “Es un paso importante; no voy a negarlo”, agregó. Aun así, la evidencia no llega al nivel de, por ejemplo, aislar el SARS-CoV-2 de un mapache japonés salvaje o, mejor aún, descubrir una muestra viral extraída de un mamífero a la venta en Huanan al momento del inicio del brote. Eso sería el equivalente virológico de atrapar a un culpable con las manos en la masa. “Pero no se puede retroceder en el tiempo y capturar a esos animales”, dijo Gigi Gronvall, investigadora principal del Centro Johns Hopkins para la Seguridad de la Salud. Y según el conocimiento de los investigadores, “los mapaches japoneses no se analizaron en el mercado y probablemente se retiraron antes de que llegaran las autoridades”, manifestó Andersen. Subrayó que los hallazgos, aunque son de suma importancia, no son “evidencia directa de mapaches japoneses infectados en el mercado”.

Aun así, los hallazgos no están solos. “¿Creo que había animales infectados en el mercado? Sí, lo creo”, dijo Andersen. “¿Estos nuevos datos se suman a esa base de evidencia? Sí.” El nuevo análisis se basa en una extensa investigación previa que apunta al mercado como la fuente del primer brote importante de SARS-CoV-2: muchos de los primeros casos conocidos de COVID-19 de la pandemia se agruparon aproximadamente en las cercanías del mercado. Y el material genético del virus se encontró en muchas muestras de hisopados de carros y equipos de procesamiento de animales en el lugar, así como en partes de la infraestructura cercana, como depósitos, pozos de aguas residuales y drenajes de agua. Los mapaches japoneses, co-

múnmente criados para la venta en China, también son conocidos por ser una de las muchas especies de mamíferos que pueden contraer y propagar el coronavirus fácilmente. Todo esto dejó un agujero importante en el rompecabezas que debe ser llenado: evidencia clara de que los mapaches japoneses y el virus estaban exactamente en el mismo lugar en el mercado, lo suficientemente cerca como para que las criaturas pudieran haber sido infectadas y, posiblemente, infecciosas. Eso es lo que proporciona el nuevo análisis. Es el equivalente a encontrar el ADN del principal sospechoso de una investigación en la escena del crimen.

Los hallazgos no descartan la posibilidad de que otros animales hayan estado portando el SARS-CoV-2 en Huanan. Los mapaches japoneses, si estuvieron infectados, posiblemente ni siquiera sean las criaturas que nos transmitieron el patógeno. Lo que significa que deberá continuar la búsqueda de otros reservorios salvajes del virus. “¿Sabemos que el hospedador intermediario fueron los mapaches japoneses? No”, manifestó Andersen, usando el término para un animal que puede transportar un patógeno entre otras especies. “¿Está en lo más alto de mi lista de hospedadores potenciales? Sí, pero definitivamente no es el único”.

El 14 de marzo, los investigadores presentaron sus hallazgos en una reunión programada apresuradamente por el Grupo Asesor Científico para los Orígenes de Nuevos Patógenos de la Organización Mundial de la Salud, a la que también asistieron varios de los investigadores chinos responsables del análisis original, según varios investigadores que no estuvieron presente, pero que fueron informados antes y después por varias personas que sí estuvieron. Poco después de la reunión, la versión preliminar del equipo chino se revisó como para ser publicada, lo que sugiere que se estaba preparando una nueva versión.

En este punto, aún no está claro por qué las secuencias se publicaron tan recientemente en GISAID. También desaparecieron de la base de datos poco después de que el equipo internacional de investigadores notificara a los investigadores chinos sus hallazgos preliminares, sin explicación. Cuando se le preguntó a George Gao, exdirector general de los CDC de China y autor principal del análisis chino original, acerca de la justificación de su equipo, dijo que este último análisis no representa “nada nuevo”. Dado lo que había en los datos de la GISAID, parece que los mapaches japoneses podrían haberse introducido y aclarado la narrativa de los orígenes mucho antes, al menos hace un año, y probablemente más. El 10 de marzo, en una conferencia de prensa, Tedros Adhanom Ghebreyesus, director general de la OMS, abordó la desaparición de datos, así como el retraso extremo con el que se publicaron en GISAID en primer lugar. “Estos datos podrían y deberían haber sido compartidos hace tres años”, dijo a los periodistas. “Seguimos pidiendo a China que sea transparente al compartir datos y que realice las investigaciones necesarias para compartir los resultados”. Maria Van Kerkhove, líder técnica de COVID-19 de la OMS, también dijo que el rápido desarrollo de estos eventos “es una indicación para mí en los últimos días de que existen más datos” que podrían aclarar aún más los orígenes de la pandemia. Y si ese es el caso, esos datos, especialmente los que hablan de lo que se ha desarrollado dentro de las fronteras de China, deben “estar disponibles de inmediato”.

Durante años, China ha estado interesada en impulsar la narrativa de que la pandemia no comenzó dentro de sus fronteras. A principios de 2020, un funcionario chino sugirió que el SARS-CoV-2 podría haber surgido de un laboratorio del Ejército de Estados Unidos en Maryland. La noción de que un virus peligroso surgió de los mamíferos del mercado de animales vivos se hizo eco de los comienzos de la epidemia de SARS-CoV-1 hace dos décadas, y esta vez, los funcionarios cerraron de inmediato el mercado de Huanan y rechazaron con vehemencia las afirmaciones de que los animales vivos vendidos ilegalmente en el país tenían la culpa; una investigación de la OMS en marzo de 2021 tomó la misma línea. “No se encontraron in-

formas verificados de mamíferos vivos vendidos alrededor de 2019”, indicó el informe. Pero solo tres meses después, en junio de 2021, un equipo de investigadores publicó un [estudio](#) que documentó la venta de decenas de miles de mamíferos en los mercados de animales vivos de Wuhan entre 2017 y finales de 2019, incluso en Huanan. Los animales se mantuvieron en entornos en gran medida ilegales, hacinados y antihigiénicos, condiciones que facilitan a la transmisión viral, y entre ellos había más de 1.000 [mapaches japoneses](#). El mismo Holmes había estado [en el mercado en 2014](#) y tomó una foto en el Puesto 29, mostrando claramente a un mapache japonés en una jaula; otro conjunto de imágenes del lugar, capturadas por un habitante de Wuhan en diciembre de 2019 y [luego compartidas en Weibo](#), también mostraban a los animales en la película, justo en el momento en que se registraron las primeras infecciones por SARS-CoV-2 en humanos.

Y, sin embargo, los investigadores chinos mantuvieron su postura. Como informó Cohen [el año pasado](#), científicos de varias de las instituciones académicas más grandes de China publicaron una preimpresión en septiembre de 2021 que concluyó que en una [encuesta nacional masiva de murciélagos](#) –la fuente original más probable del coronavirus antes de que salte a un hospedador intermedio, como los mapaches japoneses, y luego a los humanos– no se había detectado ningún virus relacionado con el SARS-CoV-2. La implicación, afirmaron los autores del artículo, era que los parientes del coronavirus eran “extremadamente raros” en la región, por lo que era poco probable que la pandemia hubiera comenzado allí. Los hallazgos [contradijeron directamente](#) a otros que mostraban que los primos del SARS-CoV-2 estaban circulando en los murciélagos de China. (También se ha descubierto que los murciélagos locales albergan [virus relacionados con el SARS-CoV-1](#)).

El [análisis chino original](#) de los hisopados del mercado de Huanan, de febrero de 2022, también se apegó a la línea de China sobre la pandemia. Uno de los gráficos del informe sugirió que el material viral en el mercado se había mezclado con material genético de especies animales, un rastro de datos que debería haber llevado a más investigaciones o conclusiones, pero que los investigadores chinos parecen haber ignorado. Su informe señaló que solo los humanos están vinculados al SARS-CoV-2, afirmando que sus hallazgos sugirieron “enfáticamente” que cualquier material viral en el mercado provenía de personas (al menos uno de los cuales, presumiblemente, lo recogió en otro lugar y lo transportó al mercado). El mercado de Huanan, escribieron los autores del estudio, “podría haber actuado como un amplificador” de la epidemia. Pero se necesitaría “más trabajo que involucre la coordinación internacional” para descubrir los “orígenes reales del SARS-CoV-2”.

La redacción de ese informe desconcertó a muchos científicos en Europa, América del Norte y Australia, varios de los cuales, casi exactamente 24 horas después del lanzamiento de la preimpresión de los CDC de China, publicaron las [primeras versiones de sus propios estudios](#), concluyendo que el mercado de Huanan era el probable epicentro de la pandemia, y que el SARS-CoV-2 podría haber saltado a los humanos en ese lugar a fines de 2019. Ansiosos por [tener en sus manos los datos sin procesar de los CDC de China](#), algunos de los investigadores comenzaron a rastrear regularmente la GISAID, ocasionalmente en horas extrañas. El 9 de marzo por la noche, después de detectar las secuencias, Florence Débarre, bióloga evolutiva del Centro Nacional de Investigación Científica de Francia, alertó a sus colegas sobre su disponibilidad. Tropezar con los datos, que no esperaba que aparecieran, fue “una sorpresa total”, dijo Débarre.

A las pocas horas de descargar los datos y comenzar su propio análisis, los investigadores confirmaron sus sospechas. Varias superficies dentro y alrededor de un puesto en el mercado, incluido un carrito y una máquina desplumadora, produjeron muestras positivas para vi-

rus que también contenían material genético de mapaches japoneses, en un par de casos, en concentraciones más altas que los genomas humanos. Era el Puesto 29, el mismo lugar donde Holmes había tomado la foto del mapache japonés, casi una década antes.

Todavía podría surgir evidencia sobre el mapache japonés –u otro animal– como reservorio. En la búsqueda de la fuente salvaje del síndrome respiratorio de Medio Oriente (MERS), otro coronavirus que causó un brote mortal en 2012, los investigadores finalmente pudieron identificar el patógeno en los dromedarios, que se cree que contrajeron la infección inicial de los murciélagos, y que todavía hoy albergan el virus; una historia similar ha ocurrido con el virus Nipah, que saltó de los murciélagos a los cerdos y a los humanos.

Sin embargo, es posible que nunca aparezcan pruebas de ese calibre para el SARS-CoV-2. (Encontrar los orígenes salvajes rara vez es simple: a pesar de una búsqueda de años, el hospedador salvaje del virus del Ébola aún no ha sido identificado definitivamente). Lo que deja la ambigüedad suficiente como para mantener el debate sobre los orígenes de la pandemia, quizás indefinidamente. Es probable que los escépticos estén ansiosos por encontrar defectos en los nuevos hallazgos del equipo, señalando, por ejemplo, que es técnicamente posible que el material genético de los virus y los animales termine mezclándose en el ambiente, incluso si no se produjo una infección. Tal vez un humano infectado visitó el mercado y, sin darse cuenta, depositó ARN viral cerca de la jaula de un animal.

Pero un animal infectado, sin contaminación de terceros, sigue pareciendo, con mucho, la explicación más plausible para el contenido genético de las muestras, según varios expertos; otros escenarios requieren contorsiones de la lógica y, lo que es más importante, pruebas adicionales. Incluso antes de la revelación de los nuevos datos, Gronvall dijo: “Creo que la evidencia es en realidad más sólida para la COVID-19 que para muchos otros”. La solidez de los datos podría incluso, al menos en un sentido, mejorar lo que está disponible para el SARS-CoV-1: aunque los científicos han aislado el SARS-CoV-1 de un huésped mamífero comercializado en el mercado húmedo, la civeta de palma (*Paradoxurus hermaphroditus*), esas muestras se tomaron meses después de que comenzara el brote, y las variantes virales encontradas no eran exactamente idénticas a las de los pacientes humanos. Mientras tanto, las versiones de SARS-CoV-2 extraídas de varias muestras del mercado de Huanan son exactamente iguales a las de las que enfermaron a los humanos con COVID-19 en los inicios.

El debate sobre los orígenes del SARS-CoV-2 se ha prolongado durante casi tanto tiempo como la propia pandemia: confinamientos duraderos, uso generalizado del barbijo, incluso la primera versión de las vacunas contra la COVID-19. Y mientras haya oscuridad a la que aferrarse, es posible que nunca se resuelva por completo. Si bien la evidencia de un contagio animal ha aumentado con el tiempo, también lo han hecho las preguntas sobre la posibilidad de que el virus haya escapado de un laboratorio. Cuando el presidente Joseph Robinette Biden Jr. pidió a la comunidad de inteligencia de Estados Unidos que revisara el asunto, cuatro agencias gubernamentales y el Consejo Nacional de Inteligencia señalaron un origen natural, mientras que otras dos supusieron que se trataba de una fuga de laboratorio. (Ninguna de estas evaluaciones se hizo con mucha confianza; un proyecto de ley aprobado tanto en la Cámara como en el Senado requeriría, 90 días después de que se convierta en ley, que la administración Biden desclasifique la inteligencia subyacente.

Si este nuevo nivel de evidencia científica inclina de manera concluyente el debate sobre los orígenes hacia la ruta animal, será, en cierto modo, una gran decepción. Significará que el SARS-CoV-2 traspasó nuestras fronteras porque una vez más manejamos mal nuestra relación con la vida silvestre, que fallamos en prevenir esta epidemia por la misma razón por la que fallamos, y podríamos fallar nuevamente, en prevenir muchas otras.

El año pasado, Maharashtra reportó el mayor número de casos anuales de sarampión en India. Las autoridades atribuyen el brote en el estado especialmente a su capital financiera, Mumbai.

En 2020, el estado reportó 452 casos, que aumentaron a 722 en 2021. Sin embargo, en 2022, fue testigo de un aumento de ocho veces con un salto repentino a 2.692 casos,

seguido por Gujarat con 1.672 casos. En Uttar Pradesh, que informó el máximo de casos de 804 en 2021, la cifra cayó 42%, llegando a 465 el año pasado.



El sarampión, una enfermedad viral altamente contagiosa que afecta principalmente a los niños, se encuentra entre las principales causas de muerte y discapacidad entre los niños. El Programa Nacional de Inmunizaciones especifica que se administren dos dosis de la vacuna, a los 9 y a los 15 meses de edad.

La enfermedad se puede prevenir, pero una laguna en la vacunación a causa de la pandemia de COVID-19 hizo que los niños con baja inmunidad (especialmente en los barrios marginales) fueran vulnerables a ella. Alrededor de 13 niños perdieron la vida a causa de la infección.

En octubre del año pasado, cuando comenzó el brote, Mumbai registraba solo 41% de cobertura de vacunación contra el sarampión. En el último año fiscal de abril a octubre, el objetivo era aplicar la primera dosis de la vacuna a 171.890 niños, pero la Corporación Municipal de Brihanmumbai (BMC) sólo logró vacunar a 73.120 (42,5%). Asimismo, frente a la meta de vacunar a 169.872 niños con la segunda dosis, solo 70.102 (41,2%) fueron vacunados.

“Durante la pandemia, el Programa Nacional de Inmunización pasó a un segundo plano. Esta negligencia costó la vida a muchos niños. Espero que el gobierno y la corporación hayan aprendido la lección y se abstengan de repetirla”, dijo Shaikh Faiyaz Alam, presidente de la ONG Govandi New Sangam Welfare Society del distrito M-East, que informó la mayor cantidad de casos.

Como medida de precaución, el Departamento de Salud Pública ya ha dado instrucciones a los distritos para que se enfoquen en el Programa de Inmunización. “Estamos haciendo campamentos en escuelas y también en zonas rurales alejadas. Ya hemos alcanzado 90% de la meta”, dijo un alto funcionario del Ministerio de Salud.

El Servicio de Salud de la regencia de Garut, provincia de Jawa Barat, informó que el número de muertes por la epidemia de difteria en la zona aumentó a nueve, de un total de 14 casos positivos.

“La última muerte registrada fue la de un niño de 9 años, en Cisurupan”, dijo la secretaria de la Oficina de Salud del Distrito de Garut, Leli Yuliani, el 17 de marzo.

Agregó que la regencia de Garut había declarado a los casos de difteria como un Evento Extraordinario desde noviembre de 2023 para brindar servicios de salud óptimos.

“Previamente, ocho personas habían fallecido por difteria en febrero de 2023; ahora, uno más aumenta la cifra a nueve”, dijo.

“La condición del paciente que falleció, se debió a que no había recibido la vacuna completa contra la difteria recomendada por el gobierno”, dijo.

“Esta nueva muerte hizo que el personal continuara aumentando los esfuerzos de inmunización para alcanzar las metas establecidas entre los niños”, agregó Leli.

“Se está buscando vacunar a aquellos niños cuyo estado de inmunización está incompleto, especialmente en áreas donde las coberturas están por debajo de 70%”, dijo. Informó que actualmente la atención se centra en la vacunación en el área del distrito de Pangatikan, porque varios casos de difteria se han detectado en esa área.

“Además de las vacunas masivas, el personal también continúa socializando los esfuerzos para prevenir y tratar la difteria a las personas en Garut”.

Según informes de la Oficina de Salud de Garut, los pacientes positivos para difteria han mejorado gradualmente y algunos han sido dados de alta.

La regencia de Garut –con una población de más de 2,6 millones en 2021– se encuentra en la provincia de Jawa Barat, en la parte occidental de la isla de Java. La regencia de Garut se divide actualmente en 42 distritos; Pangatikan (población estimada: 38.472 habitantes en 2020) es un distrito en el centro de Jawa Barat.

Uganda notificó un brote confirmado de fiebre del Valle del Rift en el distrito de Mbarara. El 10 de febrero de 2023, un carnicero de Bwizibwera, un municipio del condado de Kashari, distrito de Mbarara, acudió a una clínica privada con antecedentes de fiebre y hemorragia nasal. El personal de la clínica sospechó fiebre hemorrágica viral y lo derivó al Hospital Regional de Referencia de Mbarara (MRRH). El paciente murió al llegar y fue enterrado antes de que se pudieran recolectar muestras.



El 23 de febrero de 2023, el equipo de vigilancia del distrito y el equipo del Instituto de Investigación de Virus de Uganda (UVRI) recolectaron muestras de trabajadores agrícolas. De las 51 muestras recolectadas, cinco dieron positivo para el virus de la fiebre del Valle del Rift mediante reacción en cadena de la polimerasa. Estos cinco individuos habían estado involucrados en la carneada de una vaca muerta en una granja de una aldea en el distrito de Kashari.

Hasta el 9 de marzo, se han notificado 20 casos humanos, incluidos 19 casos confirmados y un caso probable. Ha habido cuatro muertes entre los casos reportados, dos en la comunidad y dos en el establecimiento de salud.

El brote se confirmó por primera vez en animales en diciembre de 2022, cuando el sector veterinario informó casos de aborto en vacas en una de las principales granjas de Kashari, Rwanyamahembe, distrito de Mbarara. Las muestras de sangre recolectadas y enviadas al Centro Nacional de Diagnóstico y Epidemiología de Enfermedades Animales (NADDEC) para su análisis resultaron positivas para fiebre del Valle del Rift y leptospirosis mediante serología.

Acciones de salud pública

- Se activó el Grupo de Trabajo del Distrito y todas las estructuras de respuesta. Se ha adoptado un enfoque de 'Una Sola Salud'.
- Está en curso la búsqueda activa de casos en la comunidad y los centros de salud.
- Está en curso el mapeo de más fincas en las comunidades donde se han identificado la mayoría de los casos.
- Se realizó la gestión de muestras por parte del equipo del Laboratorio Distrital.
- Están en curso programas de entrevistas de radio con el apoyo de los socios. Se ha utilizado el tiempo de conversación por radio del Comisionado del Distrito Residencial y se ha realizado un programa de entrevistas por radio en la radio UBC.
- Está en curso la identificación de más socios dispuestos a apoyar la comunicación de riesgos y la participación de la comunidad.

- Los casos leves se manejan en el hogar, mientras que los casos graves se manejan en el MRRH.
- Está en curso la vigilancia de vectores y el plan de control de vectores (uso de acaricidas repelentes de moscas para fumigación animal).

Interpretación de la situación

Se informó que los primeros cinco casos confirmados de fiebre del Valle del Rift estuvieron involucrados en el sacrificio de una vaca muerta. Esto destaca la importancia del conocimiento de los factores de riesgo para esta enfermedad y las medidas de protección para reducir las infecciones y muertes humanas. Dado que los brotes en animales preceden a los casos en humanos, la implementación de medidas preventivas en animales y el fortalecimiento del sistema de vigilancia activa de la salud animal son esenciales para prevenir casos en humanos y proporcionar una alerta temprana a las autoridades veterinarias y de salud pública sobre futuros brotes.



El Centro de Control y Prevención de Enfermedades de la provincia de Lào Cai registró información sobre el caso de una mujer de la provincia que falleció de rabia y fue atendida en el Hospital Central de Enfermedades Tropicales.

La paciente es una mujer de 23 años del grupo étnico H'Mong que residía en la aldea de Thảm Phúc, Cốc Ly, Bắc Hà.

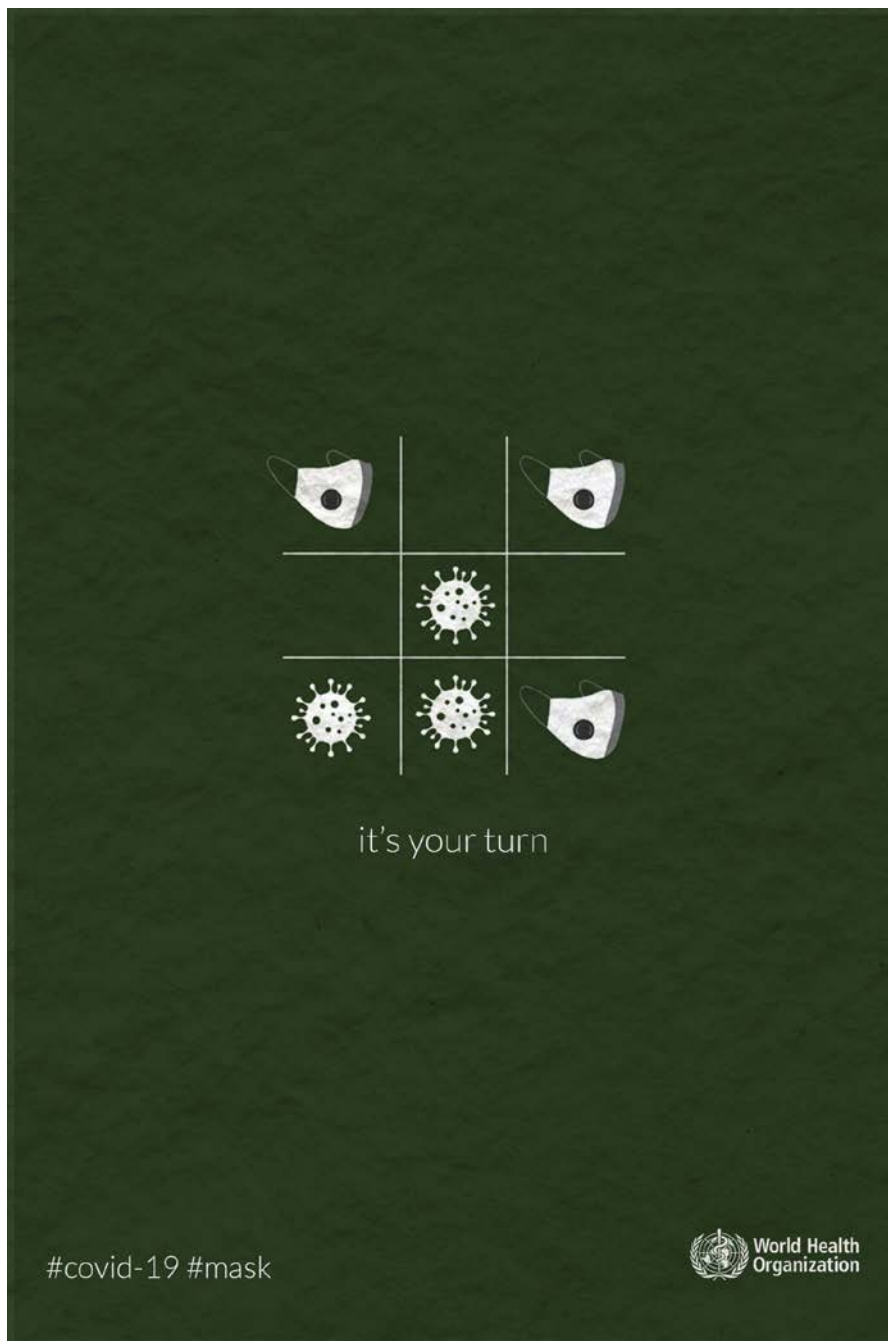
Hace aproximadamente 18 meses, la paciente fue mordida por el perro de la familia en el dedo índice izquierdo con sangrado; tres días después el perro murió. La paciente no recibió vacuna antirrábica ni suero. Después de eso, la paciente se fue a trabajar a Hà Nội hasta enero de 2023. La mujer presentó signos de enfermedad y consultó en un hospital privado, siendo trasladada al Hospital Central de Enfermedades Tropicales con los siguientes síntomas: fatiga, irritabilidad, dificultad para respirar, convulsiones. y secreción excesiva de esputo. El 17 de enero de 2023 se tomaron muestras de saliva y líquido cefalorraquídeo para análisis, resultando positivo para el virus de la rabia.

En la tarde del 18 de febrero de 2023 se registró otro caso, un varón de 16 años, estudiante del Colegio de Lào Cai, que fue mordido por dos perros callejeros mientras hacía ejercicio, y luego fue atacado por lugareños. Fue llevado al hospital general provincial, donde el paciente se encontraba en estado de pánico, con múltiples heridas en todo el cuerpo, unos diez desgarros profundos en tejidos blandos y muchas heridas provocadas por los dientes de los perros.

La rabia es una enfermedad viral infecciosa que casi siempre es fatal después de la aparición de los síntomas clínicos. En hasta 99% de los casos, los perros domésticos son responsables de la transmisión del virus de la rabia a los humanos. Sin embargo, la rabia puede afectar tanto a los animales domésticos como a los salvajes. Se transmite a las personas a través de mordeduras o rasguños, generalmente a través de la saliva. La rabia está presente en todos los continentes, excepto en la Antártida, con más de 95% de las muertes humanas ocurriendo en las regiones de Asia y África. La rabia es una de las enfermedades tropicales desatendidas que afecta predominantemente a poblaciones pobres y vulnerables que viven en lugares rurales remotos. La rabia mata a más de 70 personas en Vietnam cada año y la mayoría de los casos de rabia en el país son causados por la mordedura de perros.

La Organización Mundial de la Salud, la Organización para la Agricultura y la Alimentación, la Organización Internacional de Sanidad Animal y la Alianza Mundial para el Control de la Rabia se unieron en 2015 para adoptar una estrategia común para "acabar con las muertes por rabia humana para 2030" y formaron la Colaboración Unidos Contra la Rabia.

Prevención...



Campaña titulada 'COVID-19'. Se publicó en India en abril de 2020.

El Reporte Epidemiológico de Córdoba hace su mejor esfuerzo para verificar los informes que incluye en sus envíos, pero no garantiza la exactitud ni integridad de la información, ni de cualquier opinión basada en ella. El lector debe asumir todos los riesgos inherentes al utilizar la información incluida en estos reportes. No será responsable por errores u omisiones, ni estará sujeto a acción legal por daños o perjuicios incurridos como resultado del uso o confianza depositados en el material comunicado.

A todos aquellos cuyo interés sea el de difundir reportes breves, análisis de eventos de alguna de las estrategias de vigilancia epidemiológica o actividades de capacitación, les solicitamos nos envíen su documento para que sea considerada por el Comité Editorial su publicación en el Reporte Epidemiológico de Córdoba.

Toda persona interesada en recibir el Reporte Epidemiológico de Córdoba en formato electrónico, por favor solicitarlo por correo electrónico a reporteepidemiologicocba@gmail.com aclarando en el mismo su nombre y la institución a la que pertenece.