

daños, pues por los pocos días, después del inicio de síntomas, en que fueron captados y tamizados, posiblemente no haya sido posible detectar los anticuerpos IgM que generalmente se detectan mejor entre el sexto y décimo día después del inicio de síntomas (Tabla 1).

Tabla 1. Detección de IgM y días de fiebre para rubéola o dengue.

| Días de fiebre | % IgM |
|----------------|-------|
| 1 – 5 | 56 |
| 6 – 10 | 95 |
| 20 – 30 | 93 |
| 40 – 60 | 23 |

Fuente: IPK: Guzmán y Col. Estudio realizado en Centro América 93 – 94. No publicado.

El cuadro anterior nos obliga a ubicarnos en el contexto, ya que Lima no era un área endémica de dengue, pero actualmente con la aparición de casos autóctonos tenemos que la prevalencia de esta enfermedad aún es sumamente baja, y al tamizar las muestras «rubéola-negativas» con el test Pan Bio para dengue (sensibilidad 94% y especificidad 97%) es necesario calcular el valor predictivo positivo (VPP) de la prueba empleada.

Para este efecto, asumiremos que en todo el distrito de Comas (población aproximada: 500 000 personas) han enfermado 2000 personas con dengue, con ese dato tenemos que la prevalencia de dengue sería 0,4%, basados en esta información podemos calcular el VPP del test Pan Bio para dengue en la población del distrito de Comas (Tabla 2).

Como resultado tenemos que la probabilidad de estar o haber estado infectado con dengue, en los pacientes con resultado serológico positivo al Pan Bio/Dengue en el distrito de Comas es de 11,18%.

Tabla 2. Valor predictivo positivo para ELISA captura IgM para dengue - Pan Bio. Distrito de Comas (500 000 habitantes) - Población de baja prevalencia.

| Resultado Test | Verdadero Diagnóstico | | |
|-----------------|-----------------------|-----------------------|---------|
| | Dengue + | Dengue - | Total |
| Positivo | 1880 | 14 940 | 16 820 |
| Negativo | 120 | 483 060 | 483 180 |
| Total | 2000 | 498 000 | 500 000 |
| VPP | 11,18 | VPP= VP*100/(VP + FP) | |
| VPN | 99,98 | VPN= VN*100/(FN + VN) | |

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DEL VIRUS DENGUE 3 AISLADO EN CASOS DE DENGUE CLÁSICO EN COMAS. LIMA, PERÚ 2005

Omar Cáceres¹, Enrique Mamani²

El día 14 de abril de 2005 las autoridades del Ministerio de Salud tuvieron referencia de la presencia de 11 casos febriles con erupción cutánea en el distrito de Comas al norte de la ciudad de Lima, los cuales fueron catalogados como dengue clásico. Ante este hecho, se inició de inmediato una investigación epidemiológica para determinar la etiología de la enfermedad y tomar las medidas de control y prevención necesarias. El Instituto Nacional de Salud confirmó la presencia de este virus y reportó al virus dengue 3 (D3) como el causante de este brote [Bol Inst Nac Salud 2005: 11 (4-5)].

Con la finalidad de determinar que genotipo de D3 del virus dengue es el que está circulando en el área afectada, se procedió a analizar muestras representativas de este brote mediante secuenciación genética del ARN viral.

El producto de RT-PCR de cinco muestras de suero de pacientes positivos a D3 fueron puri-

¹ Laboratorio de Biología Molecular y Biotecnología. Centro Nacional de Salud Pública-Instituto Nacional de Salud.

² Laboratorio de Arbovirus. Centro Nacional de Salud Pública-Instituto Nacional de Salud.

ficados a partir de gel de agarosa, los productos purificados fueron sometidos a una reacción de secuenciación para posteriormente ser nuevamente purificados y colocados finalmente en el secuenciador automático *ALF Express* (Amersham Biosciences). Cada muestra fue secuenciada por duplicado.

Las secuencias obtenidas (458 pb) fueron alineadas utilizando el programa DIALIGN, para el análisis filogenético se utilizó el programa CLUSTALW versión 1.82 y, finalmente, para determinar el genotipo y la homología de las secuencias se utilizó el programa FASTA (www.ebi.ac.uk).

El alineamiento de las secuencias dio como resultado que es un mismo genotipo el que está presente en los pacientes atacados por la enfermedad, lo cual era de esperarse por ser la primera vez que ocurre un brote de este virus en la zona afectada.

El análisis de las cinco muestras secuenciadas dio como resultado que todas ellas pertenecen al genotipo III o genotipo asiático y cuya homología es de 98,5% con la secuencia de D3 aislado en Guatemala en el año 1996, es decir, el genotipo III de Lima es similar al genotipo que circuló en Guatemala ese año. Además, las cinco muestras fueron similares en 98,2% con las secuencias de dengue 3 aisladas en Martinica y Brasil en los años 1999 y 2002, respectivamente.

Haciendo un análisis más minucioso encontramos que el virus D3 genotipo III de Lima tiene una similaridad de 98% con las secuencias del virus D3 aislado en Sullana-Piura durante el primer brote de dengue hemorrágico en el Perú ocurrido en el año 2001 (Montoya *et al* 2002). Para establecer la relación filogenética entre las secuencias del virus dengue 3 de Lima y las secuencias del virus del mismo genotipo circulante en otros departamentos del Perú (Ucayali y Piura), se procedió a analizar estas

secuencias usando el método de Ucayali y Sullana pero no poseen relación filogenética con ellas, es decir el virus de Lima derivó del virus que circulaba en Piura y Ucayali, y que, probablemente, en el transcurso del desplazamiento de este genotipo hasta su llegada a Lima haya sufrido mutaciones, de modo tal que el virus D3 de Lima presenta un patrón evolutivo diferente del genotipo original que entró por Sullana en el año 2001.

Finalmente, la existencia del virus dengue 3 genotipo III de Lima con características propias podría presentar diferencias en cuanto a su virulencia, capacidad de transmisión e infectividad en comparación con el genotipo que circula en la costa norte y selva del país, además de considerar otros factores de riesgo en el huésped y el vector.

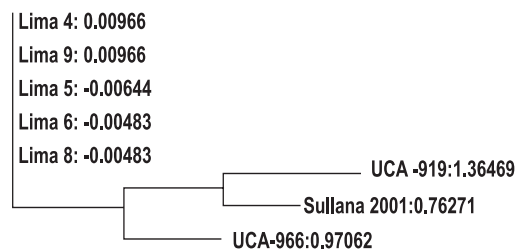


Figura 1. Árbol filogenético generado utilizando el método de *Neighbor-Joining* entre las secuencias de la región C/PrM del virus dengue 3 de Lima y las secuencias homólogas de Ucayali y Sullana-Piura.

Referencias bibliográficas

1. Cáceres O, Mamani E, Iwasaki R, Gutierrez V, Garcia M, Cobos M. 2005 Secuenciación genética del virus dengue 3 circulante en Ucayali-Perú, en el año 2004. Boletín Instituto Nacional de Salud. Año 2, N° 4: 3-4.
2. Montoya Y, Holechek S, Cáceres O, Palacios A, Burans J, Guevara C, Quintana F, Herrera V, Pozo E, Anaya E, Mamani E,

Gutiérrez V, Ladron de Guevara A, Fernández E, Asmat P, Alva-Davalos V, Huguin C and Kochel T. 2002 Circulation of dengue viruses in northwestern Peru, 2000-2001. Dengue Bulletin, WHO 27: 52-62.

CICLO DEL AGUA «OBJETIVOS DE SOSTENIBILIDAD»

Ing. Yann Baudran¹

El uso de los recursos naturales provoca un efecto sobre los ecosistemas de donde se extraen y en los ecosistemas en donde se utilizan. El caso del agua es uno de los ejemplos más claros, un mayor suministro de agua significa mayor carga de aguas residuales. Si se entiende por desarrollo sostenible aquél que permita compatibilizar el uso de los recursos con la conservación de los ecosistemas. Las buenas prácticas en la gestión del recurso agua serán las que tengan por finalidad:

- Disminuir el gasto de agua, reducir el consumo o reciclar y reutilizar al máximo el suministro.
- Extraerla con el menor deterioro posible de los ecosistemas, es decir dejando una parte para el desarrollo normal de ríos, humedales y acuíferos subterráneos.
- Devolverla a las aguas naturales en condiciones aceptables para que el impacto sobre los ecosistemas sea mínimo, lo que en términos antropocéntricos y para el caso de las aguas superficiales, se acostumbra a medir como calidad suficiente para que permita el baño y evite graves pérdidas piscícolas; para ello la mejor solución es contaminarlas lo menos posible en su uso y proceder luego a su tratamiento de depuración.
- Realizar esta depuración o descontaminación con un mínimo gasto energético e impacto ecológico.

Hay que considerar también que el hombre influye sobre el ciclo del agua de dos formas distintas, ya sea directamente, mediante extracción y posterior vertido de aguas contaminadas como se ha dicho, o bien indirectamente alterando la vegetación y la cobertura del suelo. Ambas formas de impacto alteran el régimen de circulación y la calidad de las aguas. Serán buenas prácticas también aquellas que vayan encaminadas a la conservación del suelo y la vegetación, es de notable interés la conservación de la vegetación de ribera que, además de aumentar la biodiversidad, hace de filtro de retención de nutrientes y de numerosos contaminantes, disminuyendo mucho su entrada en los cauces de aguas o en los acuíferos, al tiempo que incorpora también a su biomasa los nutrientes de las aguas que fluyen por los cauces y mantos fluviales.

El agua, recurso renovable, pero limitado

El agua disponible se produce gracias a un transporte atmosférico del agua del mar a la tierra, se puede considerar el mar como una caldera de destilación y la tierra como el condensador. El exceso de precipitación sobre la evaporación que se da en los continentes constituye el agua utilizable. Cualquiera que sea el uso del agua por el hombre (regadío, refrigeración, etc.) aumenta su evaporación, convirtiendo una fracción mayor de los continentes en calderas de destilación, lo que repercutirá en el balance precipitación evaporación en los continentes disminuyéndolo, pues parte del vapor generado en los continentes se precipitará también en el mar. Esto unido a cambios climáticos, que probablemente lleven a situaciones más secas, conduce a que nuestros objetivos deban estar dirigidos a obtener un consumo más eficaz del recurso y no a aumentar el suministro. Esto sin contar los enormes daños que el sobreuso del agua está haciendo a los

¹ Empresa COPERSA S.A.C.