



ISSN: 1697-090X

[Inicio Home](#)[Indice del volumen Volume index](#)[Comité Editorial Editorial Board](#)[Comité Científico Scientific Committee](#)[Normas para los autores Instruction to Authors](#)[Derechos de autor Copyright](#)[Contacto/Contact:](#)

### Letters to the Editor / Cartas al Editor

## "UNA SALUD": ESTADO EN NUESTRO MEDIO.

**Marta Hernández Pérez<sup>1</sup>, Iván Sanz Muñoz<sup>1</sup>, David Rodríguez-Lázaro<sup>2</sup>, José M Eiros<sup>1</sup>**

**<sup>1</sup>Facultad de Medicina y Centro Nacional de la Gripe de la OMS. Universidad de Valladolid.**

**<sup>2</sup>Area de Microbiología. Facultad de Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Burgos. España**

**Email: [marta.hernandez.perez@uva.es](mailto:marta.hernandez.perez@uva.es)**

[English version](#)

**Rev Electron Biomed / Electron J Biomed 2023;1:64-67.**

Sr. Editor:

El concepto "*One Health*" o "*Una Salud*", se asimila al valor que representan la salud y el bienestar humano y animal así como la optimización de los servicios ambientales. Se logra a través de la colaboración inter, multi y transdisciplinar entre profesionales e instituciones relacionadas con la Salud Pública, la Sanidad Animal, y otras disciplinas relacionadas, que va más allá de los resultados que podrían ser obtenidos de forma independiente por cada una de las partes que lo conforman<sup>1</sup>. Tal y como glosaban Capua y Cattoli<sup>2</sup> el término se acuñó inicialmente como "*One Medicine*" en 1890 por William Osler. En 1976 Calvin Schwabe, según señalan Zinsstag et al<sup>3</sup> retomó el concepto con el fin abordar las enfermedades infecciosas desde una aproximación holística.

Este ámbito de conocimiento evoluciona hacia "Una Salud Global", con la aparición de la gripe aviar desde el 2003 al 2005, cuando las aves silvestres propagaron el virus de la gripe A H5N1 de alta patogenicidad a las aves de corral en tres continentes, la hemaglutinina (HA) del mismo se diversificó en varios clados y los diferentes aislados se agruparon en distintos linajes genéticos en todo el Mundo<sup>4</sup>. Fueron sin duda eventos más recientes los que han contribuido a consolidar el término. En 2009 se produjo la pandemia por un nuevo virus de gripe A H1N1 cuyo genoma reunía segmentos de un cuádruple origen: dos linajes porcinos, uno aviar y uno humano<sup>5</sup>. A continuación, en 2012, el Mundo asistió a la aparición del Coronavirus del Síndrome Respiratorio de Oriente Medio (MERS-CoV) en Arabia Saudí a partir de camélidos<sup>6</sup> que ha originado varios miles de casos hasta el presente con una letalidad del 36%. Posteriormente durante el brote de

Ébola entre 2013 y 2016 en África Occidental se comunicaron casi treinta mil casos por este agente, con una letalidad cercana al 50%<sup>7</sup>. En diciembre de 2019 apareció la pandemia de SARS-CoV-2 de la que se han registrado según la Universidad "Johns Hopkins" 676.609.955 casos y 6.881.955 defunciones, reportados hasta el 10 de marzo de 2023, fecha en la que la prestigiosa Institución Norteamericana ha dejado de contabilizar datos al respecto<sup>8</sup>. En consonancia con esta trayectoria parece imperativo vigilar la evolución sobre todo de los virus en el entorno natural y en los animales en aras a minimizar la potencial emergencia de nuevos agentes patógenos<sup>9</sup>.

Un reflejo innegable de este vínculo hombre-animal-medio ambiente, es que el 60% de todos los patógenos humanos conocidos hasta el momento actual son zoonóticos, representando estos últimos la mayor parte de todos los agentes emergentes en nuestra especie<sup>10</sup>. Actualmente se incluyen como líneas prioritarias de actuación mundial, dentro de la estrategia One Health, la rabia, los virus de la gripe zoonóticos y la resistencia a los antimicrobianos, a las que se han añadido el SARS-CoV-2<sup>11</sup>.

En este sentido desde el área de Microbiología de la Universidad de Valladolid contribuimos al conocimiento de estas líneas a través del estudio del genoma microbiano en tres ámbitos. En primer lugar en la caracterización molecular de los virus gripales en uno de los 152 Centros Nacionales de la Gripe que la OMS reconoce en el planeta<sup>12</sup>. En segundo término mediante estudio genético del SARS-CoV-2 y de sus variantes<sup>13</sup> y otros virus respiratorios<sup>14</sup> a través de la coordinación de la secuenciación y vigilancia de su evolución en Castilla y León, de la que ya existía experiencia en plataformas internacionales<sup>15</sup> y en el presente como parte de la Red Nacional de Laboratorios dedicados a este campo del conocimiento. En tercera instancia acometemos la definición de diferentes mecanismos de resistencia bacteriana a antibióticos colaborando con otros grupos y organismos para investigar los genes de resistencia circulantes en humanos, animales y alimentos, efectuando aportaciones tanto metodológicas<sup>16,17</sup> como originales<sup>18-22</sup>.

Se han analizado hasta la fecha casi 50.000 genomas víricos, 10.000 genomas bacterianos y, en torno a 5.000 muestras para determinar microbiota. Del total de bacterias secuenciadas estudiamos el resistoma en 6.222 genomas de las que el 67,7% resultaron multiresistentes, siendo sobre todo las Enterobacterias, *Staphylococcus* y *Pseudomonas*, aquellas que más resistencias reflejan. Entre los antibióticos se documentó sobre todo resistencia a aminoglucósidos, beta-lactámicos y tetraciclinas, y en concreto los genes de resistencia más abundantes fueron frente a la estreptomina, doxiciclina, tetraciclina y eritromicina. Se han identificado los genes blaTEM, blaOXA, blaNDM y blaVIM, en el 17%, 14%, 7,5% y 7%, respectivamente, de los aislados secuenciados. Se ha identificado un número mayor de plásmidos que portan estos genes en las especies *Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae* y *Salmonella enterica*<sup>23</sup>.

*Parece oportuno consolidar las colaboraciones interdisciplinarias y unificar esfuerzos para mejorar los sistemas de vigilancia y caracterización de los agentes relevantes tanto en la práctica asistencial como en Salud Pública*<sup>24</sup>. Al tiempo resulta obligado mostrar reconocimiento y gratitud a los profesionales de la microbiología y de la medicina preventiva de la red de hospitales públicos del sistema sanitario de Castilla y León por su participación en la recogida de muestras y elaboración de datos epidemiológicos de los pacientes a los que prestamos cuidados.

## REFERENCIAS

- 1.- <https://www.woah.org/es/que-hacemos/iniciativas-mundiales/una-sola-salud/> [consultado el 18 de abril de 2024].
- 2.- Capua I, Cattoli G. One Health (r)Evolution: Learning from the Past to Build a New Future. *Viruses*. 2018;10(12):725.
- 3.- Zinsstag J, Schelling E, Waltner-Toews D, Tanner M. From "one medicine" to "one health" and systemic approaches to health and well-being. *Prev Vet Med*. 2011;101(3-4):148-156.
- 4.- World Health Organization WHO, World Organisation for Animal Health OIE, Food and Agriculture Organization FAO. H5N1 highly pathogenic avian influenza: Timeline of major events. Diciembre del 2014. [https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/avian-and-other-zoonotic-influenza/h5n1\\_avian\\_influenza\\_update20141204.pdf](https://cdn.who.int/media/docs/default-source/influenza/avian-and-other-zoonotic-influenza/h5n1_avian_influenza_update20141204.pdf) [consultado el 18 de abril de 2024].
- 5.- Wood JM. The 2009 influenza pandemic begins. *Influenza Other Respir Viruses*. 2009 Sep;3(5):197-198.
- 6.- Zaki AM, van Boheemen S, Bestebroer TM, Osterhaus AD, Fouchier RA. Isolation of a novel coronavirus from a man with pneumonia in Saudi Arabia. *N Engl J Med*. 2012;367(19):1814-1820.
- 7.- Jacob ST, Crozier I, Fischer WA 2nd, Hewlett A, Kraft CS, Vega MA, Soka MJ, Wahl V, Griffiths A, Bollinger L, Kuhn JH. Ebola virus disease. *Nat Rev Dis Primers*. 2020;6(1):13.
- 8.- <https://coronavirus.jhu.edu/map.html> [consultado el 21 de abril de 2024].
- 9.- Hu B, Guo H, Si H, Shi Z. Emergence of SARS and COVID-19 and preparedness for the next emerging disease X. *Front Med*. 2024 Apr 2.
- 10.- Becker DJ, Albery GF. Expanding host specificity and pathogen sharing beyond viruses. *Mol Ecol*. 2020;29(17):3170-3172.
- 11.- <https://www.woah.org/es/que-hacemos/iniciativas-mundiales/una-sola-salud/> [consultado el 23 de abril de 2024].
- 12.- <https://cngripevalladolid.es/sobre-nosotros-centro-nacional-de-gripe-de-valladolid/> [consultado el 23 de abril de 2024].
- 13.- Eiros JM, Hernández M. The evolution of SARS-CoV-2 variants and their clinical and healthcare implications. *Rev Clin Esp (Barc)*. 2022;222(7):414-416.
- 14.- Sanz-Muñoz I, Sánchez-de Prada L, Castrodeza-Sanz J, Eiros JM. Microbiological and epidemiological features of respiratory syncytial virus. *Rev Esp Quimioter*. 2024 Mar 21:sanz21mar2024.
- 15.- Hernández M, García Morán E, Abad D, Eiros JM. GISAID: iniciativa internacional para compartir datos genómicos del virus de la gripe y del SARS CoV-2. *Rev Esp Salud Pública* 2021;95: perspectivas15.

- 16.-Hernández M, Rodríguez Lázaro D, Eiros JM. Aplicación de la secuenciación masiva y la bioinformática al diagnóstico microbiológico clínico. *Rev Argentina de Microbiología* 2019 Nov 26. pii: S0325-7541(19)30081-30081.
- 17.- Quijada NM, Rodríguez Lázaro D, Eiros JM, Hernández M TORMES: an automated pipeline for whole bacterial genome analysis. *Bioinformatics* 2019; 35: 4207-4212.
- 18.- Rodríguez-Lázaro D, Oniciuc EA, González-García P, Gallego D, Fernández-Natal I, Domínguez-Gil M, Eiros Bouza JM, Wagner M, Nicolau AI, Hernández M. Detection and characterization of *S aureus* and Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in foods confiscated in EU borders. *Front Microbiol* 2017; 8: 1344.
- 19.- Hernández M, Quijada NM, López-Urrutia L, De Frutos M, Rodríguez Lázaro D, Eiros Bouza JM. Infrequent isolation of extensively drug-resistant (XDR) *Klebsiella pneumoniae* resistant. *Int J Antimicrob Agents* 2018
- 21.- Rodríguez-Lázaro D, Alonso-Calleja C, Oniciuc Ea, Capita R, Gallego D, González-Machado C, Wagner M, Barbu V, Eiros Bouza JM, Nicolau Ai, Hernández M. Characterization of Biofilms Formed by Foodborne Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*. *Front Microbiol.* 2018; 9: 3004.
- 20.- Hernández M, De Frutos M, Rodríguez-Lázaro D, López-Urrutia L, Quijada Nm, Eiros JM. Fecal Microbiota of Toxigenic *Clostridioides difficile*-Associated Diarrhea. *Front Microbiol* 2019; 9: 3331.
- 21.- Quijada NM, Hernández M, Oniciuc EA, Eiros JM, Fernández-Natal I, Wagner M, Rodríguez-Lázaro D. Oxacillin-susceptible *mecA*-positive *Staphylococcus aureus* associated with processed food in Europe. *Food Microbiol.* 2019; 82: 107-110.
- 22.-Hernández M, López-Urrutia L, Abad D, De Frutos Serna M, Ocampo-Sosa A, Eiros JM. First report of an extensively drug-resistant ST23 *Klebsiella pneumoniae* of capsular serotype K1 coproducing CTX-M-15, OXA-48 and ArmA in Spain. *Antibiotics* 2021; 10, 157.
- 23.- Eiros Bouza JM, González Zorn B, Oteo Revuelta JA, Hernández Pérez M. MESA 3. One Health: humana, animal y ambiental. Próximos retos. Congreso Sociedad Norte de Medicina Preventiva y Salud Pública. Valladolid, 25 de abril de 2024. <https://socinorte.com/programa/congreso-socinorte-8/>
- 24.- Eiros Bouza JM. El papel de la Microbiología Clínica en el marco de "Una Salud". *Anales de la Real Academia Medicina y Cirugía de Valladolid*, 2018; 55: 359-364.

**CORRESPONDENCE:**

Dra. Marta Hernández Pérez.

Área de Microbiología. Sexta Planta. Facultad de Medicina.

Avda Ramón y Cajal, 7. 47005 Valladolid.

email: [marta.hernandez.perez@uva.es](mailto:marta.hernandez.perez@uva.es)