

## EDITORIAL

### ***Diarrea aguda en niños. Nuevas tecnologías para el desafío del milenio***

La infección por rotavirus es responsable de alrededor de 600.000 muertes anuales y aproximadamente 40% de las hospitalizaciones por diarrea en menores de 5 años de edad en todo el mundo<sup>1</sup>. En América Latina se estima que 10 millones de niños sufren esta enfermedad todos los años, lo que resulta en dos millones de consultas, de ellos, 75 mil son hospitalizados y 15 mil mueren. En el Paraguay el reporte de incidencias de infección por rotavirus oscila entre 22 y 42%<sup>2,3</sup>. Los resultados obtenidos en Paraguay concuerdan con las tasas observadas en otros países latinoamericanos.

Las altas incidencias de morbilidad y mortalidad por diarreas causadas por rotavirus y la disponibilidad de nuevas vacunas significan un desafío para los gobiernos de la Región, los cuales deben tomar la decisión de introducir esta vacuna en los programas nacionales, contribuyendo así al logro de uno de los Objetivos de Desarrollo del Milenio: *reducir en dos terceras partes, entre 1990 y 2015, la mortalidad de los niños menores de 5 años*.

Los estudios epidemiológicos basados en la caracterización molecular de cepas de rotavirus circulantes en una región geográfica permiten utilizar la información nacional y regional en acciones e intervenciones coordinadas de salud y establecer bases de datos para la implementación de programas de vacunación. Los docentes investigadores del laboratorio de Biología Molecular del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud de la Universidad Nacional de Asunción recibieron el Premio Nacional de Ciencia 2008, Ley 1149/97, con el trabajo "Rotavirus: Detección de reordenantes de genogrupo y genotipos atípicos en muestras de niños y adultos".

El trabajo que presentaron los docentes investigadores consiste en la aplicación de técnicas de biología molecular como ser: electroforesis en geles acrilamida, reacción en cadena de la polimerasa (RT-PCR) y secuenciación de ADN; que en combinación con técnicas de bioinformática permitieron demostrar las relaciones filogenéticas y las variaciones genéticas en los rotavirus circulantes en el país.

---

1 Organización Panamericana de la Salud. Vigilancia epidemiológica de diarreas causadas por rotavirus: guía práctica. Washington, D.C.: OPS, © 2007. (Publicación Científica y Técnica No. 623).

2 Candia N, Parra GI, Chirico M, Velazquez G, Farina N, Laspina F, et al. Acute diarrhea in Paraguayan children population: detection of rotavirus electropherotypes. *Acta Virol.* 2003; 47:137-40.

3 Coluchi N, Munford V, Manzur J, Vazquez C, Escobar M, Weber E, et al. Detection, subgroup specificity, and genotype diversity of rotavirus strains in children with acute diarrhea in Paraguay. *J Clin Microbiol.* 2002; 40:1709-14.

Cabe destacar, que los resultados mas sobresalientes del grupo fueron: i) las cepas prevalentes en niños cambian de año a año<sup>4,5</sup>; ii) la aparición, luego de 6 años de ausencia, de cepas G2P[4] en niños y adultos<sup>4,6</sup>; iii) que las cepas G2 se agrupaban en el linaje II, pero en un cluster diferente de las circulantes en Sudamérica durante la década de los 90, iv) la naturaleza reordenante (intergenogrupo) de cepas comunes y atípicas, v) que variaciones en los genes VP4 y VP7 pueden llevar a la falla y/o incorrecta tipificación de las cepas colectadas<sup>7</sup>, y vi) la aparición de cepas atípicas en niños, como ser la G9P[6], G9P[8] y G1-IIb, y en adultos G12P[9] y G12P[4]<sup>4</sup>. Este último hallazgo podría advertir sobre la posibilidad de la introducción de este novel genotipo en la población infantil, cuyos genotipos G y P no están presentes en la actual vacuna monovalente (genotipo G1P[8]) comercializada en nuestro país<sup>6,7</sup>.

Estudios del mismo grupo de trabajo demostraron que un genotipo, el G2P[4] detectado en adultos en los años 2004 (ausente en niños) y 2005 (aumento de casos en niños), resultó ser el genotipo más prevalente en la población infantil en los años 2006 y 2007<sup>4,8</sup>. Los investigadores concluyen que la circulación de cepas emergentes en adultos y la evidencia de reordenamientos genéticos remarca la importancia de un cuidadoso monitoreo de la diversidad de rotavirus circulante para el reconocimiento, diagnóstico, pronóstico e investigación de brotes y epidemias, como también para evaluar el costo-beneficio de un programa de vacunación en salud pública a ser implementado en Paraguay.

**Dra. Graciela Velázquez**  
Directora General IICS-UNA

---

4 Parra GI, Espínola EE, Amarilla AA, Stupka J, Martinez M, Zunini M, Galeano ME, Gomes K, Russomando G, Arbiza J. Diversity of group A rotavirus strains circulating in Paraguay from 2002 to 2005: detection of an atypical G1 in South America. *J Clin Virol.* 2007; 40(2):135-41.

5 Espínola EE, Amarilla A, Arbiza J, Parra GI. Sequence and phylogenetic analysis of the VP4 gene of human rotaviruses isolated in Paraguay. *Arch Virol.* 2008;153(6):1067-73.

6 Amarilla A, Espínola EE, Galeano ME, Fariña N, Russomando G, Parra GI. Rotavirus infection in the Paraguayan population from 2004 to 2005: high incidence of rotavirus strains with short electropherotype in children and adults. *Med Sci Monit.* 2007;13(7):333-7.

7 Espínola EE, Parra GI, Russomando G, Arbiza J. Genetic diversity of the VP4 and VP7 genes affects the genotyping of rotaviruses: analysis of Paraguayan strains. *Infect Genet Evol.* 2008; 8(1):94-9.

8 Martínez M, Fariña N, Rodríguez M, Russomando G, Parra GI. Incidence of rotavirus in adults with diarrhea in Asunción, Paraguay. *Rev Argent Microbiol.* 2005;37(2):99-101.