

***Vibrio parahaemolyticus* O3:K6 y sus variantes pandémicas en Perú y *Vibrio cholerae* O1 El Tor en Haití: ¿Dos amenazas para la región?.**

***Vibrio parahaemolyticus* O3:K6 and its pandemic strain in Peru and *Vibrio cholerae* O1 El Tor in Haití: Two threats to the region?.**

En febrero de 1996, epidemias de gastroenteritis aguda causadas por *Vibrio parahaemolyticus* del serogrupo O3:K6 fueron reportadas inicialmente en Calcuta, India y posteriormente en otros tres continentes: Africa, Europa y América (1). Esta era la primera vez que un serogrupo de *V. parahaemolyticus*, de los más de 71 existentes, mostraba potencial pandémico, produciendo epidemias de diarrea aguda acuosa que rápidamente se diseminaron sin respetar fronteras, contrario al patrón local restringido que se les conocía hasta esa época. Posteriormente, otros serotipos con características genéticas similares al clon pandémico han causado epidemias globalmente. Dos características son notables en estas cepas pandémicas: desplazan rápidamente a cepas pre-existentes en el ecosistema marino, y causan diarrea severa (1). Aunque estas cepas sí tienen potencial para diseminarse entre continentes, no han afectado a una gran proporción de la población susceptible, como sí lo hace *Vibrio cholerae* O1 por ejemplo, por lo que varios investigadores han cuestionado su denominación pandémica. Otros han aceptado esta terminología haciendo alusión a su diseminación continental más que su alta tasa de ataque.

En Perú, el primer reporte de caso fue hecho en Trujillo pero el primer brote fue detectado en Lima (2). Una comparación de características clínicas entre cepas pandémicas y no pandémicas de *V. parahaemolyticus* en Perú mostró que las cepas pandémicas eran más frecuentes entre jóvenes menores de 30 años y causaban más deshidratación moderada-severa (3). ¿De dónde se originaron estas cepas y porqué su naturaleza pandémica? No existen respuestas a estas preguntas a la fecha. Una hipótesis plantea que estas cepas pandémicas se originaron de otras no patogénicas que adquirieron el gen *tdh* que codifica para una potente enteroxina. La diseminación a varios continentes pudo estar relacionada con cambios climáticos que favorecieron la proliferación ambiental de vibrios, pero esto no ha sido demostrado (1).

En el número anterior de la Revista Medica Herediana, Aliaga y Col., reportan el aislamiento de la cepa pandémica O3:K6 de *V. parahaemolyticus* en una muestra de pescado de consumo humano entre enero y febrero del 2009 (4). Los autores evaluaron 254 muestras (120 de pescado y 134 de moluscos bivalvos) de consumo humano frecuente provenientes de distintos puertos del litoral pero colectados en el terminal pesquero de Ventanilla, en búsqueda de *V. parahaemolyticus* y del serotipo O3:K6 siguiendo procedimientos convencionales. La cifra de aislamiento de *V. parahaemolyticus* fue de 5,9% (15 muestras: 9 de pescado y 6 de moluscos), no se aisló *V. cholerae* O1.

Adicionalmente, 20% (3 cepas) expresaron el factor de virulencia conocido como hemolisina termoestable, y una cepa fue identificada como O3:K6 en una muestra del pescado *Odontesthes regia regia* (pejerrey). ¿Cuáles son las implicancias de estos hallazgos? Primero, el potencial para desarrollar enfermedad en humanos está latente en Perú al encontrarse la cepa pandémica en pescado de consumo habitual. Segundo, es necesario informar y educar a la comunidad sobre este agente, que aunque no produce grandes epidemias si puede afectar significativamente a poblaciones vulnerables, como a pacientes inmunosuprimidos, por ejemplo. Es necesario informar a la población sobre las formas de adquisición de la enfermedad, ingesta de pescado y mariscos crudos, ceviche por ejemplo. Tercero, es necesario implementar vigilancia epidemiológica de este agente en los recursos marinos de consumo humano, así como incorporarlo en la lista de patógenos que deben ser buscados como causantes de diarrea aguda en humanos rutinariamente.

La comunidad científica mundial se conmocionó la tercera semana de octubre del 2010 al reportarse por primera vez en más de un siglo el aislamiento de *V. cholerae* O1 El Tor en pacientes con diarrea aguda en Haití (5). Este país no había sido afectado durante la gran epidemia Latinoamericana de 1991 que se originó en Perú. Para mediados de diciembre del 2010 cerca de 121 518 casos habían sido reportados; 63 711 pacientes habían sido hospitalizados (52%); 2 591 pacientes habían fallecido; la epidemia había afectado todo el país y se había extendido a República Dominicana y al estado de Florida en Estados Unidos (6). ¿Cómo se originó la epidemia?, ¿El agente es el mismo que el *V. cholerae* O1 residente en Latino América?, ¿Cómo se explica la naturaleza tan epidémica de este agente? Las investigaciones posteriores documentaron que el *Vibrio* causante de esta epidemia era molecularmente más parecido al agente actual de la pandemia en Asia que al agente Latinoamericano (7). Este agente es un híbrido entre los dos biotipos El Tor y clásico, no solamente es capaz de sobrevivir en el ambiente de forma más eficaz sino también es capaz de causar enfermedad más severa que su predecesor El Tor (8). El agente habría sido importado desde Asia y no habría sido el resultado de modificaciones genéticas de vibrios ambientales pre-existente.

La naturaleza explosiva de la epidemia se puede explicar teniendo en cuenta las pobres condiciones sanitarias e higiénicas imperantes en Haití, donde menos del 12% de la población tiene acceso a agua potable. Esta epidemia ha renacido viejas discusiones sobre el rol de la comunidad científica en predecir epidemias; el rol de vacunas orales existentes y el rol de profilaxis antimicrobiana en controlar la expansión de epidemias (9). Queda claro que hay mucho que mejorar si pretendemos predecir y controlar nuevas epidemias como esta.

Estos dos hallazgos ponen de manifiesto la amenaza permanente que vibrios patógenos representan para la humanidad. En un caso un *Vibrio* no cholerae, *V. parahaemolyticus* O3:K6 se ha convertido en endémico en el litoral peruano; la magnitud actual de la carga de enfermedad por este agente es desconocida en el país. De otro lado, el agente asiático de cólera en Haití es un ejemplo de la globalización de enfermedades y pone de manifiesto las falencias en saneamiento e higiene en este país, similares a las que estuvieron presentes en Perú durante la gran epidemia de 1991. Este nuevo agente de cólera representa una amenaza para la población vulnerable a nivel global y mundial.

Carlos Seas¹

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Nair GB, Rammamurthy T, Battacharya SK, Dutta B, Takeda Y, Sack DA. Global dissemination of *Vibrio parahaemolyticus* serotype O3:K6 and its serovariants. *Clin Microbiol Rev* 2007; 20:39-48.
2. Gil A, Miranda H, Lanata CF, et al. O3:K6 serotype of *Vibrio parahaemolyticus* identical to the global pandemic clone associated with diarrhea in Peru. *Int J Infect Dis* 2007; 11:324-8.
3. Gil A, Lanata CF, Miranda H, et al. Gravedad de la gastroenteritis causada por *Vibrio parahaemolyticus* del grupo pandémico en el Perú. *Rev Per Med Exp Salud Pública* 2007; 24:350-5.
4. Aliaga R, Miranda J, Zevallos J. Aislamiento e identificación de *Vibrio parahaemolyticus* O3:K6 en pescados y moluscos bivalvos procedentes de un mercado pesquero de Lima, Perú. *Rev Med Hered* 2010; 21:139-45.
5. CDC. Update: outbreak of cholera-Haiti. *MMWR* 2010; 59:1586-90.
6. CDC. Update on Cholera-Haiti, Dominican Republic and Florida, 2010. *MMWR* 2010; 59:1637-41.
7. Chin CS, Sorenson J, Harris JB, et al. The origin of the Haitian cholera outbreak strain. *New Eng J Med* (ahead of print). Epub 2010 Dec 9.
8. Siddique AK, Nair GB, Alam M, et al. El Tor cholera with severe disease: a new threat to Asia and beyond. *Epidemiol Infect* 2010; 138:347-352.
9. Ivers LC, Farmer P, Almazor CP, Léandre F. Five complementary interventions to slow cholera: Haiti. *Lancet* 2010; 376:2048-51.

¹ Profesor Asociado de Medicina. Facultad de Medicina Alberto Hurtado. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Médico Asistente. Departamento de Enfermedades Infecciosas, Tropicales y Dermatológicas. Hospital Nacional Cayetano Heredia. Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt. Universidad Peruana Cayetano Heredia. Lima, Perú.