



Revisión

# Infección por el virus Zika o el futuro de las enfermedades infecciosas



Lluís Valerio Sallent<sup>a,\*</sup>, Sílvia Roure Díez<sup>b</sup> y Gema Fernández Rivas<sup>c</sup>

<sup>a</sup> PROSICS Metropolitana Nord, Institut Català de la Salut, Universitat Autònoma de Barcelona, Santa Coloma de Gramenet, España

<sup>b</sup> PROSICS Metropolitana Nord, Unidad de Enfermedades Infecciosas, Servicio de Medicina Interna, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Universitat Autònoma de Barcelona, Institut Català de la Salut, Badalona, Barcelona, España

<sup>c</sup> Servicio de Microbiología, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Universitat Autònoma de Barcelona, Institut Català de la Salut, Badalona, Barcelona, España

## INFORMACIÓN DEL ARTÍCULO

### Historia del artículo:

Recibido el 23 de febrero de 2016

Aceptado el 3 de marzo de 2016

On-line el 4 de mayo de 2016

### Palabras clave:

Zika  
*Aedes albopictus*  
 Europa

### Keywords:

Zika  
*Aedes albopictus*  
 Europe

## R E S U M E N

El virus Zika es un *Flavivirus* filogenéticamente cercano al de la fiebre amarilla o del dengue, cuyo vector principal es el mosquito *Aedes aegypti*. El virus procede de un reservorio simiano africano y ha protagonizado una expansión fulminante a través del Pacífico hasta Sudamérica. Provoca una enfermedad leve caracterizada por fiebre con exantema. La mortalidad se circunscribe a casos de Guillain-Barré y de malformación encefálica fetal con microcefalia.

Un caso sospechoso será aquel con: a) antecedente epidemiológico de desplazamiento a zona endémica; b) cuadro pseudogripal con exantema, y c) hemograma/bioquímica levemente alteradas o normales.

La confirmación diagnóstica requiere identificar al virus por RT-PCR en sangre (hasta el quinto día sintomático), orina (hasta el día 10-14) o IgM específicas a partir del quinto día. Existe alguna evidencia que da soporte a la relación causa-efecto con la microcefalia fetal. A la espera de datos definitivos, las mujeres embarazadas procedentes de Centro y Sudamérica deben ser testadas para descartar la infección.

© 2016 Elsevier España, S.L.U. Todos los derechos reservados.

## Zika virus infection or the future of infectious diseases

### A B S T R A C T

Zika virus belongs to the *Flaviridae*, an extended phylogenetic family containing dengue or yellow fever, viruses whose shared main vector are *Aedes aegypti* mosquitoes. The virus originally came from Central African simian reservoirs and, from there, expanded rapidly across the Pacific to South America. The disease is an example of exantematic fever usually mild. Mortality is very low and mainly limited to secondary Guillain-Barré or fetal microcephaly cases.

Diagnostic confirmation requires a RT-PCR in blood up to the 5th day from the onset or in urine up to the 10-14th day. Specific IgM are identifiable from the 5th symptomatic day. Clinically, a suspected case should comply with: a) a journey to epidemic areas; b) a clinically compatible appearance with fever and skin rash, and c) a generally normal blood count/basic biochemistry.

There is some evidence that causally relates Zika virus infection with fetal microcephaly. While waiting for definitive data, all pregnant women coming from Central or South America should be tested for Zika virus.

© 2016 Elsevier España, S.L.U. All rights reserved.

En editoriales previos<sup>1</sup> los autores ponían de relieve la conveniencia de fomentar y extender los conocimientos sobre los virus transmitidos por mosquitos –los arbovirus– debido a su potencial de expansión en Europa, especialmente en el ecosistema

mediterráneo de la península ibérica, colonizado por el mosquito-vector *Aedes albopictus* (*A. albopictus*) o mosquito tigre. El virus Zika (VZ), más allá de su demostrada capacidad de endemización a un ritmo desbocado, acapara portadas en medios de comunicación de masas que lo presentan como otra más de las nuevas amenazas infecciosas que pueden abatirse sobre Europa. Habrá que tener opiniones sólidas y bien fundamentadas a fin de que ante la eventual hora de la verdad –la posibilidad real de algún

\* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: lvalerio.bnm.ics@gencat.cat (L. Valerio Sallent).

**Tabla 1**  
Arbovirus identificados en la Unión Europea y con posibilidad de transmisión por *Aedes* spp

Familia	Virus	Transmisión	Enfermedad	Casos en la UE	Casos en España
<i>Togaviridae</i>	Chikungunya	U, S, R	FS	Autóctonos	Importados
	Sindbis	R	FS	Autóctonos	No
	Mayaro	R	FS	Importados	No
	Encefalitis del Este	R	FS, ME	Importados	No
<i>Flaviviridae</i>	Dengue	U, S, R	FS, FH	Autóctonos	Importados
	Fiebre amarilla	U, S, R	FS, FH	Importados	Importados
	Usutu	R	FS	Autóctonos	No
	West Nile	U, S, R	FS, ME	Autóctonos	Autóctonos
	Zika	U, S, R	FS, ME	Importados	Importados
<i>Bunyaviridae</i>	Batai	R	FS	Autóctonos	No
	Tahyna	R	FS, ME	Autóctonos	No

FH: fiebre hemorrágica; FS: fiebre sistémica; ME: meningoencefalitis; R: rural; S: suburbano; U: urbano; UE: Unión Europea.

brote autóctono– los profesionales sanitarios impidamos que el pánico bloquee, aunque sea brevemente, la racional toma de decisiones<sup>2</sup>. La «tertulianización» del conocimiento a la que asistimos en los primeros días del infortunado contagio con el virus ebola no debería repetirse.

Para ello hemos revisado la evidencia disponible sobre el arbovirus Zika; esperemos que les sea de utilidad.

### Filogenia del virus

El VZ pertenece a la familia *Flaviviridae*, género *Flavivirus*, y, por lo tanto, está emparentado –y es cercano antigénicamente– a otros flavivirus como el de la fiebre amarilla, la encefalitis japonesa, el dengue y el West Nile. Todos ellos son virus con envuelta y se caracterizan por poseer ARN monocatenario y cápside icosaédrica<sup>3</sup>. En cambio, se encuentra filogenéticamente alejado del virus chikungunya, que pertenece a los *Togaviridae*<sup>4</sup>. Ello, como veremos, debe ser tenido en cuenta durante el proceso diagnóstico. Un resumen de los diversos arbovirus clasificados por familias y sus características clínico-epidemiológicas se muestra en la [tabla 1](#).

Estudios genéticos han permitido diferenciar 2 linajes –pero un solo serotipo– del VZ: el africano y el asiático. Se trata de una situación similar a la que presenta el virus chikungunya y que evidencia que la propagación al continente asiático por medio de ciclos animales o quizá humanos con baja expresividad clínica es antigua. Al igual que con la epidemia americana de chikungunya (primeros casos en San Martín, Pequeñas Antillas, diciembre de 2013), el linaje invasivo es asiático<sup>5</sup>. La separación entre los inicios de las 2 pandemias americanas de fiebres chikungunya y zika representa solamente un lapso de 17 meses. No existe ninguna prueba a favor de la existencia de mecanismos de sinergia entre ambos virus ni a nivel de huésped ni de vector. Lo más probable es que el tráfico humano y comercial entre los países emergentes del Pacífico Occidental y de Sudamérica haya introducido virus y vector del mismo modo que aconteció en Europa (epidemia de chikungunya transmitida por *A. albopictus*, Italia, 2007)<sup>6</sup>.

Por lo que respecta a su origen geográfico, su primer aislamiento tuvo lugar en Uganda, por lo que en definitiva estamos con toda probabilidad ante un patógeno procedente del biotopo selvático del África Ecuatorial que ha aprovechado la invasión humana de su espacio para propagarse. Es muy posible que factores ecológicos locales, como la deforestación y el cambio climático, actúen como aceleradores de la epidemia porque favorecen la reproducción de los mosquitos *Aedes* vectores. No es el único; no hace más que seguir el camino que anteriormente trazaron el VIH, el virus chikungunya y, posiblemente, la fiebre amarilla<sup>7</sup>.

### Reservorios y vectores

El virus se aisló por primera vez en 1947, cuando investigadores norteamericanos lo identificaron en macacos Rhesus (*Macaca*

*mulatta*) del bosque de Zika (Uganda) en los que se estudiaba la presencia del virus de la fiebre amarilla<sup>8</sup>. El mismo momento de su descripción nos obsequió ya con una muestra de su difícil trazabilidad, en tanto que algunos de los macacos procedían de India. En todo caso, es más que plausible que posea un reservorio simiano más o menos extenso con un ciclo vital salvaje africano. El primer caso humano fue descrito en Nigeria –1954–, y a partir de ahí, sorprendentemente, existen comunicaciones de casos aislados en una multitud de países –Egipto, Indonesia, Gabón, Malasia, Filipinas, Vietnam, Tanzania y otros– que no activaron ninguna alarma pero que, evidentemente, traducían una expansión a nivel planetario<sup>9,10</sup>.

Este punto es interesante porque traza un paralelismo con la extensión del virus de la fiebre amarilla en los siglos XVIII–XIX y la del virus chikungunya en los inicios del XXI: origen en un ecosistema selvático del Viejo Mundo, presencia de casos aislados durante un cierto tiempo, primero en África y luego en Asia, grandes epidemias en el sistema biogeográfico americano y brotes en Europa relacionados con dichas epidemias. La fiebre amarilla fue un azote para las ciudades portuarias de Europa (Barcelona, 1821) o de Norteamérica (Nueva York, 1791). Solo pudieron ser atajadas en su momento mediante la mejora de la vigilancia de personas y de bienes comerciales –inspecciones, cuarentenas–, así como por medio de la implementación de medidas contra el vector *Aedes aegypti* (*A. aegypti*), que por entonces era común en Europa Occidental<sup>11</sup>. No fue hasta mucho más tarde cuando el uso masivo de la vacuna de virus atenuados acantonó otra vez a la enfermedad en su reservorio animal original. Tomen nota.

La expansión del VZ cursó en paralelo con la de sus mosquitos vectores principales: *A. albopictus* propagándose desde el sudeste asiático, y *A. aegypti* reexpandiéndose en amplias zonas tropicales y templadas del mundo. *A. aegypti* es un vector mucho más eficiente en la instauración de ciclos humanos, por lo que son los países densamente colonizados por este artrópodo los que presentan un mayor riesgo de epidemias. Para complicar más las cosas, la transmisión simultánea de dengue, chikungunya y zika es demostradamente posible. Imaginen la de retos e interrogantes que deben afrontar nuestros compañeros de profesión en Sudamérica<sup>12,13</sup>.

Así como se ha podido identificar el elemento que aumentó la transmisibilidad del virus chikungunya (una mutación genética), se desconoce qué factor o combinación de factores subyacen en la conversión pandémica del VZ. Hay indicios que apuntan a la existencia de una propagación invasiva desde Micronesia –isla de Yap, 2007– y el Pacífico –Polinesia Francesa e isla de Pascua, 2014– vectorizada por especies endémicas de *Aedes* (*A. polynesiensis*) hasta que virus y *A. aegypti* entraron en contacto posiblemente después de una importación en Brasil. La coincidencia con la expansión del virus chikungunya y su clínica poco manifiesta lo mantuvieron a la sombra hasta que afloraron las sospechas que lo relacionaban con los casos de microcefalia neonatal acontecidos en Brasil, ya en 2015<sup>14</sup>.

En cuanto a su extensión actual, se reportan casos de fiebre zika en su forma epidémica en todos los países de Centro y Sudamérica

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/3794400>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/3794400>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)