

Revisión de literatura

Una revisión sumaria sobre algunos virus veterinarios importantes en las Américas

Sebastian Giraldo-Ramirez¹  M.Sc; Santiago Rendon-Marin¹  IB; Julian Ruiz-Saenz^{1*}  Ph.D.

¹Universidad Cooperativa de Colombia, sede Bucaramanga. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Grupo de Investigación en Ciencias Animales – GRICA. Bucaramanga, Colombia.

*Correspondencia: julian.ruizs@campusucc.edu.co

Recibido: Mayo 2020; Aceptado: Noviembre 2020; Publicado: Abril 2020.

RESUMEN

Los animales se han convertido en miembros esenciales de nuestra Sociedad, con roles que incluyen compañía, bienestar y terapia para algunas enfermedades, así como fuente de alimento para muchas poblaciones alrededor del mundo. Los animales destinados para el consumo humano como cerdos y bovinos, así como los animales de compañía, especialmente los gatos y perros están constantemente amenazados por múltiples agentes virales, lo cual pone en riesgo a los propietarios de mascotas y amenaza la seguridad alimentaria en las regiones. Sabiendo que el control o la erradicación es un problema complejo que involucra diversos aspectos, existe un éxito limitado respecto a esto para enfermedades virales tales como la fiebre aftosa, rabia, la peste porcina clásica o africana. Esta revisión tiene como objetivo mostrar las características más importantes, en el contexto epidemiológico, de virus de animales de producción, virus reemergentes que afectan animales de compañía y virus zoonóticos emergentes y reemergentes. Debido a que los patógenos virales afectan poblaciones animales y el bienestar humano, existe la necesidad de incrementar los esfuerzos en el control, monitoreo y erradicación de estos tanto de los animales de producción como en los animales de compañía. Por lo cual, las siguientes secciones contribuyen a mejorar el entendimiento de estos agentes virales y diseñar acciones de control en las Américas.

Palabras clave: Virus animales; animales de compañía; animales de granja; ganado; enfermedades reemergentes; enfermedades zoonóticas (*Fuente: MeSH*).

ABSTRACT

Animals have become an essential member for our society, with roles related to company, human well-being and therapy for some diseases, and as a source of food in many populations around the world. Animals intended for human consumption like pigs and cattle, as well as companion animals, specifically cats and dogs, are constantly threatened by multiple viral agents. This puts at risk pet owners and threatens food security in the region. Considering that control or eradication is a complex problem that involves several aspects, there is a limited success in this regard for viral

Como citar (Vancouver).

Giraldo-Ramirez S, Rendon-Marin S, Ruiz-Saenz J. Una revisión sumaria sobre algunos virus veterinarios importantes en las Américas. Rev MVZ Córdoba. 2021; 26(2):e1965. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1965>



©El (los) autor (es), Revista MVZ Córdoba 2021. Este artículo se distribuye bajo los términos de la licencia internacional Creative Commons Attribution 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>), que permite a otros distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir de su obra de modo no comercial, siempre y cuando den crédito y licencien sus nuevas creaciones bajo las mismas condiciones.

diseases such as foot-and-mouth disease, rabies and classical or African swine fever, this review aims to show the most important characteristics, in the epidemiological context, from farm animals virus, re-emerging viruses affecting companion animals, and emerging and re-emerging zoonotic viruses. Since viral pathogens affect animal populations and human well-being, there is a need to increase efforts to control, monitor and eradicate them from livestock and companion animals. The following sections contribute to improve the understanding of these viral agents and orchestrate actions of control entities in the Americas.

Keywords: Animal viruses; companion animals; farm animals; livestock; re-emerging diseases; zoonotic diseases (*Source: MeSH*).

INTRODUCCIÓN

Históricamente, los animales han jugado un papel crucial en la vida humana; comprendiendo desde compañía y bienestar hasta una fuente de alimento. Los animales son miembros esenciales de nuestra sociedad y están fuertemente asediados por diversos agentes virales (1). Debido a la expansión de la actividad humana, la vida silvestre se ha puesto en contacto con los sistemas productivos humanos. La vida silvestre desempeña un papel importante como reservorio de enfermedades virales humanas (2), al igual que lo hacen los animales de granja y de compañía, que también se han convertido en un reservorio relevante de diferentes virus; incluyendo en estos grupos a perros, gatos, hurones, cobayas, reptiles, aves y algunos peces ornamentales y especies animales de producción de alimentos, como los cerdos domésticos. Las infecciones virales en los animales representan no solo un riesgo para los propietarios de las mascotas y la conservación de los animales, sino también para la seguridad alimentaria de la región, lo cual pueden poner en serio riesgo la salud pública (3). El objetivo de esta revisión de literatura es caracterizar los virus de importancia veterinaria que afectan al ganado y los animales de compañía en las Américas. Aunque la importancia de los animales en la sociedad humana está bien establecida, todavía existen vacíos en la investigación relacionadas con los animales como fuente de virus zoonóticos. En las siguientes secciones se presentarán tres grupos principales de patógenos. En primer lugar, los virus que afectan los sistemas de producción animal, poniendo en riesgo la seguridad alimentaria de las poblaciones; segundo, virus reemergentes de animales de compañía y sus desafíos en la internacionalización y el transporte de mascotas; y finalmente, virus que podrían tener reservorios en poblaciones animales y que a su vez son zoonóticos.

Virus del ganado y animales de granja

Virus De La Fiebre Aftosa (FMDV). Este agente se considera uno de los virus de importancia veterinaria más significativos desde el punto de vista económico debido a su naturaleza extremadamente infecciosa, la amplia gama de especies hospederas y su alta capacidad para causar infecciones persistentes. El FMDV el cual causa la enfermedad conocida como fiebre aftosa (FA), el cual es miembro prototipo del género *Aphthovirus*, que afecta a una gran variedad de animales domésticos como cerdos, ovejas, cabras y bovinos (es decir, miembros del orden *Artiodactyla*) (4). Los países donde la enfermedad está presente poseen restricciones comerciales (4). El agente se transmite a través de una diferentes excreciones y secreciones como la saliva, la orina, la leche y el semen, por las cuales se eliminan grandes cantidades de virus e infectan a otros animales por vía respiratoria y oral. Además, el FMDV también podría transmitirse por fómites contaminados por excreciones y secreciones de animales infectados (4).

La infección del ganado ocasiona regularmente una pérdida significativa de la producción de leche en el ganado lechero, reducción en la tasa de crecimiento de los animales utilizados para la producción de carne, pérdida temporal de la fuerza de tiro con búfalos y ganado de trabajo, reducción en la fertilidad y muerte en animales más jóvenes. Además, la incidencia de la FMD tiene como consecuencia el sacrificio de animales no vacunados y con infección crónica, lo que puede generar pérdida de ingresos y de valiosos animales reproductores, además, la perturbación de los programas de mejoramiento del genético (5).

En las Américas, el FMDV se conoce desde el siglo XIX; Sin embargo, en la actualidad, no hay presencia de este virus en la mayor

parte del continente. Los países de América del Norte, Centro América y el Caribe están exentos de esta enfermedad, mientras que los países de América del Sur están trabajando en conjunto para erradicar el FMDV (6). Para este objetivo, el Marco Global de la FAO/OIE para el Control Progresivo de Enfermedades Transfronterizas de los Animales (del inglés, *FAO/OIE Global Framework for the Progressive Control of Transboundary Animal Diseases*) ha establecido la erradicación del FMDV como un objetivo común y un bien público mundial. El objetivo principal es ayudar a mitigar la pobreza y mejorar, no solo la situación actual en los países en desarrollo, sino también el comercio mundial y regional de animales y sus productos.

Aunque el FMDV ha sido regulado en la mayoría de los países de América del Sur (Tabla 1), el control y la erradicación efectiva siguen siendo un desafío en la región debido a que hay países como Venezuela y la región amazónica de Brasil en los que no hay un control efectivo del virus (7). Es importante destacar que los países o regiones reconocidos como libres de FMD con vacunación deben fortalecer sus sistemas de vigilancia para lograr señales de reconocimiento temprano, o para evidenciar infección a través de la detección de antígenos, anticuerpos o partículas virales (8). Además, es importante evitar la transmisión transfronteriza de virus a través del empoderamiento de los sistemas de vigilancia internacional, especialmente en países como Colombia, Perú y Brasil que comparten fronteras con áreas no controladas (9) (Figura 1). Recientemente, la Alianza Global para la Investigación de la FMD (del inglés *Global FMD Research Alliance*) (7) ha publicado una lista completa de las necesidades de la investigación para la región.

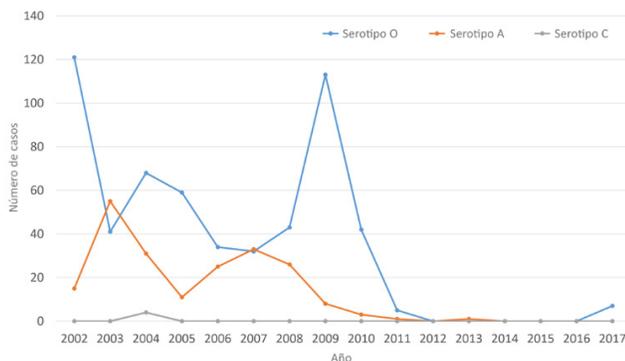


Figura 1. Cronología de casos de FMDV notificados en el programa de erradicación de PANAFTOSA entre 2002 y 2017. Adaptado de PAHO (10).

Tabla 1. Estado de salud de los países libres de FMDV en las Américas.

País	LSV	LCV	ZLSV	ZLCV	Último caso reportado*
Argentina			X	X	2006 serotipo O
Bolivia			X	X	2007 serotipo O
Brasil			X	X	2006 serotipo O
Chile	X				1987 serotipo O
Colombia			X		2017 serotipo O
Ecuador			X	X	2011 serotipo O
Perú	X				2004 serotipo O
Paraguay		X			2001 serotipo O
Uruguay		X			2001 serotipo A
Venezuela					2011 serotipo A

LSV: Libre sin vacunación; LCV: Libre con vacunación; ZLSV: Zonas libres sin vacunación; ZLCV: Zonas libres con vacunación.

*Adaptado de PAHO (10)

La FMD no es considerada una enfermedad zoonótica por la Organización Mundial de la Salud (OMS), por lo tanto, no es una amenaza para la salud humana. Sin embargo, se han reportado algunos casos de infección, principalmente en personas que están en contacto con animales infectados o muestras de estos, tales como trabajadores agrícolas y usuarios de laboratorios de investigación (11).

Virus de influenza aviar (AIV). Los virus de la influenza A pertenecen a la familia *Orthomyxoviridae*. La gripe aviar, es una enfermedad viral aguda extremadamente contagiosa que puede ocurrir de forma epidémica y transfronteriza en las aves de corral (12). Dieciséis de los dieciocho subtipos de hemaglutinina descubiertos (H1-H16) y 9 de los subtipos de neuraminidasa (N1-N9) descritos se han distinguido como especies aviares (12). Además, estos virus pueden infectar una gran variedad de especies de mamíferos, que incluyen los humanos, caballos, cerdos, gatos, perros e incluso algunas especies marinas (13,14). Recientemente se han identificado nuevas variantes del AIV en murciélagos de hombros amarillos de Guatemala, el cual es compatible para el intercambio genético con el virus de influenza humana (15). Por otra parte, se identificó un nuevo virus de influenza A en murciélagos peruanos. Se descubrió que este virus tenía una gran diversidad genética, lo que sugiere una asociación de virus-hospedero de largo tiempo. Los murciélagos podrían desempeñar un papel importante en la

propagación del virus de la influenza para otras especies, incluso las aves de corral (16). En las Américas, se ha informado el reordenamiento genómico de genes estadounidenses y euroasiáticos en un virus de la influenza A H13N2, aislado de la gran gaviota de lomo negro, una especie que se mueve entre estas dos regiones (17).

Desde el punto de vista de la patogenicidad, los AIV se han clasificado como virus de la influenza aviar alta patogenicidad (HPAI) o influenza aviar de baja patogenicidad (LPAI). Actualmente, solo se ha demostrado que los subtipos H5 y H7 son virus HPAI, sin embargo, no todos los virus H5 y H7 se consideran virus HPAI (18). Los virus LPAI H5 o H7 podrían convertirse en virus HPAI debido a la acumulación de mutaciones que ocurre después de la infección de un ave (19). Se estima que los virus HPAI han impactado fuertemente tanto la salud aviar como la producción avícola en todo el mundo. Más de 500 millones de muertes de aves de corral se han relacionado con infecciones de influenza aviar (20) que provocan repercusiones en los aspectos económicos, políticos y/o socioculturales (21).

Además, los AIV tienen una incidencia importante en la salud humana, puesto que han estado involucrados en eventos pandémicos como los ocurridos en 1918 (H1N1), 1957 (H2N2) y 1968 (H3N2) (22). El brote más reciente de AIV infectados por humanos se produjo en 2003 en países asiáticos. Este brote se relacionó con influenza H5N1 altamente patógena y se notificaron más de cien casos en cuatro países (Tailandia, Camboya, Indonesia y Vietnam) con 57 muertes humanas (23). En 2009, el virus de la influenza A H1N1 se convirtió en pandemia y causó alrededor de 200,000 muertes humanas en los primeros doce meses. Este virus es una influenza de origen porcino, pero se ha demostrado que comparte información genética con cepas humanas y de aves (24).

América Latina y el Caribe producen el 20,40% de las aves de corral a nivel mundial, por lo cual, las aves de corral tienen un papel importante en la producción animal de la región (25), y el riesgo de un brote de AIV en todo el continente ha aumentado. Existe una amplia gama de animales y sus subproductos que se intercambian dentro y entre países latinoamericanos. Un brote de HPAI en México, en 2012-2013 provocó el sacrificio de 30 millones de pollos, y en los Estados Unidos un

brote en 2014-2015 provocó la pérdida de 48 millones de aves domésticas y cinco mil millones de dólares en pérdidas totales (26).

En América Latina, se ha informado de alrededor de 14 subtipos de virus de influenza en las aves, incluidas cepas LPAI y HPAI. El AIV más común que se ha reportado es el LPAI H5N2 (27,28), que aparece en primer lugar en México, Guatemala, El Salvador y Honduras. México y Chile han sufrido la presencia de HPAI; sin embargo, los virus LPAI H7N3 se aislaron originalmente y, con el tiempo, se convirtieron en virus HPAI como resultado de eventos de deriva genética (29). Los análisis filogenéticos de los AIV en América Latina han demostrado las relaciones entre los AIV de América del Norte y los virus sudamericanos. Esto sugiere que existe una transmisión viral entre el continente americano probablemente debido a las rutas migratorias de aves, que no son factibles de ser controladas (27). Con respecto a la circulación de otros AIV en las Américas, los estudios de secuenciación del genoma completo permiten determinar las variantes circulantes en las Américas (27). El H7N9 se detectó por primera vez en China en 2013 como un virus LPAI, con la capacidad de infectar a los humanos, causando más de 1600 infecciones. En 2017, este virus tuvo un proceso de mutación y se convirtió en un virus de tipo HPAI que se propagó a otras regiones de China y afectó a aves de corral. En 2015, se notificó un nuevo virus reordenado H5N1 en aves de corral en los Estados Unidos y Canadá y, finalmente, en 2018, se notificaron brotes de la cepa H7N3 de HPAI en México. Los subtipos de LPAI reportados en Estados Unidos entre 2013 y 2018 son H5N1, H5N2, H5N8, H7N3, H7N8 (30).

La OIE ha propuesto estrategias para el manejo de aves infectadas, incluida la eliminación de cadáveres, heces y desechos; vigilancia y monitoreo de aves de corral potencialmente infectadas o expuestas; cuarentena y control de movimiento de aves, personal y posiblemente vehículos contaminados; descontaminación de establecimientos infectados; sumado a un período de cuarentena de no menos de 21 días antes de la reposición de nuevos animales (30). La vacunación es importante en áreas endémicas, donde busca generar protección de la población (31).

Debido al complejo escenario de circulación de AIV en las Américas, es imperativo realizar un diagnóstico eficaz de los casos de enfermedad

y mortalidad en los reservorios, buscando una detección rápida de AIV (32). Por lo tanto, es crucial reforzar los sistemas de vigilancia de las AIV mediante un trabajo cooperativo ya sea por entidades no gubernamentales o gubernamentales (33). Además, es relevante desarrollar diversas estrategias para prevenir y responder a los brotes de AIV. La capacitación en bioseguridad en la industria y la producción avícolas de traspacio pudiera ser una estrategia útil para reducir el riesgo de transmisión de AIV entre la vida silvestre (reservorios naturales) y las aves domésticas (hospedadores susceptibles) (34).

Virus de la peste porcina clásica (CSFV).

Pertenece a la familia *Flaviviridae* y causa la peste porcina clásica (PPC), también llamada "cólera porcina", la cual es una enfermedad viral contagiosa que afecta a los cerdos, jabalíes y pecaríes domésticos y salvajes (35). Su transmisión es principalmente a través de la saliva, la orina, las heces y secreciones nasales de un animal infectado a uno sano (36). Además, el contacto indirecto con alimentos, superficies y objetos contaminados con estas secreciones también representa una fuente importante de transmisión de virus. Los animales con enfermedades crónicas pueden excretar partículas virales en las heces durante meses y la transmisión transplacentaria también se ha reportado. La PPC tiene un gran impacto en la salud animal y la industria porcina, y aunque el CSFV no se considera un patógeno zoonótico, los animales infectados están prohibidos en la cadena de consumo humano, lo que provoca restricciones en la producción animal y el comercio internacional (37). En áreas donde el CSFV es enzoótico, la vacunación representa el principal medio de prevención de enfermedad. Sin embargo, un sistema de notificación eficiente, políticas estrictas de importación de animales vivos o sus productos, identificación efectiva de animales enfermos y medidas de higiene adecuadas para los corrales pueden ayudar en el control de enfermedad (36).

Países como Canadá, EE.UU., Chile, Belice, Costa Rica, Panamá y México, donde 13 de los 32 estados están libres de la enfermedad, han dado conferido gran importancia al control y la posible erradicación de la PPC. Sin embargo, en otros países de América, la enfermedad aparece bajo control, como es el caso de los cinco países de la Región Andina y los 12 estados del norte de Brasil. En América del Sur, Chile, Uruguay y 13 estados de Brasil están libres de la enfermedad;

mientras que Argentina ha desarrollado una campaña nacional y se encuentra en proceso de erradicar la enfermedad (37). Con el fin de lograr el control completo y la erradicación de la PPC, la FAO ha liderado el "Plan Continental para la Erradicación de la peste porcina clásica en las Américas", que tiene como objetivo principal la erradicación completa del virus en las Américas para 2020 (37). Sin embargo, el último informe de la OIE en 2019 sobre la presencia de PPC en América Latina, muestra que esta enfermedad está presente en cuatro países; Colombia, Brasil, Ecuador y Perú (38), lo cual hace que sea difícil lograr la erradicación de la CSF para finales del 2020.

Los principales desafíos para cumplir con este objetivo residen en la dificultad de definir adecuadamente los signos clínicos de la PPC, ya que algunas de las cepas de virus que circulan en las Américas parecen tener una virulencia moderada que produce infección subaguda o crónica. Además, el movimiento de lechones inmunotolerantes al CSFV constituye la fuente de infección para otros animales debido principalmente a que esos animales no responden eficazmente a la vacunación. Sin embargo, se ha comprobado la eficacia de una vacuna viva atenuada en cerdos infectados con persistencia postnatal, convirtiéndose en una nueva estrategia de prevención (39). Finalmente, se necesitan controles fronterizos más estrictos en los países libres para mantener su estatus. Prácticas como el movimiento ilegal de cerdos, la incorporación de nuevos animales sin control, el mal manejo de las vacunas y su aplicación deficiente, las infracciones en la bioseguridad, entre otros, contribuyen a la propagación la enfermedad, lo cual debe evitarse para lograr la erradicación del CSFV en un futuro próximo (36).

Virus reemergentes de importancia para animales de compañía

El parvovirus canino (CPV-2), miembro de la familia *Parvoviridae* y el *Morbillivirus canino* (CDV), anteriormente "virus del distemper canino", que pertenece a la familia *Paramyxoviridae*, son los agentes etiológicos de las enfermedades más infecciosas que afectan a los perros domésticos. Hoy en día, el CDV también se conoce como un virus altamente prevalente en la vida silvestre, convirtiéndose en un peligro importante para la conservación de especies en peligro de extinción en todo

el mundo (40). CDV y CPV-2 tienen altas tasas de sustitución, y aunque se han usado vacunas vivas atenuadas desde hace más de 40 años para controlar las enfermedades, estos virus continúan causando brotes en animales domésticos y salvajes susceptibles e incluso en animales vacunados en diferentes áreas del continente americano.

La amplia diversidad genética de CPV-2 y CDV en el continente sudamericano ha generado una preocupación importante sobre el papel de estos virus en la salud animal, principalmente porque los brotes de enfermedades clínicas por CDV y CPV-2 en animales vacunados y de vida silvestre potencialmente susceptibles, son cada vez más frecuentes. En las Américas, se ha informado de la circulación de al menos ocho linajes genéticos de CDV, convirtiéndose en el continente con el mayor número de linajes descritos hasta la fecha. La aparición de nuevas variantes podría deberse a la alta diversidad genética del CDV, además de potenciales fallas de la vacunación que se han reportado en todo el mundo (41,42).

Además, se ha descrito la circulación de las tres variantes conocidas para el CPV-2, y recientemente se ha informado de una posible nueva variante del CPV-2a (43). Esta amplia circulación de diferentes virus en la región (Tabla 2), sumada al tránsito internacional constante de mascotas, podría ser la razón de la aparición o reaparición de nuevas variantes virales que circulan desde el sur hasta la región norte del continente. Esos hechos conducen a la presentación de nuevos casos endémicos, que han causado pérdidas económicas y daños en la calidad de vida de los propietarios, dada la circulación constante que ha tenido estos agentes desde la década de 1980 en los Estados Unidos y su distribución global (44).

Teniendo en cuenta que el CDV puede afectar a una amplia gama de especies, incluidos los animales domésticos y silvestres, se ha propuesto la posible transmisión entre especies a los humanos, debido a la aparición de diversos linajes diferentes (45). Aunque, hasta la fecha, no hay evidencia de infección humana por CDV, el virus ha sido aislado in vivo de primates no humanos e in vitro en líneas celulares humanas, destacando la posibilidad de un salto zoonótico a los humanos en ausencia de inmunidad viral por sarampión (46,47).

Tabla 2. Presencia de las diferentes variantes antigénicas de CPV y linajes de CDV en cada país en América.

País	Variantes CPV	Linajes CDV
Argentina	2a, 2b, 2c	Sur América - 2, Europa/Sur América 1
Uruguay	2a, 2c	Europa/Sur América 1
Chile	Detección serológica	NR
Paraguay	2c	NR
Brasil	2a, 2b, 2c	Sur América - 2
Perú	2a, 2c	NR
Ecuador	2a, 2b, 2c	Sur América - 4
Bolivia	Detección serológica	NR
Colombia	2a, 2b	Sur América - 3; Sur América - 4
Nicaragua	Detección serológica	NR
Isla Galápagos	Detección serológica	NR
Cuba	2	NR
Isla San Cristóbal	2a	NR
México	2c	NR
Estados Unidos	2a, 2b, 2c	Norte América 1 - 4
Canadá	2a, 2b, 2c	Norte América - 2

NR: Nunca reportada.

Importantes medidas y controles fronterizos deben tomarse para las mascotas que viajan entre países, a fin de evitar la propagación del virus de una región a otra. Además, deben garantizarse los esquemas de vacunación aprobados internacionalmente, aplicados en diferentes países donde hay tránsito de mascotas entre ellos (48). Además, investigación futura debe abordar la dinámica de transmisión, evolución y evasión de la respuesta inmune por las nuevas variantes virales en la región para garantizar el control a tiempo de estos agentes y reducir las posibilidades de nuevas epidemias.

Virus zoonóticos emergentes y reemergentes

Virus de la rabia (RABV). La rabia es una encefalomiелitis viral progresiva fatal que afecta a los mamíferos. Se transmite a los humanos a través de animales domésticos o salvajes por medio de mordeduras o arañazos, a través de la saliva (49). Es causada por un Lyssavirus de la Familia *Rhabdoviridae* y se estima que causa

59,000 muertes humanas anualmente en todo el mundo, principalmente en Asia y África, y más de 3.7 millones de años de vida ajustados por discapacidad (AVAD) perdidos por año (50). La transmisión de la rabia ocurre en dos formas epidemiológicas: a) forma urbana, con perros como reservorio principal y transmisor, y b) forma silvestre, con murciélagos, zorros y lobos como reservorios principales y transmisores y gatos como simples transmisores (51). Es importante mencionar que, aunque la rabia transmitida por murciélagos en la industria ganadera tiene un gran impacto productivo, el papel en la transmisión de esta zoonosis del ganado a los humanos es baja (52).

Aunque se ha logrado una reducción del noventa y cinco por ciento de los casos de rabia humana transmitida por perros en América Latina (53), hubo reporte de casos de rabia transmitida por perros en seis países en 2015 y tres en 2016 (52). Además de este escenario, en la última década, la rabia transmitida por murciélagos ha derivado en una limitación importante para la producción ganadera y se ha convertido en la principal causa de brotes letales de rabia humana en las Américas (54, 55) (Tabla 3). Debido a la presencia del virus en las poblaciones de murciélagos en toda la región, es importante considerar el papel de la vida silvestre en el control de la enfermedad. Los principales esfuerzos para controlar la rabia se han enfocado en vacunar al ganado y controlar las especies que actúan como reservorios al considerarse como una posible fuente de propagación a los humanos (56).

Para controlar de manera eficiente la propagación del virus desde reservorios potenciales (animales domésticos y silvestres) a poblaciones humanas y ganado susceptible, las estrategias de control de la rabia deben centrarse en reforzar los programas regionales para la vacunación de animales domésticos y comprender el papel de la vida silvestre en la epidemiología de enfermedad. Los casos más recientes de rabia humana en los EE. UU. y México se han asociado con la vida silvestre (57); esto destaca la necesidad urgente de establecer protocolos con estándares internacionales para controlar la rabia en vida silvestre y evitar la

transmisión de variantes virales de animales silvestres a los humanos (58), considerando que la actividades humanas como la deforestación, la agricultura, la caza y la domesticación de animales, juegan un papel importante en la aparición y resurgimiento de patógenos virales, debido a que la proximidad con los animales facilita este escenario potencial.

Virus de la encefalitis equina venezolana (VEEV). Es uno de los virus de importancia veterinaria y médica más relevantes debido a su potencial zoonótico, el cual pertenece a la familia *Togaviridae* y se caracteriza por transmitirse a través de la picadura de mosquitos infectados (59). Actualmente, no hay vacunas humanas licenciadas para la Encefalitis equina Venezolana (VEE); sin embargo, el Instituto de Investigación Médica de Enfermedades Infecciosas del Ejército de los EE. UU. ha desarrollado vacunas vivas atenuadas e inactivadas con formalina se emplean bajo la vigilancia de la Administración de Medicamentos y Alimentos de los EE. UU. (FDA) (60). El VEEV se ha asociado con enfermedades equinas y humanas, y se clasifica en los subtipos: IAB, IC, ID y IE. Los virus IAB e IC incluyen virus epizooticos / epidémicos relacionados con brotes en equinos, que provocan enfermedades graves en los équidos y una transmisión sustancial a los humanos. Los subtipos ID e IE abarcan virus enzoóticos/ endémicos que circulan en bosques y pantanos de los países del norte de América del Sur, América Central y México, causando enfermedades endémicas con contagio directo (61).

Se han identificado mosquitos enzoóticos para las diferentes variantes del VEEV: i) *Culex (Melanoconion) portesi* que transmite el virus *Mucambo* (complejo VEE subtipo IIIA) en Trinidad, ii) *Culex (Melanoconion) cedecei* que transmite el virus *Everglades* (complejo VEE subtipo II) en el sur de Florida, iii) *Culex (Melanoconion) aikenisensu lato* que transmite el subtipo ID del VEEV en Panamá, y iv) *Culex (Melanoconion) taeniopus* es el vector primario enzoótico del subtipo IE VEEV en Guatemala. Estos mosquitos son los principales vectores de la mayoría de las cepas enzoóticas de VEEV. Sin embargo, en Colombia, se ha identificado el *Culex (Melanoconion) vomerifer, pedroi* y *adamesi* como vectores enzoóticos naturales del subtipo ID (62).

Tabla 3. Situación de circulación de Rabia en las Américas en 2018.

País	2018	Especies
Anguila	NI	
Antigua y Barbuda	NI	
Argentina	Presente	Bov, equi, silvestre
Aruba	NI	
Bahamas	NI	
Barbados	NR	
Belice	Presente	Bov, equi, ovi, silvestre
Bermudas	NI	
Bolivia	Presente	Can, fel, bov, equi, lep, cap
Brasil	Presente	Fel, ovi, sui, bov, buf, can, cap, equi, silvestre, cml
Islas Vírgenes Británicas	NI	
Canadá	Presente	Silvestre, can, cap, fel, bov
Islas Caimán	NI	
Chile	Presente	Silvestre
Colombia	Presente	Bov, buf, cap, equi, ovi, sui
Costa Rica	Presente	Bov, can, equi
Cuba	Presente	Can, fel, silvestre
Dominica	NI	
República Dominicana	Presente	Can, fel, silvestre, equi
Ecuador	Presente	Bov, equi, sui
El salvador	NI	
Islas Malvinas	NR	
Guayana Francesa	Presente	Bov, buf, can, cap, equi, fel, ovi
Granada	NI	
Guadalupe	NR	
Guatemala	NI	
Guyana	NI	
Haití	Presente	Can
Honduras	Ausente	
Jamaica	NR	
Martinica	NR	
México	Presente	Bov, buf, silvestre, equi, ovi, fel
Isla de Montserrat	NI	
Antillas Holandesas	NI	
Nicaragua	Presente	Bov, cap, equi, ovi, can, sui, fel
Panamá	Presente	Bov, buf, can, cap, equi, fel, bovi, sui
Paraguay	Presente	Can, bovi, equi, ovi, cap, silvestre
Perú	Presente	Bovi, cap, equi, ovi, sui, buf, can, fel, lep, cml
Puerto Rico & Islas Vírgenes de los Estados Unidos	NI	
San Cristobal y Nieves	NI	
Santa Lucía	NI	
San Pedro y Miquelón	NI	
San Vicente y las Granadinas	NR	
Islas Georgias del Sur y Sandwich del Sur	NI	
Surinam	Ausente	
Trinidad y Tobago	Ausente	
Islas Turcas y Caicos	NI	
Islas Vírgenes de los Estados Unidos	NI	
Islas Ultramarinas Menores de los Estados Unidos	NI	
Estados Unidos	Presente	Bov, can, equi, fel,
Uruguay	Presente	Silvestre
Venezuela	Presente	Bov, buf, cap, equi, ovi, sui, silvestre

NI: No hay información. NR: Nunca reportado. Bov: Bovino. Cap: Caprino. Equi: Equino. Can: Canino. Fel: Felino. Lep: Lepórido. Buf: Búfalo. Ovi: Ovino. Sui: Suino. Cml: Camélido. Información tomada de WAHIS/OIE.

El último brote epidémico de gran magnitud de EEV en las Américas ocurrió en 1995 en la región norte de Venezuela y el noreste de Colombia, produciendo entre $\approx 75,000$ y $100,000$ casos en humanos con ≈ 300 muertes y un número aún mayor de equinos reportados infectados o muertos (63). Después de un período prolongado de inactividad epidemiológica del VEEV en la región, es importante explorar si estos virus continúan siendo una amenaza para los seres humanos y animales en las Américas (Figura 2).

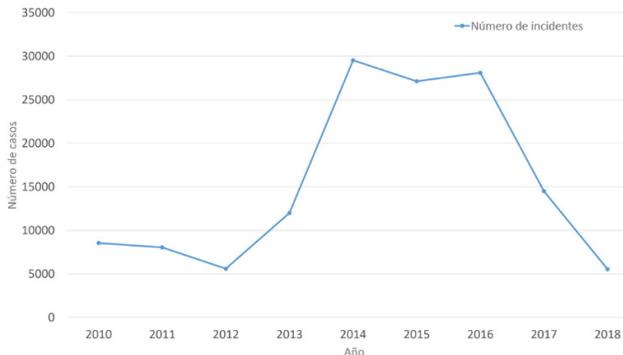


Figura 2. Cronología de los casos de EEV notificados por la OIE en América entre 2010 y 2018. Información tomada de WAHIS / OIE.

Se deben evaluar diferentes aspectos para comprender el posible riesgo de una nueva epidemia de EEV en las Américas. Ya sabemos que ha habido circulación de virus VEEV en caballos, ganado y vectores en Colombia y Venezuela durante los últimos años (64). Además, se ha confirmado la persistencia post-epizoótica de los virus VEEV IAB y IC en Venezuela, (64) y la continua circulación de subtipos endémicos ID en Colombia (65), Bolivia, Ecuador y Perú (61). Además, se han reportado casos del subtipo endémico ID letal en Panamá (66), destacando el papel del VEEV endémico como una enfermedad arboviral significativa, pero generalmente descuidada en las Américas. Por lo tanto, es necesario establecer una agenda de prioridades para disminuir el impacto de un posible resurgimiento de la EEV.

Se deben realizar importantes esfuerzos internacionales para comprender el riesgo de diseminación del VEEV en todo el continente como se ha visto en los últimos años para otras enfermedades emergentes arbovirales como el virus del Nilo Occidental (WNV). Se deben realizar amplios estudios de vigilancia epidemiológica regional para establecer la abundancia de poblaciones de vectores del VEEV, estudios serológicos para determinar la disponibilidad de mamíferos no equinos

susceptibles que actúan como reservorios y la cobertura de la vacuna en equinos como fuente de amplificación de virus para humanos. Finalmente, se debe realizar una vigilancia virológica continua para establecer la presencia de virus endémicos y la aparición de subtipos virales epizoóticos que permita establecer medidas de control temprano y restricciones de comercio internacional que eviten la expansión del virus en la región.

Observaciones finales

Esta revisión resume las características clave, en el contexto epidemiológico, de ciertos patógenos virales importantes que afectan a los animales de compañía y animales de granja en las Américas. La reducción del riesgo de aparición o reaparición de virus animales debe lograrse para mantener seguras las poblaciones de animales y humanos. Las medidas para controlar y erradicar los agentes virales zoonóticos son urgentes, para salvaguardar la salud humana, la seguridad alimentaria y el bienestar.

Dado que la situación epidemiológica de un país en particular podría afectar a toda la región, existe la necesidad de implementar políticas integradas interregionales de prevención y control para garantizar la salud animal y la seguridad alimentaria de la región.

También es importante tener en cuenta que problemas regionales exigen respuestas continentales que refuercen la cooperación interinstitucional no solo a nivel regional sino también a nivel transnacional para comprender mejor la dinámica de transmisión y distribución de enfermedades virales animales. Es necesario fortalecer el papel de las medidas estandarizadas de diagnóstico, prevención y control para las enfermedades virales mencionadas, para que todos los países hablen el mismo "lenguaje de control y erradicación". Una mejor comprensión y control de las enfermedades virales relevantes mejorará la salud animal y humana y el bienestar de nuestras poblaciones.

Conflicto de intereses

No hay conflicto de intereses con respecto a este manuscrito.

Agradecimientos

Nos gustaría agradecer al Dr. Edward McSweegan de la Global Virus Network y al Dr. Mike Bray, editor de Antiviral Research por sus útiles correcciones. Además, nos gustaría agradecer a la Sociedad Colombiana de Virología por promover la virología en nuestro país.

REFERENCIAS

1. Walsh F. Human-animal bonds I: the relational significance of companion animals. *Fam Process*. 2009; 48(4):462-480. <https://doi.org/10.1111/j.1545-5300.2009.01296.x>
2. Christou L. The global burden of bacterial and viral zoonotic infections. *Clin Microbiol Infect*. 2011; 17(3):326-330. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2010.03441.x>
3. Reperant L, Brown I, Haenen O, de Jong M, Osterhaus AD, Papa A, et al. Companion Animals as a Source of Viruses for Human Beings and Food Production Animals. *Journal of Comparative Pathology*. 2016; 155(1):S41-S53. <https://doi.org/10.1016/j.jcpa.2016.07.006>
4. Ruiz-Saenz J, Goez Y, Tabares W, Lopez-Herrera A. Cellular receptors for foot and mouth disease virus. *Intervirology*. 2009; 52(4):201-212. <https://doi.org/10.1159/000226121>
5. Robinson L, Knight-Jones TJ, Charleston B, Rodriguez LL, Gay CG, Sumption KJ, et al. Global Foot-and-Mouth Disease Research Update and Gap Analysis: 7 - Pathogenesis and Molecular Biology. *Transbound Emerg Dis*. 2016; 63(Suppl 1):63-71. <https://doi.org/10.1111/tbed.12520>
6. Clavijo A, Sanchez-Vazquez MJ, Buzanovsky LP, Martini M, Pompei JC, Cosivi O. Current Status and Future Prospects to Achieve Foot-and-Mouth Disease Eradication in South America. *Transbound Emerg Dis*. 2017; 64(1):31-36. <https://doi.org/10.1111/tbed.12345>
7. Knight-Jones TJ, Robinson L, Charleston B, Rodriguez LL, Gay CG, Sumption KJ, et al. Global Foot-and-Mouth Disease Research Update and Gap Analysis: 1 - Overview of Global Status and Research Needs. *Transbound Emerg Dis*. 2016; 63(Suppl 1):3-13. <https://doi.org/10.1111/tbed.12528>
8. Knight-Jones TJ, Robinson L, Charleston B, Rodriguez LL, Gay CG, Sumption KJ, et al. Global Foot-and-Mouth Disease Research Update and Gap Analysis: 4 - Diagnostics. *Transbound Emerg Dis*. 2016; 63(Suppl 1):42-48. <https://doi.org/10.1111/tbed.12523>
9. Knight-Jones TJ, Robinson L, Charleston B, Rodriguez LL, Gay CG, Sumption KJ, et al. Global Foot-and-Mouth Disease Research Update and Gap Analysis: 2 - Epidemiology, Wildlife and Economics. *Transbound Emerg Dis*. 2016; 63(Suppl 1):14-29. <https://doi.org/10.1111/tbed.12522>
10. PAHO. Informe de situación de los programas de erradicación de la fiebre aftosa en Sudamérica y Panamá, año 2018. Rio de Janeiro, Brazil: Pan American Health Organization; 2019.
11. Prempeh H, Smith R, Muller B. Foot and mouth disease: the human consequences. The health consequences are slight, the economic ones huge. *BMJ*. 2001; 322(7286):565-566. <https://doi.org/10.1136/bmj.322.7286.565>
12. Maclachlan NJ, Dubovi EJ. *Fenner's veterinary virology*: Academic press; London, UK; 2010.
13. Chan JF, To KK, Chen H, Yuen KY. Cross-species transmission and emergence of novel viruses from birds. *Current Opinion in Virology*. 2015; 10:63-69. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2015.01.006>
14. Parrish CR, Murcia PR, Holmes EC. Influenza virus reservoirs and intermediate hosts: dogs, horses, and new possibilities for influenza virus exposure of humans. *Journal of Virology*. 2015; 89(6):2990-2994. <https://doi.org/10.1128/JVI.03146-14>
15. Tong S, Li Y, Rivallier P, Conrardy C, Castillo DA, Chen LM, et al. A distinct lineage of influenza A virus from bats. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2012; 109(11):4269-4274. <https://doi.org/10.1073/pnas.1116200109>
16. Tong S, Zhu X, Li Y, Shi M, Zhang J, Bourgeois M, et al. New world bats harbor diverse influenza A viruses. *PLoS Pathog*. 2013; 9(10):e1003657. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1003657>
17. Wille M, Robertson GJ, Whitney H, Ojkic D, Lang AS. Reassortment of American and Eurasian genes in an influenza A virus isolated from a great black-backed gull (*Larus marinus*), a species demonstrated to move between these regions. *Arch Virol*. 2011; 156(1):107-115. <https://doi.org/10.1007/s00705-010-0839-1>

18. Alexander DJ. An overview of the epidemiology of avian influenza. *Vaccine*. 2007; 25(30):5637-5644. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2006.10.051>
19. Abdelwhab EM, Hafez HM. An overview of the epidemic of highly pathogenic H5N1 avian influenza virus in Egypt: epidemiology and control challenges. *Epidemiol Infect*. 2011; 139(5):647-657. <https://doi.org/10.1017/S0950268810003122>
20. Setiawaty V, Dharmayanti NL, Misriyah, Pawestri HA, Azhar M, Tallis G, et al. Avian Influenza A(H5N1) Virus Outbreak Investigation: Application of the FAO-OIE-WHO Four-way Linking Framework in Indonesia. *Zoonoses and public health*; 2014. <https://doi.org/10.1111/zph.12158>
21. WHO. Cumulative number of confirmed human cases for avian influenza A(H5N1) reported to WHO, 2003-2019. París: World Health Organization: WHO; 2019. https://www.who.int/influenza/human_animal_interface/H5N1_cumulative_table_archives/en/
22. Kilbourne ED. Influenza pandemics of the 20th century. *Emerg Infect Dis*. 2006; 12(1):9-14. <https://doi.org/10.3201/eid1201.051254>
23. de Jong MD, Hien TT. Avian influenza A (H5N1). *J Clin Virol*. 2006; 35(1):2-13. <https://doi.org/10.1016/j.jcv.2005.09.002>
24. Dawood FS, Iuliano AD, Reed C, Meltzer MI, Shay DK, Cheng PY, et al. Estimated global mortality associated with the first 12 months of 2009 pandemic influenza A H1N1 virus circulation: a modelling study. *Lancet Infect Dis*. 2012; 12(9):687-695. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(12\)70121-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(12)70121-4)
25. Williams GW, Anderson DP. The Latin American Livestock Industry: Growth and Challenges. *Choices*. 2020; 34(316-2020-617):1-11. <https://www.choicesmagazine.org/choices-magazine/submitted-articles/the-latin-american-livestock-industry-growth-and-challenges>
26. Marquez MA. Control and prevention of Avian Influenza, a Latin American perspective. *AviNews International Magazine*. 2020. <https://avicultura.info/en/control-and-prevention-of-avian-influenza-a-latin-american-perspective/>
27. Afanador-Villamizar A, Gomez-Romero C, Diaz A, Ruiz-Saenz J. Avian influenza in Latin America: A systematic review of serological and molecular studies from 2000-2015. *PLoS One*. 2017; 12(6):e0179573. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0179573>
28. Senne DA. Avian influenza in North and South America, 2002-2005. *Avian diseases*. 2007; 51(S1):167-173. <https://doi.org/10.1637/7621-042606R1.1>
29. Suarez DL, Senne DA, Banks J, Brown IH, Essen SC, Lee C-W, et al. Recombination resulting in virulence shift in avian influenza outbreak, Chile. *Emerg Infect Dis*. 2004; 10(4):693-699. <https://dx.doi.org/10.3201%2Fid1004.030396>
30. OIE. OIE Situation Report for Highly Pathogenic Avian Influenza: World Organisation for Animal Health; 2020. <https://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/update-on-avian-influenza/2020/>
31. Mishra A, Vijayakumar P, Raut AA. Emerging avian influenza infections: Current understanding of innate immune response and molecular pathogenesis. *Int Rev Immunol*. 2017; 36(2):89-107. <https://doi.org/10.1080/08830185.2017.1291640>
32. Wainwright S, Trevenec C, Claes F, Vargas-Terán M, Martin V, Lubrotha J. Highly pathogenic avian influenza in Mexico (H7N3). *Food and Agriculture Organization*; 2012. <http://www.fao.org/docrep/016/an395e/an395e.pdf>
33. Beldomenico PM, Uhart M. Ecoepidemiología de los virus de influenza aviar. *FAVE Sección Ciencias Veterinarias*. 2008; 7(1/2):23-40. <https://doi.org/10.14409/favecv.v7i1/2>
34. Pepin KM, Spackman E, Brown JD, Pabilonia KL, Garber LP, Weaver JT, Riley S. Using quantitative disease dynamics as a tool for guiding response to avian influenza in poultry in the United States of America. *Prev Vet Med*. 2014; 113(4):376-397. <https://dx.doi.org/10.1016%2Fj.pvetmed.2013.11.011>
35. Kleiboeker SB. Swine fever: classical swine fever and African swine fever. *Vet Clin North Am Food Anim Pract*. 2002; 18(3):431-451. [https://doi.org/10.1016/S0749-0720\(02\)00028-2](https://doi.org/10.1016/S0749-0720(02)00028-2)

36. Blome S, Staubach C, Henke J, Carlson J, Beer M. Classical Swine Fever-An Updated Review. *Viruses*. 2017; 9(4):86. <https://doi.org/10.3390/v9040086>
37. Vargas Teran M, Calcagno Ferrat N, Lubroth J. Situation of classical swine fever and the epidemiologic and ecologic aspects affecting its distribution in the American continent. *Ann N Y Acad Sci*. 2004; 1026:54-64. <https://doi.org/10.1196/annals.1307.007>
38. OIE. OIE Official disease status - Classical Swine Fever. World Organisation for Animal Health; 2020. <https://www.oie.int/en/animal-health-in-the-world/official-disease-status/>
39. Munoz-Gonzalez S, Perez-Simo M, Munoz M, Bohorquez JA, Rosell R, Summerfield A, et al. Efficacy of a live attenuated vaccine in classical swine fever virus postnatally persistently infected pigs. *Vet Res*. 2015; 46:78. <https://doi.org/10.1186/s13567-015-0209-9>
40. Martinez-Gutierrez M, Ruiz-Saenz J. Diversity of susceptible hosts in canine distemper virus infection: a systematic review and data synthesis. *BMC Vet Res*. 2016; 12:78. <https://doi.org/10.1186/s12917-016-0702-z>
41. Espinal MA, Diaz FJ, Ruiz-Saenz J. Phylogenetic evidence of a new canine distemper virus lineage among domestic dogs in Colombia, South America. *Vet Microbiol*. 2014; 172(1-2):168-176. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2014.05.019>
42. Duque-Valencia J, Diaz FJ, Ruiz-Saenz J. Phylogenomic Analysis of Two Co-Circulating Canine Distemper Virus Lineages in Colombia. *Pathogens*. 2020; 9(1):26. <https://doi.org/10.3390/pathogens9010026>
43. Duque-Garcia Y, Echeverri-Zuluaga M, Trejos-Suarez J, Ruiz-Saenz J. Prevalence and molecular epidemiology of Canine parvovirus 2 in diarrheic dogs in Colombia, South America: A possible new CPV-2a is emerging? *Vet Microbiol*. 2017;201:56-61. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2016.12.039>
44. Zhou P, Zeng W, Zhang X, Li S. The genetic evolution of canine parvovirus - A new perspective. *PLoS One*. 2017; 12(3):e0175035. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0175035>
45. Rendon-Marin S, da Fontoura Budaszewski R, Canal CW, Ruiz-Saenz J. Tropism and molecular pathogenesis of canine distemper virus. *Virol J*. 2019; 16(1):30. <https://doi.org/10.1186/s12985-019-1136-6>
46. Otsuki N, Nakatsu Y, Kubota T, Sekizuka T, Seki F, Sakai K, et al. The V protein of canine distemper virus is required for virus replication in human epithelial cells. *PLoS one*. 2013; 8(12):e82343. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0082343>
47. Quintero-Gil C, Rendon-Marin S, Martinez-Gutierrez M, Ruiz-Saenz J. Origin of Canine Distemper Virus: Consolidating Evidence to Understand Potential Zoonoses. *Front Microbiol*. 2019; 10:1982. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01982>
48. Day MJ, Horzinek MC, Schultz RD, Squires RA, Vaccination Guidelines Group of the World Small Animal Veterinary A. WSAVA Guidelines for the vaccination of dogs and cats. *J Small Anim Pract*. 2016; 57(1):E1-E45. https://doi.org/10.1111/jsap.2_12431
49. WHO. WHO Expert Consultation on Rabies: second report: World Health Organization; Geneva, Switzerland. 2013. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/85346>
50. WHO. WHO Expert Consultation on Rabies: Third report: World Health Organization; Geneva, Switzerland. 2018. <https://apps.who.int/iris/handle/10665/272364>
51. Páez A, Hernández C, Escobar H, Zapata JJ, Méndez J, Rey-Benito G. Evaluación de la seroconversión como respuesta a la vacunación antirrábica en perros en el departamento del Valle del Cauca, Colombia, 2009. *Biomédica: Revista del Instituto Nacional de Salud*. 2011; 31(4):474-484. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v31i4.395>
52. Del Rio Vilas VJ, Freire de Carvalho MJ, Vigilato MA, Rocha F, Vokaty A, Pompei JA, et al. Tribulations of the Last Mile: Sides from a Regional Program. *Front Vet Sci*. 2017; 4:4. <https://doi.org/10.3389/fvets.2017.00004>

53. Freire de Carvalho M, Vigilato MAN, Pompei JA, Rocha F, Vokaty A, Molina-Flores B, et al. Rabies in the Americas: 1998-2014. *PLoS Negl Trop Dis*. 2018; 12(3):e0006271. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006271>
54. Escobar LE, Peterson AT, Favi M, Yung V, Medina-Vogel G. Bat-borne rabies in Latin America. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo*. 2015; 57(1):63-72. <https://doi.org/10.1590/S0036-46652015000100009>
55. Streicker DG, Winternitz JC, Satterfield DA, Condori-Condori RE, Broos A, Tello C, et al. Host-pathogen evolutionary signatures reveal dynamics and future invasions of vampire bat rabies. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2016; 113(39):10926-109231. <https://doi.org/10.1073/pnas.1606587113>
56. Johnson N, Montano Hirose JA. The impact of paralytic bovine rabies transmitted by vampire bats in Latin America and the Caribbean. *Rev Sci Tech*. 2018; 37(2):451-459. <https://doi.org/10.20506/rst.37.2.2814>
57. Birhane MG, Cleaton JM, Monroe BP, Wadhwa A, Orciari LA, Yager P, et al. Rabies surveillance in the United States during 2015. *J Am Vet Med Assoc*. 2017; 250(10):1117-1130. <https://doi.org/10.2460/javma.250.10.1117>
58. Favoretto SR, de Mattos CC, de Mattos CA, Campos AC, Sacramento DR, Durigon EL. The emergence of wildlife species as a source of human rabies infection in Brazil. *Epidemiol Infect*. 2013; 141(7):1552-1561. <https://doi.org/10.1017/S0950268813000198>
59. Arechiga-Ceballos N, Aguilar-Setien A. Alphaviral equine encephalomyelitis (Eastern, Western and Venezuelan). *Rev Sci Tech*. 2015; 34(2):491-501. <https://doi.org/10.20506/rst.34.2.2374>
60. Dupuy LC, Richards MJ, Livingston BD, Hannaman D, Schmaljohn CS. A Multiagent Alphavirus DNA Vaccine Delivered by Intramuscular Electroporation Elicits Robust and Durable Virus-Specific Immune Responses in Mice and Rabbits and Completely Protects Mice against Lethal Venezuelan, Western, and Eastern Equine Encephalitis Virus Aerosol Challenges. *J Immunol Res*. 2018; 2018:8521060. <https://doi.org/10.1155/2018/8521060>
61. Aguilar PV, Adams AP, Suarez V, Beingolea L, Vargas J, Manock S, et al. Genetic characterization of Venezuelan equine encephalitis virus from Bolivia, Ecuador and Peru: identification of a new subtype ID lineage. *PLoS Negl Trop Dis*. 2009; 3(9):e514. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000514>
62. Ferro C, Boshell J, Moncayo AC, Gonzalez M, Ahumada ML, Kang W, et al. Natural enzootic vectors of Venezuelan equine encephalitis virus, Magdalena Valley, Colombia. *Emerg Infect Dis*. 2003; 9(1):49-54. <https://doi.org/10.3201/eid0901.020136>
63. Weaver SC, Ferro C, Barrera R, Boshell J, Navarro JC. Venezuelan equine encephalitis. *Annu Rev Entomol*. 2004; 49:141-174. <https://doi.org/10.1146/annurev.ento.49.061802.123422>
64. Navarro JC, Medina G, Vasquez C, Coffey LL, Wang E, Suarez A, et al. Postepizootic persistence of Venezuelan equine encephalitis virus, Venezuela. *Emerg Infect Dis*. 2005; 11(12):1907-1915. <https://doi.org/10.3201/eid1112.050533>
65. Ferro C, De las Salas J, González M, Díaz A, Cabrera C, Flórez Z, et al. Do some conditions contribute to the reemergence of the Venezuelan equine encephalitis virus in the Colombian Alta Guajira? *Biomédica*. 2015; 35(1):62-72. <http://doi.org/10.7705/biomedica.v35i1.2212>
66. Quiroz E, Aguilar PV, Cisneros J, Tesh RB, Weaver SC. Venezuelan equine encephalitis in Panama: fatal endemic disease and genetic diversity of etiologic viral strains. *PLoS Negl Trop Dis*. 2009; 3(6):e472. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0000472>