

Herramientas moleculares aplicadas al monitoreo del control y eliminación de la rabia: caso Etiopia

Laura Binkley, Andres Velasco-Villa

Etiopia ha sido uno de los países africanos más fuertemente golpeados por la rabia asociada a perros. Actualmente tiene una incidencia anual de 12 casos por cada 100.000 habitantes y una mortalidad de 1,6 individuos por cada 100.000 habitantes. No obstante, información sobre la presencia de focos rábicos directamente asociados a la diversidad del virus de la rabia asociada a perros, así como la y la posible existencia de ciclos de la enfermedad mantenidos por fauna terrestre silvestre es muy limitada. El trabajo aquí presentado comprendió el escrutinio de 366 muestras de animales domésticos (perros, gatos y ganado), animales silvestres (chacales, zorros y lobos) rabiosos, colectados a lo largo de todo el territorio etíope en el periodo 2010-2017. Se corroboró que todas las muestras fueran positiva a rabia por transcripción reversa acoplada a PCR tiempo real (LN34). Solamente las muestras que amplificaron a bajo número de ciclos de amplificación (menos de 25 ciclos), fueron consideradas para subsecuentes análisis. Se usó secuenciamiento nucleótido como herramienta para determinar la diversidad y distribución de focos de rabia asociados a perros y buscar ciclos de rabias asociados a animales silvestres. Un total de 230 secuencias, 187 para el gen parcial y 43 para el gen completo de la nucleoproteína se usaron para hacer árboles filogenéticos (árboles genealógicos), que también incluyeron secuencias de referencia del banco de genes de todo el continente africano para hacer una comparación robusta (GenBank). Se logró construir un catálogo de diferentes variantes genéticas del virus de la rabia principalmente asociados a perros. Alrededor de 8 grupos genéticos del virus de la rabia han estado circulando en perros en Etiopia en los últimos 30 años. Además, se logró detectar un grupo genético asociado a chacales de lomo rayado. Dicho hallazgo provee evidencia de la circulación del virus en un ciclo silvestre de rabia establecido en estos animales. Nuestros estudios filogenéticos sugieren que este virus provino de las enzootias de rabia que se originaron en perros, de donde el virus saltó a chacales y se logró establecer en estas poblaciones.

Esto demuestra las implicancias de la diseminación de poblaciones humanas junto con sus animales de trabajo (perros) a hábitats de animales silvestres y la consecuente diseminación de las enfermedades de animales domésticos a animales silvestres. Nuevos ciclos de rabia en animales silvestres con virus de la rabia originados en perros complican de forma significativa las acciones de control y eliminación del virus. Los nuevos desafíos requieren la implementación de medidas que mantengan a los animales domésticos confinados y vacunados con un control poblacional estricto a manera de evitar la amplificación del riesgo de diseminación o retorno de estos virus a poblaciones de perros domésticos. Por otro lado, también se requieren de acciones conjuntas que permitan controlar la enfermedad en animales silvestres, como la vacunación oral. Ello, no sólo para evitar el retorno de rabia a poblaciones de perros domésticos, sino también evitar su diseminación a especies en peligro de extinción como la del lobo etíope.

Asímismo, el inventario de la diversidad de virus de la rabia circulante en perros domésticos permitirá dar seguimiento a la efectividad de las estrategias de control y eliminación, complementando el seguimiento epidemiológico descriptivo que monitorea el número de casos de animales rabiosos y seres humanos afectados en el tiempo. Este tipo de inventarios o registros de la diversidad genética de los virus rabia en el tiempo y a lo largo de la geografía de un país o región, marcan una nueva era en indicadores para dar seguimiento a la efectividad y grado de avance en las campañas de control y eliminación global de rabia estrictamente asociadas a perros. Ello para alcanzar la meta de eliminación de la enfermedad transmitida por perros a humanos para el 2030.