

¿Monkeypox: impacto potencial en la fauna neotropical y la producción animal?

Juan Javier Garcia Bustos^{1,2,3}

E-mail: ju.garcia@udla.edu.co



Viviana Tatiana Villalba²

E-mail: vvillalba@unimagdalena.edu.co



Johana Alexandra Portillo¹

E-mail: j.portillo@udla.edu.co



Jorge Luis Bonilla¹

E-mail: jorg.bonilla@udla.edu.co



Yeison Alonso Calderón¹

E-mail: yeis.calderon@udla.edu.co



Daniel Fernando Cuscué¹

E-mail: d.cuscue@udla.edu.co

¹Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Semillero de investigaciones en Medicina Veterinaria Complementaria e Integrativa. Universidad de la Amazonia – Florencia – Caquetá – Colombia

²Programa de Doctorado en Medicina Tropical SUE-Caribe Universidad del Magdalena, Santa Marta - Colombia

³Asociación Colombiana de Infectología ACIN

Estimado Editor,

Desde tiempo atrás se viene advirtiendo la reemergencia de la enfermedad producida por el virus Monkeypox en África y la especie humana (di Giulio & Eckburg, 2004; Ihekweazu et al., 2020; Parker et al., 2007). El fenómeno de emergencia y reemergencia de enfermedades, especialmente aquellas de tipo zoonótico, plantea desafíos desde el punto de vista de si es posible o no alcanzar la ocurrencia de cadenas de transición de las enfermedades desde su estatus ecológico de exóticas a endémicas (Velásquez et al., 2021; Zerón, 2022). No obstante, la preocupación de salud pública, también surgen otras preocupaciones como la posibilidad de que ocurran contagios de humanos a animales, especialmente si se tienen en cuenta las evidencias de presentación de zoonosis reversa (zooanthroponosis) en patologías como Covid-19 (Banerjee et al., 2021; Betancourt et al., 2020; Jia et al., 2021). En términos generales, las cadenas de transmisión de virus desde humanos a animales se han documentado muy bien en variantes genéticas de SARS-Cov2, Influenza porcina e Influenza aviar (CDC, 2022a; McAloose et al., 2020; Munnink et al., 2021; Nelson & Vincent, 2015).

Las cadenas de transmisión humano – animal en el caso de Covid-19 ha dejado como la enseñanza de que las epidemias humanas pueden llegar a afectar a diversas especies de fauna local y la producción animal, un caso de ello lo constituyen las amplias pérdidas económicas que causó la matanza de visones europeos (*Mustela lutreola*), solo en Dinamarca se ordenó el sacrificio de más de 17 millones de especímenes de poblaciones con individuos molecularmente detectados como el

Correo de correspondencia: ju.garcia@udla.edu.co



Este artículo puede compartirse bajo la Licencia Creative Commons (CC BY 4.0).

Rev. FAGROPEC Vol. 14 Num. 1, enero-junio de 2022

Pág 140

virus (DW, 2021) . Así pues, los riesgos de la transmisión de patógenos desde humanos a especies animales susceptibles, es una realidad que no solo expone los posibles efectos del establecimiento de nuevos reservorios animales que luego puedan transmitir nuevamente las infecciones a humanos (Sharun et al., 2021), sino también la dispersión de las enfermedades a otras especies animales de importancia económica y productiva.

El virus Monkeypox es el agente causal de la viruela símica (monkeypox - viruela del mono - Monkeypoxvirus), la cual es una enfermedad que en los animales se tiene reporte desde 1958 por un brote presentado en primates no humanos (NHP) de la especie *Macaca cynomolgus* (syn. *Macaca fascicularis*), comúnmente conocidos como macacos cangrejeros (Cho & Wenner, 1973). Actualmente, se reconoce que la especie virus Monkeypox está conformada por dos clados o grupos genéticos ancestrales denominados CB (Cuenca del río Congo) y WA (Africano occidental), que a su vez tienen orígenes geográficos, severidad (WA>" Severidad" CB) y manifestaciones clínicas diferentes. En el actual brote transnacional se ha reconocido únicamente al clado WA entre los pacientes humanos estudiados (Figuerola et al., 2022).

En el sentido de lo anterior, es importante abordar al **Virus Monkeypox MKPXV**, y las posibles consecuencias que podría traer su transmisión desde humanos susceptibles y de estos a animales domésticos y silvestres, especialmente aquellos vinculados a la producción animal en el neotrópico.

En el contexto de la alerta epidemiológica vigente para el área panamericana, se cataloga como caso sospechoso a toda persona, de cualquier edad, que presente *rash* cutáneo inexplicable (OPS, 2022). En dicho sentido, a la luz de la evidencia de que nos encontramos frente a un brote transnacional exótico para MKPXV, cabe entonces la pregunta: ¿el aumento de los casos transnacionales por el virus Monkeypox obedece a contactos de personas que no tenían síntomas, pero ya estaban infectados (Periodo de incubación), o al contacto con animales reservorios de vínculo desconocido? Los casos de humanos afectados aparentemente no tienen vínculo epidemiológico a poblaciones humanas y animales endémicos para MKPXV.

En su ambiente natural, respecto a los casos de humanos contagiados por MKPXV, la principal hipótesis manejada es que esto se ha dado por una transmisión desde los animales salvajes que viven en la selva húmeda africana, esta hipótesis está apoyada en datos de estimación molecular de fechas (*molecular dating estimates*), los cuales son concordantes con periodos de inestabilidad política que sugieren conllevó a los humanos a una mayor exposición a las poblaciones silvestres de vida animal (Berthet et al., 2021). es decir, migraciones urbano-rurales, desplazamiento forzado, violencia étnica etc (Human Rights Watch, 2013). No obstante lo anterior, el reservorio verdadero para Monkeypox es desconocido (Essbauer et al., 2010), aun cuando se han desarrollado estudios importantes como en Zambia, donde lograron demostrar la circulación del virus en el 14,7 % de los roedores, 33 % musarañas roedores y 2,1 % de los primates no humanos muestreados, revelando que dichos individuos padecieron la infección en algún momento previo a la toma de muestras (Orba et al., 2015). A la fecha, se logró detectar MKPXV en cerdos domésticos de África *Sus scrofa* (Doty et al., 2017). Así pues, el rol de las especies animales como reservorios en la zona no ha sido

aclarado, siendo posible entonces que el modo de transmisión se ajuste a una tipología de hospedadores múltiples donde reina la pregunta “¿quién adquirió la infección de quién?” (McCallum et al., 2001).

Fuera de África, en 2004, se detectó la transmisión zoonótica de MKPXV mediante técnicas moleculares tipo PCR, lográndose demostrar un segmento de la cadena de transmisión: “animal (*Cricetomys gambianus*) animal (*Cynomys* sp.) Humano (*Homo sapiens*)” usando para ese propósito la comparación de la secuencia completa del gen de hemaglutinina en aislados de los especímenes humanos y animales (*Cynomys* sp) en norte América. La secuencia de este gen presentó similitud en comparación con la secuencia del mismo gen de virus Monkeypox obtenidos en los primates no humanos y humanos de Africa previamente detectados con Monkeypox (Reed et al., 2004).

En el contexto del resurgimiento de MKPXV en Africa, dado en Nigeria durante los años 2017–2018, la evidencia disponible sugiere que, sin introducciones zoonóticas repetidas, las infecciones humanas eventualmente dejarían de ocurrir (Reynolds et al., 2019). lo cual es congruente con algunas afirmaciones de 2019, donde se mencionó que las infecciones naturales de MKPXV se remiten a los ambientes naturales en los bosques de África occidental y central (Durski et al., 2018). En ese sentido, la interrupción de la transmisión del virus desde los animales al hombre es fundamental para combatir la enfermedad.

No obstante, la ausencia de evidencia respecto al rol de los especímenes silvestres y domésticos en el brote actual, El CDC de los Estados Unidos, expone que los Médicos Veterinarios deben de considerar a todas las especies mamíferas como susceptibles de infectarse por MKPXV, e igualmente advierten sobre las posibles rutas de transmisión animal-animal (CDC, 2022b). Efecto que no solo obliga a elevar los niveles de alerta, sino a aumentar la rigurosidad en el diagnóstico diferencial, la aplicación de medidas de bioseguridad, el inicio de una vigilancia epidemiológica activa y su apoyo en herramientas diagnósticas con laboratorios de referencia, que permitan evitar la posible propagación del patógeno, así como evitar generar alarmas infundadas que puedan impactar en el interés de los consumidores en especial de los productos de la canasta familiar, claves en la nutrición humana, y en la performance económica de las naciones.

BIBLIOGRAFÍA

- Banerjee, A., Mossman, K., & Baker, M. L. (2021). Zooanthroponotic potential of SARS-CoV-2 and implications of reintroduction into human populations. *Cell Host & Microbe*, 29(2), 160–164. <https://doi.org/10.1016/J.CHOM.2021.01.004>
- Berthet, N., Descorps-Declère, S., Besombes, C., Curaudeau, M., Nkili Meyong, A. A., Selekon, B., Labouba, I., Gonofio, E. C., Ouilibona, R. S., Simo Tchegnna, H. D., Feher, M., Fontanet, A., Kazanji, M., Manuguerra, J. C., Hassanin, A., Gessain, A., & Nakoune, E. (2021). Genomic his-

tory of human monkey pox infections in the Central African Republic between 2001 and 2018. *Scientific Reports* 2021 11:1, 11(1), 1–11. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-92315-8>

Betancourt-Plaza, J.-D., Pereira-Zuleta, E.-A., Ceballos-Gutiérrez, J., & García-Romero, V. (2020). El SARS-CoV-2: ¿Por qué no es un virus creado por el ser humano? *Salutem Scientia Spiritus*, 6, 207–210. <https://revistas.javerianacali.edu.co/index.php/salutemscientiaspiritus/article/download/2355/2897>

CDC. (2022a). *Animals and COVID-19*. <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/daily-life-coping/animals.html>

CDC. (2022b). *Información Para Veterinarios | Viruela del mono | virus de la viruela | Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades*. <https://www.cdc.gov/poxvirus/monkeypox/veterinarian/index.html>

Cho, C. T., & Wenner, H. A. (1973). Monkeypox virus. *Bacteriological Reviews*, 37(1), 1–18. <https://doi.org/10.1128/BR.37.1.1-18.1973>

di Giulio, D. B., & Eckburg, P. B. (2004). Human monkeypox: An emerging zoonosis. *Lancet Infectious Diseases*, 4(1), 15–25. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(03\)00856-9](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(03)00856-9)

Doty, J. B., Malekani, J. M., Kalemba, L. N., Stanley, W. T., Monroe, B. P., Nakazawa, Y. U., Mauldin, M. R., Bakambana, T. L., Dja Liyandja, T. L., Braden, Z. H., Wallace, R. M., Malekani, D. v., McCollum, A. M., Gallardo-Romero, N., Kondas, A., Townsend Peterson, A., Osorio, J. E., Roche, T. E., Karem, K. L., ... Carroll, D. S. (2017). Assessing Monkeypox Virus Prevalence in Small Mammals at the Human–Animal Interface in the Democratic Republic of the Congo. *Viruses*, 9(10), 283. <https://doi.org/10.3390/V9100283>

Durski, K. N., McCollum, A. M., Nakazawa, Y., Petersen, B. W., Reynolds, M. G., Briand, S., Djingarey, M. H., Olson, V., Damon, I. K., & Khalakdina, A. (2018). Emergence of Monkeypox - West and Central Africa, 1970-2017. *MMWR. Morbidity and Mortality Weekly Report*, 67(10), 306–310. <https://doi.org/10.15585/MMWR.MM6710A5>

DW. (2021). *Coronavirus and the mink: Death in a fur coat*. <https://www.dw.com/en/coronavirus-and-the-mink-death-in-a-fur-coat/a-56170406>

Essbauer, S., Pfeffer, M., & Meyer, H. (2010). Zoonotic poxviruses. *Veterinary Microbiology*, 140(3–4), 229–236. <https://doi.org/10.1016/J.VETMIC.2009.08.026>

Human Rights Watch. (2013). *Informe Mundial 2013: Nigeria*. <https://www.hrw.org/world-report/2013/country-chapters/nigeria>

-
- Ihekweazu, C., Yinka-Ogunleye, A., Lule, S., & Ibrahim, A. (2020). Importance of epidemiological research of monkeypox: is incidence increasing? *Https://Doi.Org/10.1080/14787210.2020.1735361*, 18(5), 389–392. <https://doi.org/10.1080/14787210.2020.1735361>
- Isaac Molina Velásquez, J., Patricia Erazo Salas, S., Miguel, S., Salvador Hospital Nacional, E., Arturo Mena, J., de María, S., & Salvador, E. (2021). ¿Se deben investigar los factores de riesgo para COVID-19 ante la probabilidad que sea endémica? *Alerta, Revista Científica Del Instituto Nacional de Salud*, 4(2), 88–89. <https://doi.org/10.5377/ALERTA.V4I2.11058>
- Jia, P., Dai, S., Wu, T., & Yang, S. (2021). New Approaches to Anticipate the Risk of Reverse Zoonosis. *Trends in Ecology & Evolution*, 36(7), 580–590. <https://doi.org/10.1016/J.TREE.2021.03.012>
- León-Figueroa, D. A., Bonilla-Aldana, D. K., Pachar, M., Romani, L., Saldaña-Cumpa, H. M., Anchay-Zuloeta, C., Diaz-Torres, M., Franco-Paredes, C., Suárez, J. A., Ramirez, J. D., Paniz-Mondolfi, A., & Rodriguez-Morales, A. J. (2022). The never-ending global emergence of viral zoonoses after COVID-19? The rising concern of monkeypox in Europe, North America and beyond. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 49, 102362. <https://doi.org/10.1016/J.TMAID.2022.102362>
- McAloose, D., Laverack, M., Wang, L., Killian, M. L., Caserta, L. C., Yuan, F., Mitchell, P. K., Queen, K., Mauldin, M. R., Cronk, B. D., Bartlett, S. L., Sykes, J. M., Zec, S., Stokol, T., Ingerman, K., Delaney, M. A., Fredrickson, R., Ivančić, M., Jenkins-Moore, M., ... Diel, D. G. (2020). From people to panthera: Natural sars-cov-2 infection in tigers and lions at the bronx zoo. *MBio*, 11(5), 1–13. https://doi.org/10.1128/MBIO.02220-20/SUPPL_FILE/MBIO.02220-20-SF003.PPT
- McCallum, H., Barlow, N., & Hone, J. (2001). How should pathogen transmission be modelled? *Trends in Ecology & Evolution*, 16(6), 295–300. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(01\)02144-9](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(01)02144-9)
- Munnink, B. B. O., Sikkema, R. S., Nieuwenhuijse, D. F., Molenaar, R. J., Munger, E., Molenkamp, R., van der Spek, A., Tolsma, P., Rietveld, A., Brouwer, M., Bouwmeester-Vincken, N., Harders, F., der Honing, R. H. van, Wegdam-Blans, M. C. A., Bouwstra, R. J., GeurtsvanKessel, C., van der Eijk, A. A., Velkers, F. C., Smit, L. A. M., ... Koopmans, M. P. G. (2021). Transmission of SARS-CoV-2 on mink farms between humans and mink and back to humans. *Science*, 371(6525), 172–177. https://doi.org/10.1126/SCIENCE.ABE5901/SUPPL_FILE/ABE5901_OUDE_MUNNINK_TABLE_S1.PDF
- Nelson, M. I., & Vincent, A. L. (2015). Reverse zoonosis of influenza to swine: new perspectives on the human–animal interface. *Trends in Microbiology*, 23(3), 142–153. <https://doi.org/10.1016/J.TREMIC.2015.02.002>

- OPS. (2022). *Actualización Epidemiológica de la Viruela Símica en países no endémicos*. <https://www.paho.org/es/documentos/actualizacion-epidemiologica-viruela-simica-paises-no-endemicos-13-junio-2022>
- Orba, Y., Sasaki, M., Yamaguchi, H., Ishii, A., Thomas, Y., Ogawa, H., Hang'ombe, B. M., Mweene, A. S., Morikawa, S., Saijo, M., & Sawa, H. (2015). Orthopoxvirus infection among wildlife in Zambia. *The Journal of General Virology*, 96(Pt 2), 390–394. <https://doi.org/10.1099/VIR.0.070219-0>
- Parker, S., Nuara, A., Buller, R. M. L., & Schultz, D. A. (2007). Human monkeypox: an emerging zoonotic disease. *Http://Dx.Doi.Org/10.2217/17460913.2.1.17*, 2(1), 17–34. <https://doi.org/10.2217/17460913.2.1.17>
- Reed, K. D., Melski, J. W., Graham, M. B., Regnery, R. L., Sotir, M. J., Wegner, M. v., Kazmierczak, J. J., Stratman, E. J., Li, Y., Fairley, J. A., Swain, G. R., Olson, V. A., Sargent, E. K., Kehl, S. C., Frace, M. A., Kline, R., Foldy, S. L., Davis, J. P., & Damon, I. K. (2004). The detection of monkeypox in humans in the Western Hemisphere. *The New England Journal of Medicine*, 350(4), 342–350. <https://doi.org/10.1056/NEJMOA032299>
- Reynolds, M. G., Doty, J. B., McCollum, A. M., Olson, V. A., & Nakazawa, Y. (2019). Monkeypox re-emergence in Africa: a call to expand the concept and practice of One Health. *Https://Doi.Org/10.1080/14787210.2019.1567330*, 17(2), 129–139. <https://doi.org/10.1080/14787210.2019.1567330>
- Sharun, K., Tiwari, R., Natesan, S., & Dhama, K. (2021). SARS-CoV-2 infection in farmed minks, associated zoonotic concerns, and importance of the One Health approach during the ongoing COVID-19 pandemic. *The Veterinary Quarterly*, 41(1), 50–60. <https://doi.org/10.1080/01652176.2020.1867776>
- Zerón, A. (2022). Las nuevas cepas y variantes. *Revista de La Asociación Dental*, 79(1), 4–6. <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=103811>