

Hantavirus: zoonosis emergente en América^ϕ

Henry Puerta-Guardo^{1*}, Marco Antonio Torres-Castro²

Introducción

Los hantavirus son un grupo de virus zoonóticos distribuidos en distintas regiones del mundo y asociados principalmente a roedores silvestres (Milholland *et al.* 2018). Estos virus, cuyo ARN monocatenario pertenece a la familia *Hantaviridae*, son responsables de más de 200,000 infecciones humanas cada año al producir dos enfermedades febriles agudas: el síndrome cardiopulmonar por hantavirus (SCPH), principalmente en América, y la fiebre hemorrágica con síndrome renal (FHSR), en Europa y Asia (Kuhn y Schmaljohn 2023).

Con tasas de letalidad de hasta 40% para el SCPH y de 5–15% para la FHSR, los hantavirus representan una amenaza importante y emergente para la salud pública mundial, ya que la enfermedad carece de un tratamiento eficaz (Vial *et al.* 2023). Sin embargo, algunos fármacos candidatos han mostrado cierta eficacia que aumenta las tasas de supervivencia de humanos infectados en las primeras etapas (Brocato y Hooper 2019).

En las últimas décadas, estas infecciones virales han cobrado relevancia internacional por su letalidad, su expansión geográfica y la aparición de brotes derivados de actividades humanas y de cambios ambientales. Este artículo tiene como objetivo ofrecer una visión breve y actualizada sobre la emergencia de los hantavirus en América.

^ϕ ¹Laboratorio de Virología, Centro de Investigaciones Regionales “Dr. Hideyo Noguchi”, Universidad Autónoma de Yucatán. Mérida, Yucatán, México. ²Laboratorio de Zoonosis y otras Enfermedades Transmitidas por Vector, Centro de Investigaciones Regionales “Dr. Hideyo Noguchi”, Universidad Autónoma de Yucatán. Mérida, Yucatán, México, *henry.puerta@correo.uady.mx
DOI: <http://doi.org/10.56369/BAC.7057>



Origen, características y distribución geográfica

Los hantavirus están envueltos con una morfología esférica (diámetro de 80–210 nm) y material genético de ARN negativo, con tres segmentos (S, M y L, del inglés, *Small*, *Medium* y *Large*, respectivamente) de entre 10.5 y 14.6 kb. Codifican una nucleoproteína (N), un precursor de glicoproteína que se divide en dos glicoproteínas (Gn y Gc) y una proteína grande con un dominio de ARN polimerasa dependiente de ARN (RdRP) (Fig. 1A) (Vaheri *et al.* 2013a).

La familia *Hantaviridae* incluye ocho géneros: *Actinivirus* y *Percilovirus* (subfamilia *Actantavirinae*), *Agnathovirus* (subfamilia *Agantavirinae*), *Loanvirus*, *Mobatvirus*, *Orthohantavirus* y *Thottimvirus* (subfamilia *Mammantavirinae*) y *Reptillovirus* (subfamilia *Repantavirinae*) (Bradfute *et al.* 2024). Históricamente, el primer brote fue causado por *Orthohantavirus* (de aquí en adelante, referido como hantavirus) durante la guerra de Corea (1950-1953), en la que 3,000 miembros de las tropas de las Naciones Unidas enfermaron de fiebre hemorrágica coreana, comúnmente conocida como FHSR. Cuarenta años después (1993), un segundo brote ocurrió en la región de Cuatro Esquinas (*Four Corners*, Arizona, Colorado, New Mexico y Utah, en Estados Unidos), y se le denominó síndrome pulmonar por hantavirus (SPH) o SCPH (Hjelle *et al.* 1994). En 1964, en la India, se describió el primer hantavirus, el virus Thottapalayam (TPMV), aislado de la musaraña doméstica asiática (*Suncus murinus*) (Carey *et al.* 1971). En 1978, casi 25 años después del reconocimiento de la FHSR, el agente etiológico de esta enfermedad fue identificado cerca del río Hantaan, en Corea del Sur, y recibió el nombre de virus Hantaan (HTNV), cuyo reservorio era el ratón rayado de campo (*Apodemus agrarius*) (Lee *et al.* 1978).

Actualmente, el Comité Internacional de Taxonomía de Virus (*International Committee on Taxonomy of Viruses*) ha reconocido más de 50 agentes de hantavirus (Bradfute *et al.* 2024) (Fig. 1B). La distribución geográfica de los hantavirus, y sus enfermedades (FHSR y SCPH), suele estar restringida al área de distribución de los reservorios roedores, particularmente de las familias Cricetidae y Muridae, asociados respectivamente con las enfermedades del Nuevo Mundo y del Viejo Mundo (Fig. 1C y 1D) (Guo *et al.* 2013; Vaheri *et al.* 2013a). En ese sentido, las cepas patógenas del Viejo Mundo se asocian con la FHSR mientras que las del Nuevo Mundo se asocian con el SCPH. Esta generalización asigna la FHSR a Europa y Asia, y el SCPH a América (Vaheri *et al.* 2013a).

Entre los hantavirus del Viejo Mundo (Europa y Asia) se encuentran el prototípico HTNV, el virus Puumala (PUUV) y el virus Dobrava (DOBV), responsables de la FHSR y con una tasa de letalidad de hasta el 15%, según el virus causante (Lin *et al.* 2012). El virus Seúl (SEOV), causante de FHSR y transportado por la rata noruega (*Rattus norvegicus*), tiene una distribución muy amplia que coincide con el transporte mundial de este roedor reservorio (Vaheri *et al.* 2013b).

Los hantavirus del Nuevo Mundo incluyen el virus Andes (ANDV) y el virus Sin Nombre (SNV) en América, así como el virus Choclo (CHOV) en Centroamérica, los cuales causan el SPH, con una tasa de letalidad de hasta el 40% (Hjelle y Torres-Pérez 2010) (Fig. 1C y 1D). Las infecciones humanas por estos hantavirus suelen estar restringidas a la

distribución del roedor reservorio. Por ejemplo, la rata arrocera pigmea de cola larga (*Oligoryzomys longicaudatus*) es reservorio de ANDV en Argentina y Chile y el ratón venado (*Peromyscus maniculatus*) es reservorio de SNV en Estados Unidos y México (Hjelle y Torres-Pérez 2010). Hasta la fecha, el ANDV es el único hantavirus conocido con transmisión demostrada de persona a persona (Martinez *et al.* 2005).

“La distribución geográfica de los hantavirus, y sus enfermedades (FHSR y SCPH), suele estar restringida al área de distribución de los reservorios roedores, particularmente de las familias Cricetidae y Muridae, asociados respectivamente con las enfermedades del Nuevo Mundo y del Viejo Mundo.”

¿Qué animales hospedan y/o transmiten hantavirus?

En la naturaleza, los hantavirus se mantienen y/o se transmiten a través de pequeños roedores, de las familias Cricetidae y Muridae (Guo *et al.* 2013). No obstante, existe evidencia de que otras familias de roedores (Heteromyidae, Nesomyidae y Sciuridae) también podrían ser hospederos (Torres-Pérez *et al.* 2010; Arellano *et al.* 2012; Milholland *et al.* 2019).

Varios hantavirus descritos mantienen una relación específica con ciertas especies de roedores reservorio, sin que éstos se enfermen, lo que sugiere una “coevolución” de cada virus con su reservorio (Jonsson *et al.* 2010). Sin embargo, esta hipótesis de una coevolución ha sido revisada tras el descubrimiento de hantavirus en otros pequeños mamíferos fuera del orden Rodentia, como la familia Soricidae (musarañas) y Talpidae (topos), y también familias de murciélagos (Rhinolophidae, Nycteridae y Vespertilionidae) y peces (*Perca fluviatilis*, familia Percidae) (Song *et al.* 2007; Kang *et al.* 2011; Arai *et al.* 2013; Zhang *et al.* 2014; de Araujo *et al.* 2015; Hierweger *et al.* 2021) (Fig. 1D). Hasta el momento no se ha validado que estén involucrados en la transmisión hacia otros hospederos susceptibles, incluidos los humanos.

La historia evolutiva de los hantavirus en topes, musarañas y murciélagos es muy compleja, e incluye casos de transiciones interespecíficas y reasortamiento genómico, lo que les permite abarcar distribuciones geográficas muy amplias y posibilita diferencias regionales en la especificidad genética (Vaheri *et al.* 2013b; Milholland *et al.* 2018).

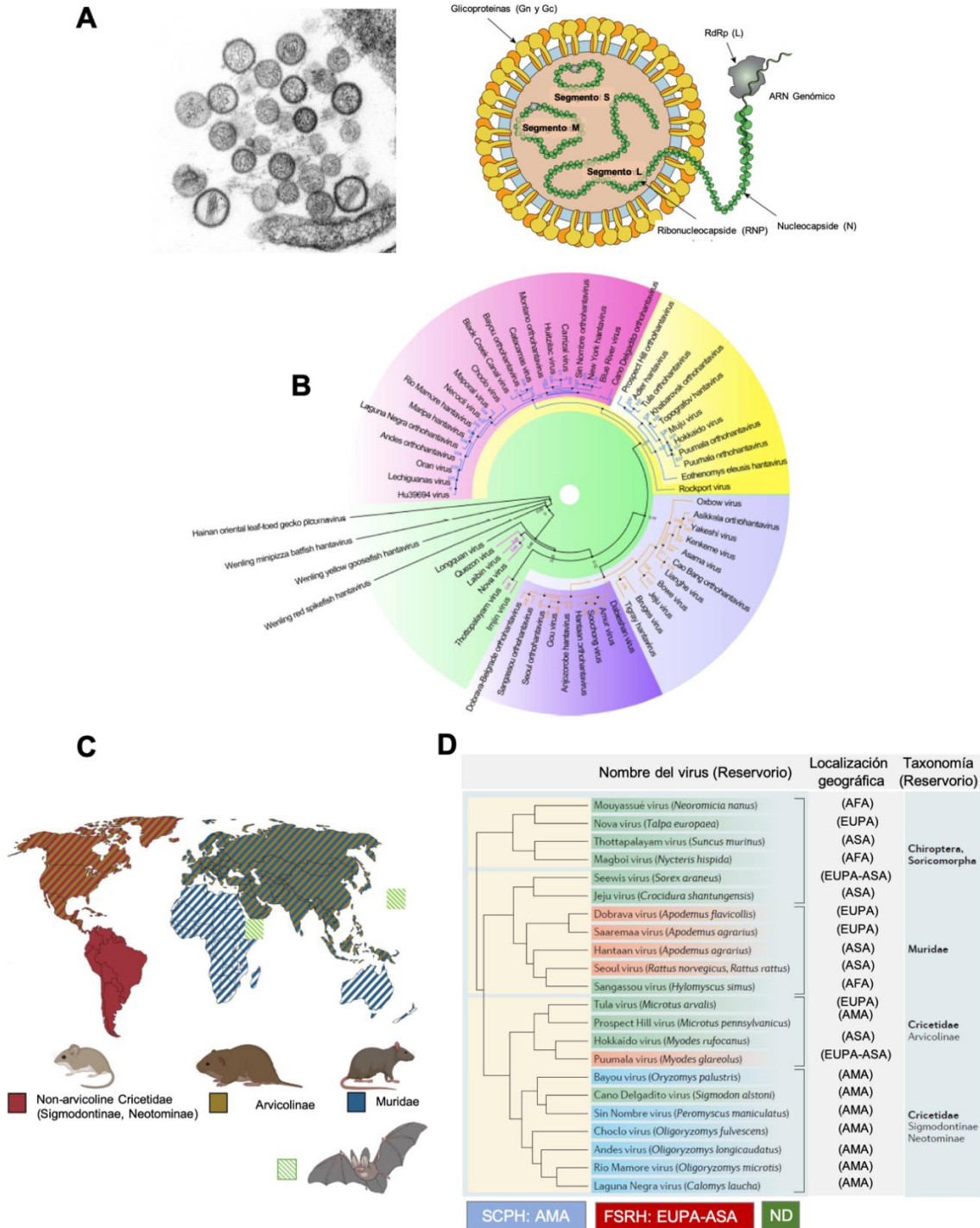


Figura 1. Características morfológicas y genómicas de los hantavirus, sus reservorios y su distribución mundial. **A)** Micrografía electrónica de cultivo infectado con SINV (izquierda, partículas esféricas), agente causante del SCPH. Magnificación 45,000X. (Fuente: Cynthia Goldsmith, División de Enfermedades Virales y Rickettsiales, Rama de Patología de Enfermedades Infecciosas, Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades. Imagen tomada de

<https://www.utmb.edu/virusimages/VI/sin-nombre-virus-%28hantavirus%29>). Representación de la organización estructural y genómica de un virión del género *Orthohantavirus* (familia *Hantaviridae*) (derecha). Imagen tomada de ViralZone (<https://viralzone.expasy.org/7079>). **B**) Árbol filogenético de hantavirus basado en las secuencias del segmento M. Árbol de máxima credibilidad de los clados de las secuencias completas de aminoácidos de la proteína codificada por el segmento M de los hantavirus. Los colores representan distintos clados (máxima verosimilitud). (Imagen tomada de Liu *et al.* 2020). **C**) Distribución geográfica y filogenia de los roedores arvicolininos (rayas amarillas), cricétidos (rayas rojas) y múridos (rayas azules) y de sus hantavirus asociados. Algunos hantavirus también han sido descritos en murciélagos (rayas verdes). (Imagen modificada de Mull *et al.* 2023). **D**) Filogenia de los hantavirus según su hospedero y la enfermedad que causan. La patogenicidad de hantavirus está asociada con la taxonomía de sus hospedadores reservorios, y los hantavirus podrían haber coevolucionado con sus hospedadores en Europa (EUPA), Asia (ASA), Eurasia (EUPA-ASA) y América (AMA). Hantavirus que no han demostrado causar enfermedad (ND: verde), virus causantes de la FHSR (rojo) y virus causantes de SCPH (azul). (Imagen modificada de Mull *et al.* 2023).

Los hantavirus del Viejo Mundo se encuentran en roedores múridos, específicamente en la subfamilia Muridae (ratas y ratones del Viejo Mundo), mientras que los hantavirus del Nuevo Mundo se encuentran en roedores cricétidos de las subfamilias Sigmodontinae y Neotominae (ratas y ratones del Nuevo Mundo). Sin embargo, tanto los hantavirus del Viejo Mundo como los del Nuevo Mundo también se encuentran en roedores cricétidos de la subfamilia Arvicolinae (topillos y leminos). En particular, los topillos de los géneros *Microtus* y *Clethrionomys* son hospedadores de *Orthohantavirus*, y ambos géneros se distribuyen por Eurasia y Norteamérica (Fig. 1D) (Vaheri *et al.* 2013a).

ISSN 2007 - 431 X

¿Cómo se transmiten los hantavirus hacia los humanos y qué enfermedades ocasionan?

Los humanos se infectan accidentalmente por la inhalación de aerosoles de secreciones o excretas (*e.g.*, orina, saliva, heces) procedentes de animales infectados (Milholland *et al.* 2018). Sin embargo, la transmisión interpersonal ha sido reportada específicamente con el ANDV en Argentina, Chile y Uruguay (Enría *et al.* 1996; Martínez *et al.* 2005). También, por transmisión por mordeduras o contacto directo con superficies contaminadas, especialmente por contacto estrecho y prolongado en espacios cerrados y poco ventilados (Avšič-Županc *et al.* 2019) (Fig. 2A). Los factores de riesgo para contraer infecciones por hantavirus incluyen el trabajo forestal, la agricultura, el campismo, el tabaquismo y la quema de leña para calefacción (Vaheri *et al.* 2013b; Tian y Stenseth 2019).

Los hantavirus causan enfermedades leves, graves y, en ocasiones, mortales, clínicamente conocidas como FHSR (en Asia y Europa) y SCPH (predominante en América), caracterizadas por insuficiencia respiratoria aguda y shock cardiovascular (Fig. 2B) (Jonsson *et al.* 2010; Vaheri *et al.* 2013b; Milholland *et al.* 2018; Koehler *et al.* 2022; Vial *et al.* 2023). Ambas son infecciones agudas que afectan los sistemas renal, cardíaco, pulmonar, nervioso

central y hormonal (Vial *et al.* 2023) y presentan complicaciones significativas y consecuencias a largo plazo. Sin embargo, hasta el momento no se han reportado enfermedades crónicas por hantavirus (Jonsson *et al.* 2010; Vaheri *et al.* 2013a).

El período de incubación puede variar entre una y seis semanas. La enfermedad comienza de forma abrupta con fiebre alta, escalofríos, cefalea, dolor lumbar y abdominal, náuseas y vómitos, y, a veces, somnolencia y visión borrosa. La fase febril suele durar de 3 a 7 días, al final de la cual aparecen hemorragias conjuntivales y petequias finas, inicialmente en el paladar. Tras la infección, la carga viral comienza a alcanzar su pico y, con la aparición de los primeros síntomas clínicos, aumentan los niveles de anticuerpos (*e.g.*, IgM e IgG). La fase hipotensiva puede durar desde varias horas hasta dos días.

En los casos graves, la hipotensión e incluso el choque pueden desarrollarse rápidamente, y un tercio de las muertes se asocian con choque fulminante irreversible en esta etapa. La trombocitopenia y la leucocitosis son características de esta fase y, cuando se presenta enfermedad hemorrágica grave, su inicio ocurre en este período. Las manifestaciones hemorrágicas pueden incluir petequias en la piel y las mucosas, equimosis, sufusión conjuntival, hematemesis, epistaxis, hematuria, melena y hemorragias intracraneales fatales. Los hallazgos de laboratorio característicos asociados al desarrollo de la FHSR incluyen trombocitopenia, oliguria y aumento de los niveles séricos de creatinina (Avšič-Županc *et al.* 2019; Chen *et al.* 2023; Vial *et al.* 2023).

Para el SCPH, la enfermedad aguda grave se asocia con un inicio rápido de insuficiencia respiratoria por edema pulmonar y de choque cardiogénico. La mialgia, la tos y la diarrea se presentan con mayor frecuencia en el SCPH (Fig. 2A) (Vaheri *et al.* 2013b; Avšič-Županc *et al.* 2019; Vial *et al.* 2023). Reportes recientes en el noroeste de los Estados Unidos sugieren que los síntomas neurológicos están asociados con infecciones por hantavirus (Anderson *et al.* 2017). En contraste, la FHSR afecta principalmente a los riñones, con insuficiencia renal acompañada de oliguria, poliuria y proteinuria, que con frecuencia requiere diálisis (Avšič-Županc *et al.* 2019; Chen *et al.* 2023; Vial *et al.* 2023) (Fig. 2A).

Las tasas de letalidad también difieren entre la FHSR y el SCPH, oscilando entre <15% y <50%, respectivamente, según el virus causante (Koehler *et al.* 2022). La mayoría de los hantavirus de roedores arvicolidos (familia Cricetidae) no se conocen por causar enfermedad en humanos, con la excepción del PUUV y el virus Tula (TULV), que son transmitidos por el topillo rojo (*Clethrionomys glareolus*) y el topillo común (*Microtus arvalis*), respectivamente. La enfermedad causada por PUUV, la nefropatía epidémica, se considera una forma leve de FHSR, con síntomas similares pero con una mortalidad <0.1% (Vaheri *et al.* 2013b; Chen *et al.* 2023; Vial *et al.* 2023).

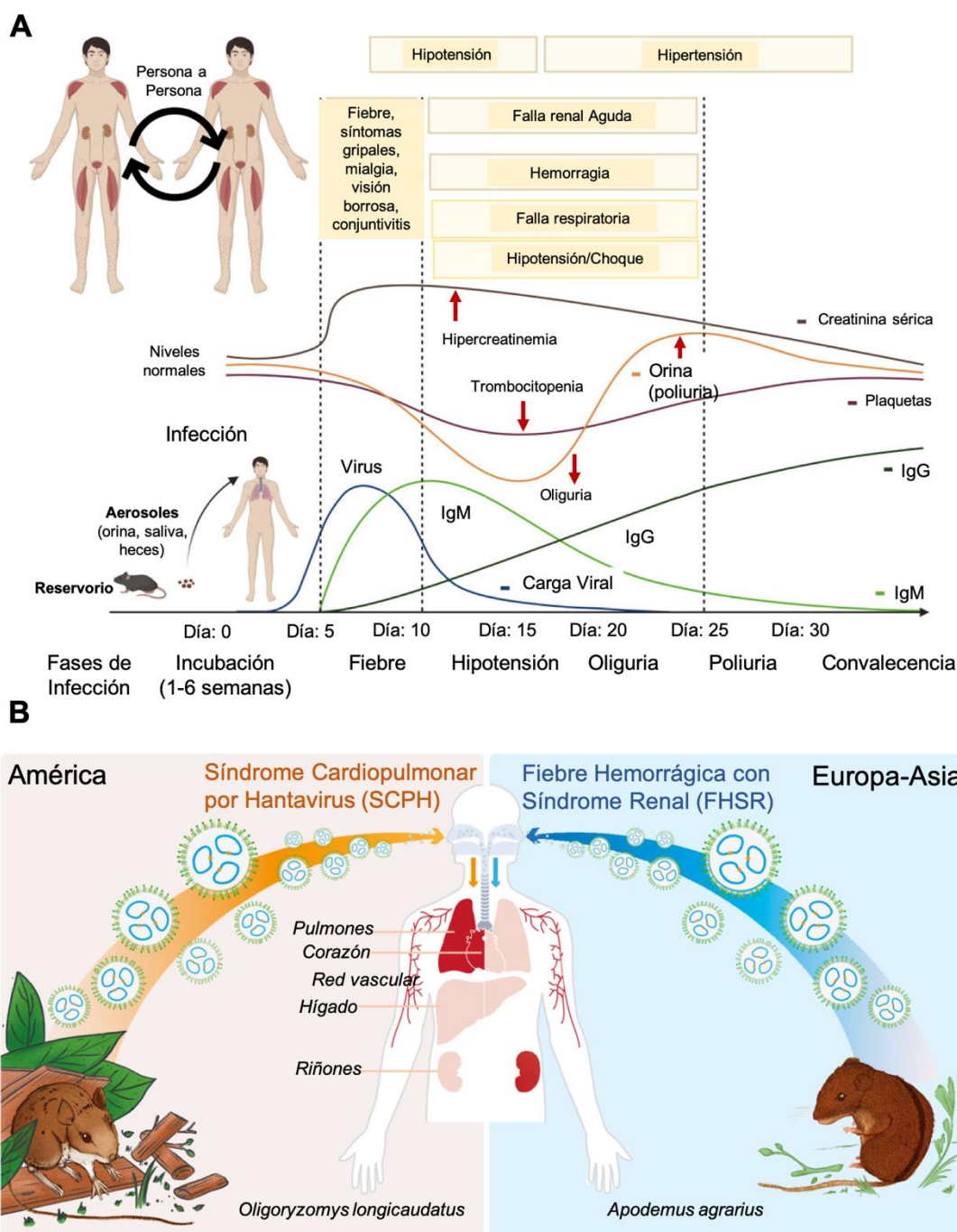


Figura 2. Transmisión, infección y enfermedades causadas por hantavirus. **A)** Historia natural de la infección y curso clínico en humanos. La vía de transmisión es la inhalación de aerosoles de excretas de roedores (*e.g.*, orina, heces). **B)** Órganos principales afectados en las infecciones en humanos y vías de transmisión de los hantavirus por sus reservorios: roedores cricétidos (líneas naranja) y múridos (líneas azules). Los principales órganos afectados en el SCPHE son el corazón y los pulmones (izquierda); los principales órganos afectados en la FHSR/nefropatía epidémica (NE) son los riñones (derecha).

“Los hantavirus causan enfermedades leves, graves y, en ocasiones, mortales, clínicamente conocidas como FHSR (en Asia y Europa) y SCPH (predominante en América), caracterizadas por insuficiencia respiratoria aguda y shock cardiovascular.”

¿Cómo se diagnostican, previenen y controlan las infecciones?

El diagnóstico se basa en hallazgos clínicos, en la epidemiología local y en los métodos de laboratorio (Vial *et al.* 2023). Los anticuerpos inmunoglobulina M (IgM) e inmunoglobulina G (IgG) específicos contra hantavirus están en los pacientes desde el inicio de los síntomas. A diferencia de los IgG, que persisten de por vida, los títulos de IgM son detectables en la fase aguda de la infección y disminuyen entre dos y seis meses (Fig. 2A). Por lo tanto, una prueba de captura de IgM se combina con una prueba de IgG para detectar la infección aguda. El ensayo ELISA se utiliza en la mayoría de las pruebas serológicas comerciales disponibles y emplea antígenos de proteínas recombinantes (*e.g.*, nucleoproteína) obtenidos de DOBV, HTNV, PUUV, SEOV, SNV y ANDV (Yoshimatsu y Arikawa 2014). La sensibilidad y la especificidad del diagnóstico serológico basado en ELISA son de aproximadamente 95% (Koehler *et al.* 2022).

El material genómico de los hantavirus puede detectarse con métodos diagnósticos como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés), tanto en la variante tradicional como en la de tiempo real, en muestras de sangre, saliva, líquidos de lavado broncoalveolar y tejidos. La cantidad de virus (carga viral) detectada en muestras de sangre al inicio de la infección puede ser indicativa de la gravedad de la enfermedad tanto en la FHSR como en el SCPH. Sin embargo, la fase virémica, en la que el virus está presente en la sangre de las personas infectadas, se limita a la etapa muy temprana de la infección (<15 días desde el inicio de los síntomas) (Fig. 2A) (Ahn *et al.* 2000; Vial *et al.* 2016; Koehler *et al.* 2022).

Actualmente, no existe una terapia farmacológica aprobada para tratar las infecciones por hantavirus. Sin embargo, se han aplicado varias estrategias terapéuticas para el manejo clínico de la FHSR y el SCPH, dirigidas a interrumpir el ciclo de vida viral, a los factores inmunológicos del hospedador (*e.g.*, citocinas proinflamatorias) o a los síntomas clínicos del paciente (terapia de soporte) (Afzal *et al.* 2023; Qamar *et al.* 2024). Las medidas preventivas contra la infección por hantavirus, especialmente el desarrollo de vacunas, son esenciales ante posibles pandemias futuras. Aunque se han desarrollado varias vacunas, todavía no existe ninguna autorizada contra estas infecciones virales. A pesar de que las vacunas con virus

inactivados se han utilizado en China y Corea, ninguna ha sido aprobada en Estados Unidos ni en Europa (Liu *et al.* 2020; Koehler *et al.* 2022).

¿Cuál es la situación actual en América?

En América, los hantavirus llamaron la atención de las autoridades de salud pública en 1993 durante el brote en la región de Cuatro Esquinas, Estados Unidos, donde se identificó el primer hantavirus conocido como el SINV (Hjelle *et al.* 1994). Desde entonces, se han identificado más de 40 hantavirus en Norteamérica y Sudamérica, y alrededor del 50% se ha descrito que pueden ocasionar enfermedad en humanos (Hjelle y Torres-Pérez 2010).

Históricamente, los casos de SCPH han ocurrido en áreas rurales y selváticas de Argentina, Chile, Brasil, Paraguay, Bolivia, Panamá, Estados Unidos y Canadá (Puerta *et al.* 2006; Montoya-Ruiz *et al.* 2014; D'Souza y Patel 2020; Warner *et al.* 2020) (Fig. 3A). Los brotes suelen relacionarse con factores ecológicos y climáticos que aumentan la población de roedores reservorios, como lluvias intensas, eventos de El Niño, la expansión agrícola, la deforestación y la urbanización de zonas silvestres (Milholland *et al.* 2019).

En 2025, según las autoridades de salud pública en América (PAHO 2025), 229 casos de hantavirus y 59 muertes se registraron en ocho países: Argentina (66 casos, 21 muertes, tasa de letalidad del 32%), Brasil (20 casos, 11 muertes, tasa de letalidad del 55%), Bolivia (48 casos, 11 muertes, tasa de letalidad del 22.9%), Chile (35 casos, 7 muertes, tasa de letalidad del 20%), Panamá (18 casos, no muertes), Paraguay (27 casos, 6 muertes, tasa de letalidad del 22.2%), Estados Unidos (7 casos, 2 muertes, tasa de letalidad del 28.5%) y Uruguay (8 casos, 2 muertes, tasa de letalidad del 25%), lo cual representa una tasa de letalidad general cercana al 26%. Según la Organización Panamericana de la Salud, Bolivia y Paraguay reportaron aumentos significativos en la incidencia, asociados a un brote relacionado con la exposición ocupacional, que alcanzó cifras que duplican o incluso superan las reportadas en años recientes. Por su parte, en Argentina y Brasil se observó un aumento de la letalidad (PAHO 2025).

En México, no se han registrado casos de infección por hantavirus en humanos. No obstante, evidencia serológica (anticuerpos) de la circulación de hantavirus ha sido identificada en humanos ($\approx 1.5\%$) (Flores-León y Morales-Jiménez 2001) y en roedores silvestres del norte y del centro de México ($\approx 10\%$) (Vado-Solís *et al.* 2003; Castro-Arellano *et al.* 2012; Viguera-Galván *et al.* 2019). La presencia de reservorios naturales y la evidencia serológica de hantavirus en estos reservorios indican que México mantiene condiciones ecológicas compatibles con la circulación de los hantavirus (Chu *et al.* 2008; Ceballos-González y Arroyo-Cabrales 2012) (Fig. 3B).

Actualmente, siete genotipos de hantavirus han sido identificados en 12 especies de roedores en México, incluyendo el virus Montano (MTNV), el virus Huitzilac (HUIV), el virus Carrizal (CARV), el virus Playa de Oro (OROV) y el virus Limestone Canyon (LSCV, no asociado con enfermedad) y dos hantavirus zoonóticos: el SNV y el virus Moro Canyon

(ELMC). Por ello, la vigilancia epidemiológica activa, el diagnóstico oportuno y las medidas de prevención ambiental siguen siendo fundamentales para reducir los riesgos futuros.

“En México, no se han registrado casos de infección por hantavirus en humanos. No obstante, evidencia serológica (anticuerpos) de la circulación de hantavirus ha sido identificada en humanos ($\approx 1.5\%$) y en roedores silvestres del norte y del centro de México ($\approx 10\%$).”

¿Qué ocurrió en el crucero MV Hondius y la transmisión interpersonal del hantavirus Andes (ANDV)?

En Argentina, el ANDV representa la variante más relevante de todos los hantavirus registrados en América debido a su alta patogenicidad y, sobre todo, a su capacidad de transmisión de persona a persona (Fig. 2A). El reservorio principal es el ratón colilargo (*Oligoryzomys longicaudatus*), ampliamente distribuido en regiones patagónicas y boscosas (Martínez *et al.* 2005; Hjelle y Torres-Pérez 2010; Alonso *et al.* 2020; D'Souza y Patel 2020). El 2 de mayo de 2026, la Organización Mundial de la Salud (OMS) reportó un conglomerado de pasajeros con enfermedad respiratoria grave compatible con infección por hantavirus a bordo del crucero MV Hondius, que partió de Ushuaia, Argentina, el primero de abril de 2026. Este reporte generó preocupación internacional por la posibilidad de transmisión persona a persona. El crucero contaba con 147 pasajeros (88 pasajeros y 59 tripulantes) procedentes de 23 países. Desde la última publicación de *Disease Outbreak News* del 4 de mayo, se han confirmado tres casos sospechosos y se ha notificado un caso confirmado adicional (Islam *et al.* 2026; WHO 2026).

Las investigaciones epidemiológicas sugieren que el caso inicial de contagio habría adquirido el virus en Argentina por exposición ambiental a roedores infectados. Posteriormente, durante la travesía marítima, se habrían contagiado entre los pasajeros por el contacto en espacios cerrados. Hasta el 8 de mayo se registraron ocho casos y tres fallecimientos (tasa de letalidad del 38%). Seis casos fueron confirmados por ANDV en el laboratorio. Estudios genómicos recientes en laboratorios internacionales demostraron que varios pacientes presentaron secuencias virales prácticamente idénticas, lo que fortalece la hipótesis de transmisión interpersonal del ANDV (Swiss National Reference Center for Emerging Viral Infections 2026).

El suceso a bordo del MV Hondius en Argentina recordó el brote en Epuýén, en la Patagonia argentina, entre 2018 y 2019, donde se documentó la transmisión interpersonal

tras un evento social masivo. En aquel brote se registraron decenas de casos y múltiples muertes antes de que las medidas de aislamiento y cuarentena logaran controlar la propagación (Martinez *et al.* 2020). A continuación, se presenta un resumen de los casos confirmados y probables del brote de hantavirus en el crucero MV Hondius, según la OMS (WHO 2026):

- Caso 1: Hombre adulto embarcado el 1 de abril, tras más de tres meses de viaje por Argentina, Chile y Uruguay, que presentó síntomas el 6 de abril y falleció a bordo el 11 de abril. No se realizaron pruebas microbiológicas. Se considera un caso probable.
- Caso 2: Mujer adulta, contacto cercano del caso 1, quien viajó y embarcó junto con él. Desembarcó en Santa Elena el 24 de abril con síntomas gastrointestinales. Posteriormente, presentó un deterioro durante un vuelo a Johannesburgo, Sudáfrica, el 25 de abril, y falleció el 26 de abril en una clínica. El 4 de mayo, la infección por hantavirus fue confirmada mediante PCR.
- Caso 3: Hombre adulto con síntomas el 24 de abril, que fue desembarcado y evacuado médicamente desde la Isla Ascensión el 27 de abril, y actualmente permanece hospitalizado en una Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) en Johannesburgo, Sudáfrica. La infección por hantavirus fue confirmada por PCR el 2 de mayo, y el ANDV fue identificado mediante secuenciación genética.
- Caso 4: Mujer adulta con síntomas (fiebre y malestar general) el 28 de abril; posteriormente, presentó neumonía y falleció el 2 de mayo. Se recolectó una muestra *post mortem* y se envió a los Países Bajos junto con los pacientes evacuados, donde se confirmó la presencia de ANDV.
- Caso 5: Hombre adulto y médico del barco. Reportó inicio de síntomas (fiebre, fatiga, dolor muscular y síntomas respiratorios leves) el 30 de abril. Sus muestras confirmaron la positividad por PCR para el ANDV el 6 de mayo. El paciente fue evacuado médicamente a los Países Bajos el 6 de mayo y actualmente se encuentra estable en aislamiento.
- Caso 6: Hombre adulto y guía del barco. El inicio de los síntomas fue el 27 de abril, con manifestaciones respiratorias y gastrointestinales leves. Las muestras de laboratorio confirmaron la positividad por PCR para el ANDV el 6 de mayo. Fue evacuado médicamente a los Países Bajos el 7 de mayo y actualmente permanece estable en aislamiento.
- Caso 7: Hombre adulto que desembarcó en Santa Elena el 22 de abril y regresó a Suiza en avión entre el 27 y el 28 de abril, tras pasar por Sudáfrica y Catar. Presentó síntomas el 1 de mayo, tras llegar a Suiza, donde se autoaisló de inmediato y notificó a las autoridades locales de salud pública. Actualmente se encuentra hospitalizado y en aislamiento en Suiza. Sus muestras confirmaron la positividad por PCR para el ANDV el 5 de mayo.
- Caso 8: Hombre adulto desembarcó en Tristan da Cunha el 14 de abril. El inicio de los síntomas fue el 28 de abril, con diarrea y, dos días después, fiebre. Actualmente se

encuentra estable y en aislamiento. Por el momento, se considera un caso probable hasta contar con confirmación de laboratorio.

- Un caso previamente reportado como “sospechoso” ha sido reclasificado como “no caso” tras resultar negativo para el ANDV mediante PCR y serología. No obstante, el monitoreo continúa hasta el final de su período de incubación a partir de la última exposición.

Conclusión

Los hantavirus son una zoonosis emergente de gran relevancia sanitaria y ecológica en América. El SCPH es una enfermedad grave, de elevada mortalidad y estrecha relación con factores ambientales, cambios ecológicos y la interacción entre humanos y reservorios silvestres. El brote asociado al crucero MV Hondius reavivó el interés científico en la capacidad del ANDV para transmitirse de persona a persona, un fenómeno poco frecuente pero epidemiológicamente relevante. Aunque la transmisión interpersonal parece limitada, y está asociada a contactos estrechos y prolongados. Este episodio evidencia la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica, la detección temprana y la cooperación internacional frente a las enfermedades emergentes. La OMS señaló que, si bien el riesgo global de infección por hantavirus para la población continúa siendo bajo, la situación requiere vigilancia constante debido al prolongado período de incubación y al posible surgimiento de casos secundarios. En México, no se han confirmado casos humanos; sin embargo, estudios han demostrado la circulación de estos virus en roedores silvestres del norte y del centro del país. La presencia de reservorios naturales y de condiciones ecológicas favorables sugiere un riesgo potencial de una emergencia futura.

Referencias

- Ahn C, Cho JT, Lee JG, Lim CS, Kim YY, Han JS, Kim S y Lee JS. 2000. Detection of Hantaan and Seoul viruses by reverse transcriptase-polymerase chain reaction (RT-PCR) and restriction fragment length polymorphism (RFLP) in renal syndrome patients with hemorrhagic fever. *Clinical Nephrology* 53(2):79-89.
- Afzal S, Ali L, Batool A, Afzal M, Kanwal N, Hassan M, Safdar M, Ahmad A y Yang J. 2023. Hantavirus: an overview and advancements in therapeutic approaches for infection. *Frontiers in Microbiology* 14:1233433.
- Alonso DO, Perez-Sautu U, Bellomo CM, Prieto K, Iglesias A *et al.* 2020. Person-to-person transmission of Andes virus in hantavirus pulmonary syndrome, Argentina, 2014. *Emerging Infectious Diseases* 26(4):756-759.
- Anderson D, Beecher G, Power C, Bridgland L y Zochodne DW. 2017. A neuropathic pain syndrome associated with hantavirus infection. *Journal of NeuroVirology* 23:919-921.
- Arai S, Nguyen ST, Boldgiv B, Fukui D, Araki K *et al.* 2013. Novel bat-borne hantavirus, Vietnam. *Emerging Infectious Diseases* 19(7):1159-1161.

- Arellano E, Castro-Arellano I, Suzán G, González-Cózatl FX y Morales-Jiménez R. 2012. Antibody seroprevalence to Hantaviruses in rodents from Reserva de la Biosfera Sierra de Huautla, Morelos. *Western North American Naturalist* 72(1):105-109.
- Avšič-Županc T, Saksida A y Korva M. 2019. Hantavirus infections. *Clinical Microbiology and Infection* 21S:e6-e16.
- Bradfute SB, Calisher CH, Klempa B, Klingström J, Kuhn JH, Laenen L, Tischler ND y Maes P. 2024. ICTV Virus taxonomy profile: *Hantaviridae* 2024. *Journal of General Virology* 105(4):001975.
- Brocato RL y Hooper JW. 2019. Progress on the prevention and treatment of hantavirus Disease. *Viruses* 11(7):610.
- Carey DE, Reuben R, Panicker KN, Shope RE y Myers RM. 1971. Thottapalayam virus: A presumptive arbovirus isolated from a shrew in India. *Indian Journal of Medical Research* 59(11):1758-1760.
- Castro-Arellano I, Suzán G, León RF, Jiménez RM y Lacher TE Jr. 2009. Survey for antibody to hantaviruses in Tamaulipas, Mexico. *Journal of Wildlife Diseases* 45(1):207-212.
- Ceballos-González GJ y Arroyo-Cabrales J. 2012. Lista actualizada de los mamíferos de México 2012. *Revista Mexicana de Mastozoología (Nueva Época)* 2(1):27-80.
- Chen RX, Gong HY, Wang X, Sun MH, Ji YF, Tan SM, Chen JM, Shao JW y Liao M. 2023. Zoonotic *Hantaviridae* with global public health significance. *Viruses* 15(8):1705.
- Chu YK, Owen RD, Sánchez-Hernández C, Romero-Almaraz MD y Jonsson CB. 2008. Genetic characterization and phylogeny of a hantavirus from Western Mexico. *Virus Research* 131(2):180-188.
- de Araujo J, Thomazelli LM, Henriques DA, Lautenschlager D, Ometto T, Dutra LM, Aires CC, Favorito S y Durigon EL. 2015. Detection of hantavirus in bats from remaining rain forest in São Paulo, Brazil. *BMC Research Notes* 5:690.
- D'Souza MH y Patel TR. 2020. Biodefense implications of new-world hantaviruses. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* 8:925.
- Enría D, Padula P, Segura EL, Pini N, Edelstein A, Posse CR y Weissenbacher MC. 1996. Hantavirus pulmonary syndrome in Argentina. Possibility of person to person transmission. *Revista Medicina (Buenos Aires)* 56:709-711.
- Flores-León R y Morales-Jiménez R. 2001. Situación de los hantavirus en México. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología*. 21:575.
- Guo WP, Lin XD, Wang W, Tian JH, Cong ML *et al.* 2013. Phylogeny and origins of hantaviruses harbored by bats, insectivores, and rodents. *PLoS Pathogens* 9(2):e1003159.
- Hierweger MM, Koch MC, Rupp M, Maes P, Di Paola N, Bruggmann R, Kuhn JH, Schmidt-Posthaus H y Seuberlich T. 2021. Novel filoviruses, hantavirus, and rhabdovirus in freshwater fish, Switzerland, 2017. *Emerging Infectious Diseases* 27(12):3082-3091.
- Hjelle B, Jenison S, Mertz G, Koster F y Foucar K. 1994. Emergence of hantaviral disease in the southwestern United States. *Western Journal of Medicine* 161(5):467-473.
- Hjelle B y Torres-Pérez F. 2010. Hantaviruses in the Americas and their role as emerging pathogens. *Viruses* 2(12):2559-2586.
- Islam MS, Chughtai AA, Wood JG, Sawleshwarkar S, Muscatello DJ y Seale H. 2026. Hantavirus outbreak on a cruise ship in the South Atlantic. *The Lancet* 407(10545):2286-2287.
- Jonsson CB, Figueiredo LT y Vapalahti O. 2010. A global perspective on hantavirus ecology, epidemiology, and disease. *Clinical Microbiology Reviews* 23(2):412-441.

- Kang HJ, Bennett SN, Hope AG, Cook JA y Yanagihara R. 2011. Shared ancestry between a newfound mole-borne hantavirus and hantaviruses harbored by cricetid rodents. *Journal of Virology* 85(15):7496-7503.
- Koehler FC, Di Cristanziano V, Späth MR, Hoyer-Allo KJR, Wanken M, Müller RU y Burst V. 2022. The kidney in hantavirus infection-epidemiology, virology, pathophysiology, clinical presentation, diagnosis and management. *Clinical Kidney Journal* 15(7):1231-1252.
- Kuhn JH y Schmaljohn CS. 2023. A brief history of bunyaviral family Hantaviridae. *Diseases* 11(1):38.
- Lee HW, Lee PW y Johnson KM. 1978. Isolation of the etiologic agent of Korean hemorrhagic fever. *The Journal of Infectious Diseases* 137(3):298-308.
- Lin XD, Guo WP, Wang W, Zou Y, Hao ZY *et al.* 2012. Migration of Norway rats resulted in the worldwide distribution of Seoul hantavirus today. *Journal of Virology* 86(2):972-981.
- Liu R, Ma H, Shu J, Zhang Q, Han M, Liu Z, Jin X, Zhang F y Wu X. 2020. Vaccines and therapeutics against hantaviruses. *Frontiers in Microbiology* 10:2989.
- Martínez VP, Bellomo C, San Juan J, Pinna D, Forlenza R, Elder M y Padula PJ. 2005. Person-to-person transmission of Andes virus. *Emerging Infectious Diseases* 11(12):1848-1853.
- Martínez VP, Di Paola N, Alonso DO, Pérez-Sautu U, Bellomo CM *et al.* 2020. "Super-spreaders" and person-to-person transmission of Andes virus in Argentina. *The New England Journal of Medicine* 383(23):2230-2241.
- Milholland MT, Castro-Arellano I, Suzán G, García-Peña GE, Lee TE Jr, Rohde RE, Alonso Aguirre A y Mills JN. 2018. Global diversity and distribution of hantaviruses and their hosts. *EcoHealth* 15(1):163-208.
- Milholland MT, Castro-Arellano I, García-Peña GE y Mills JN. 2019. The ecology and phylogeny of hosts drive the enzootic infection cycles of hantaviruses. *Viruses* 11(7):671.
- Montoya-Ruiz C, Diaz FJ y Rodas JD. 2014. Recent evidence of hantavirus circulation in the American tropic. *Viruses* 6(3):1274-1293.
- Pan American Health Organization (PAHO) (19 December 2025). Epidemiological alert: hantavirus pulmonary syndrome in Americas Region. Washington, D.C. PAHO/WHO. Fecha de consulta 10/05/2026 en https://www.paho.org/sites/default/files/2025-12/2025-12-19-epidemiological-alert-hantavirus-engfinal_0.pdf
- Puerta H, Cantillo C, Mills J, Hjelle B, Salazar-Bravo J y Mattar S. 2006. Hantavirus del nuevo mundo. *Ecología y epidemiología de un virus emergente en Latinoamérica*. *Revista Medicina (Buenos Aires)* 66(4):343-356.
- Qamar MTU, Ahmad S, Khan A y Wei D. 2024. Editorial: Immunotherapeutics development against hantaviruses. *Frontiers in Immunology* 15:1377137.
- Song JW, Kang HJ, Song KJ, Truong TT, Bennett SN, Arai S, Truong NU y Yanagihara R. 2007. Newfound hantavirus in Chinese mole shrew, Vietnam. *Emerging Infectious Diseases* 13(11):1784-1787.
- Swiss National Reference Center for Emerging Viral Infections, Institute of Medical Virology. 2026. Complete sequence of Orthohantavirus andesense virus: Swiss resident 2026. *Virological.org*. Fecha de consulta 26/05/2026 en <https://virological.org/t/complete-sequence-of-orthohantavirus-andesense-virus-swiss-resident-2026/1023>.

- Tian H y Stenseth NC. 2019. The ecological dynamics of hantavirus diseases: from environmental variability to disease prevention largely based on data from China. *PLoS Neglected Tropical Diseases* 13(2):e0006901.
- Torres-Pérez F, Wilson L, Collinge SK, Harmon H, Ray C, Medina RA y Hjelle B. 2010. Sin nombre virus infection in field workers, Colorado, USA. *Emerging Infectious Diseases* 16(2):308-310.
- Vado-Solís I, Pérez-Osorio C, Lara-Lara J, Ruiz-Piña HA, Cárdenas-Marrufo M, Milazzo ML, Fulhorst CF y Zavala-Velázquez J. 2003. Evidencia serológica de infección por hantavirus en población humana del estado de Yucatán, México. *Revista Biomédica* 14(4):221-225.
- Vaheri A, Henttonen H, Voutilainen L, Mustonen J, Sironen T y Vapalahti O. 2013b. hantavirus infections in Europe and their impact on public health. *Reviews in Medical Virology* 23(1):35-49.
- Vaheri A, Strandin T, Hepojoki J, Sironen T, Henttonen H, Mäkelä S y Mustonen J. 2013a. Uncovering the mysteries of hantavirus infections. *Nature Reviews Microbiology* 11:539-550.
- Vial C, Martínez-Valdebenito C, Rios S, Martínez J, Vial PA, Ferrés M, Rivera JC, Pérez R, Valdivieso F. 2016. Molecular method for the detection of Andes hantavirus infection: validation for clinical diagnostics. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease* 84(1):36-39.
- Vial PA, Ferrés M, Vial C, Klingström J, Ahlm C, López R, Le Corre N y Mertz GJ. 2023. Hantavirus in humans: a review of clinical aspects and management. *Lancet Infectious Diseases* 23(9):e371-e382.
- Viguera-Galván AL, López-Pérez AM, García-Peña GE, Rico-Chávez O, Sarmiento-Silva RE y Suzán G. 2019. Current situation and perspectives on hantaviruses in Mexico. *Viruses* 11(7):642.
- Warner BM, Dowhanik S, Audet J, Grolla A, Dick D *et al.* 2020. Hantavirus cardiopulmonary syndrome in Canada. *Emerging Infectious Diseases* 26(12):3020-3024.
- World Health Organization (WHO) (8 May 2026). Disease Outbreak News. Hantavirus cluster linked to cruise ship travel, Multi-country. WHO. Fecha de consulta 20/05/2026 en <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2026-DON600>.
- Yoshimatsu K y Arikawa J. 2014. Serological diagnosis with recombinant N antigen for hantavirus infection. *Virus Research* 187:77-83.
- Zhang YZ. 2014. Discovery of Hantaviruses in bats and insectivores and the evolution of the genus Hantavirus. *Virus Research* 187:15-21.

Puerta-Guardo H, Torres-Castro MA. 2026. Hantavirus: zoonosis emergente en América. *Bioagrociencias* 19 (1): 240-254.
DOI: <http://doi.org/10.56369/BAC.7057>