

# FACTORES CAUSALES DE LAS ZONOSIS REEMERGENTES ALIMENTARIAS. CRISIS ALIMENTARIAS

Raúl C. Mainar Jaime\*. 2015. PV ALBEITAR 51/2015.  
Dpto. Patología Animal, Universidad de Zaragoza.

[rmainar@unizar.es](mailto:rmainar@unizar.es)

[www.produccion-animal.com.ar](http://www.produccion-animal.com.ar)

Volver a: [Zoonosis](#)

## INTRODUCCIÓN

La mayor parte de las enfermedades bacterianas reemergentes transmitidas por los alimentos son causadas por agentes zoonóticos, y son los animales los que actúan como principales reservorios de la infección para las personas. Revisemos los factores humanos que propician su reemergencia, así como aquellos aspectos asociados a los propios microorganismos.

Una enfermedad emergente es aquella que aparece por primera vez en una población o que, aunque ya era conocida, por diversas razones ha incrementado de forma rápida su incidencia o rango geográfico (Morse, 1995).

En este segundo caso se le suele denominar reemergente, pues el factor novedad ya no es su principal característica. Lo que realmente importa de este tipo de enfermedades reemergentes (ER) es entender su resurgencia, especialmente cuando, a priori, ya existirían herramientas que deberían mostrarse eficaces para su control. Como se verá, algunas de las zoonosis de origen bacteriano transmisibles por alimentos se podrían considerar reemergentes.

Las ER ocurren tras la aparición de factores que fomentan el tráfico microbiano (Morse, 1995). Este tráfico microbiano consiste en favorecer la introducción de un agente infeccioso en la población y facilitar posteriormente su establecimiento y diseminación dentro de esa población. Estos factores suelen caracterizarse por:

- a) Estar relacionados con cambios en las relaciones ecológicas entre el agente infeccioso y el hospedador (el hombre).
- b) La capacidad del agente infeccioso para infectar a diferentes especies animales.

En condiciones adecuadas una enfermedad reemergerá independientemente del nivel de desarrollo del país. En países subdesarrollados son la falta de condiciones higiénico-sanitarias y los bajos niveles de nutrición, los que favorecen la supervivencia y transmisión del agente infeccioso, así como la susceptibilidad del hospedador. En países industrializados se asocian más con su abundancia y variedad. Factores relacionados con el origen de los alimentos y la forma de producirlos, o bien relacionados con su procesado y conservación, así como las nuevas tendencias de consumo (demanda de alimentos menos procesados y productos listos para comer), han sido responsables directos de las últimas crisis alimentarias. En estos países, el aumento de la susceptibilidad de las personas a estas enfermedades tendría que ver con las nuevas tendencias demográficas (mayor proporción de ancianos), un incremento de la población inmunodeprimida (personas trasplantadas, sometidas a tratamientos oncológicos, afectados por el VIH, etc.) y, paradójicamente, posiblemente también con una mayor higienización de los alimentos y una menor exposición a estos mismos agentes patógenos, lo que reduciría la respuesta inmunitaria del organismo. Todo ello sin olvidar que el desarrollo de nuevas técnicas diagnósticas y de identificación microbiana también ha permitido incrementar nuestra capacidad de detección de patógenos, creando a veces una falsa imagen de reemergencia.

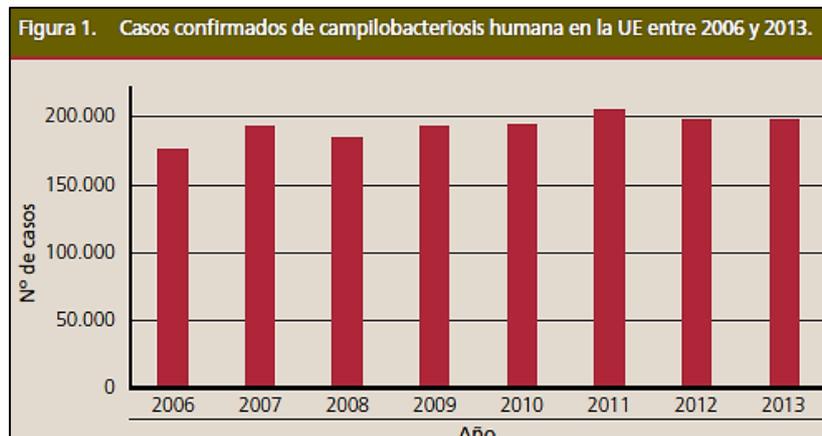
## LAS CRISIS ALIMENTARIAS

Una consecuencia directa de la emergencia o reemergencia de ciertos agentes patógenos son las crisis alimentarias. Estas suelen ser fruto de una cadena de acontecimientos que comienzan con la incertidumbre que surge al detectar un problema de salud en la población supuestamente asociado con la alimentación. Esta incertidumbre, generada por el desconocimiento inicial del problema, produce un miedo en la población que suele desencadenar una alarma en el ámbito político. El tratamiento generalmente sensacionalista y con escaso rigor científico-técnico que se le da por parte de los medios de comunicación, no hace sino acentuar la percepción de riesgo de las personas hacia estas enfermedades, mucho antes incluso de poder ser considerada una amenaza real, agudizando así la situación y generando las crisis.

No es de extrañar pues que en los países desarrollados las enfermedades emergentes y reemergentes hayan dirigido en muchas ocasiones la agenda política de los gobiernos, no sólo por el daño que oficialmente causan a la población, sino también por la atención mediática que generan (Newell et al., 2010). Así, han sido abundantes los

recursos destinados tanto a nuevas enfermedades (EEB, influenza aviar, etc.), como a patógenos más conocidos como Salmonella o E. coli, responsables de numerosos brotes de origen alimentario y, por ello, considerados una amenaza constante para la salud pública. Se han puesto en marcha costosos sistemas de vigilancia que contemplan las enfermedades a lo largo de toda la cadena alimentaria (el enfoque “de la granja a la mesa”) y se ha financiado abundante investigación enfocada al desarrollo de nuevas técnicas de diagnóstico y caracterización de patógenos.

Tras estos esfuerzos sería lógico esperar una significativa reducción de este tipo de enfermedades en la población humana; sin embargo, las evidencias de que eso esté ocurriendo son escasas (Newell et al., 2010). Por el contrario, algunas de ellas (campilobacteriosis, salmonelosis, colibacilosis por E. coli verotoxigénica, listeriosis, etc.) se mantienen, e incluso parecen haber incrementado su incidencia en los últimos años (figuras 1 y 3) (EFSA, 2015).



La incertidumbre inicial generada alrededor de la encefalopatía espongiforme bovina (EEB) desató la alarma en Europa. Sin embargo, en el Reino Unido, país que sufrió el mayor número de casos de EEB ( $\approx 200.000$  vacas infectadas) y más de 50 millones de personas estuvieron potencialmente expuestas, la incidencia de esta patología en la población ha sido hasta el momento mínima (176 casos a diciembre de 2011) (Andrews, 2012). La probabilidad de morir por esta infección en Europa es, a pesar de todo, insignificante y comparable a la de morir electrocutado por un rayo. Situaciones similares han ocurrido con la gripe aviar o últimamente con el virus del Ébola en España.

Sin subestimar el papel que las nuevas técnicas de diagnóstico y la mejora de la vigilancia epidemiológica han podido tener en este incremento, conviene al menos revisar otras causas que pueden estar motivando la re-emergencia de estos patógenos.

## EL PAPEL DE LOS MICROORGANISMOS

Además de los factores humanos mencionados que han propiciado la resurgencia de estas enfermedades, no se deben olvidar aspectos menos antropocéntricos, es decir, aquellos jugados por los propios microorganismos. Si de algo no cabe duda es de que las bacterias son organismos vivos diseñados para quedarse, de hecho son las formas de vida más antiguas que se conocen ( $>3.500$  millones de años).

Es obvio que este récord sería imposible si no hubieran presentado un enorme poder adaptativo. Esta capacidad de adaptarse a las condiciones ambientales que van surgiendo tiene que ver con su velocidad de multiplicación, las mutaciones puntuales asociadas con esa alta tasa reproductiva, la recombinación genética y la transferencia horizontal de material genético entre diferentes especies e incluso géneros bacterianos. Esta transferencia de genes por medio de plásmidos, transposones, integrones o islas genómicas, son mecanismos cruciales para la evolución, diversificación y adaptación bacteriana (Hernández-Cruza, 2008). A continuación se exponen ciertas estrategias seguidas por algunas bacterias conocidas causantes de ER transmisibles por los alimentos.

### CAMPYLOBACTER SPP.

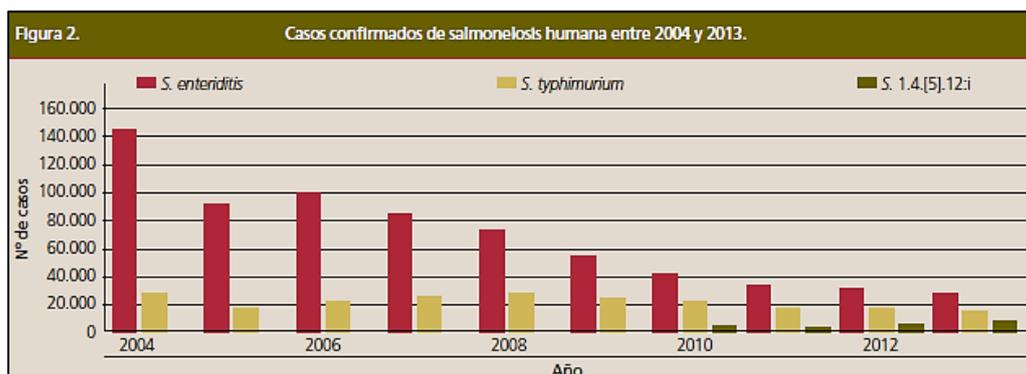
Campylobacter lidera la lista de bacterias causantes de infecciones transmitidas por alimentos en la UE (EFSA, 2015). Aunque los escasos datos históricos sobre su caracterización genética impiden estudiar posibles cambios o tendencias evolutivas poblacionales, parece que los distintos aislados de *C. jejuni* analizados difieren significativamente en el orden, localización y presencia de genes, haciendo de esta bacteria un microorganismo extraordinariamente diverso, tanto fenotípica como genéticamente. Ello reflejaría la plasticidad de su genoma (anónimo 2012), resultado a su vez de una alta propensión a sufrir mutaciones o adquirir ADN mediante fenómenos de transferencia genética horizontal que favorecerían sus posibilidades de adaptación a condiciones ambientales estresantes. En este sentido, la rápida y efectiva adquisición de resistencia a las fluoroquinolonas (EFSA,

2014), su asociación con protozoos (Snelling et al., 2005) o su adaptación a gran número de animales domésticos serían ejemplo de ello.

La reemergencia de la campilobacteriosis también podría asociarse con cambios relacionados con la susceptibilidad de la población. Hay evidencias de que la inmunidad adquirida como consecuencia de exposiciones sucesivas a *Campylobacter* spp. podría ejercer un importante papel en la protección frente a la enfermedad en edades adultas (Cawthraw et al., 2000). La mayor higienización de los alimentos y la consiguiente reducción del contacto con este agente podría estar detrás del incremento de su incidencia en la población adulta observado en el Reino Unido (Public Health England, 2012).

## SALMONELLA SPP.

Este es el segundo género bacteriano en cuanto al número de casos confirmados de zoonosis alimentarias en la UE, pero líder en cuanto a número de brotes provocados (EFSA, 2015). Los casos de salmonelosis en la UE han disminuido significativamente en los últimos años debido fundamentalmente a los programas de control de la salmonelosis aviar, basados en la vacunación, lo que ha permitido reducir la incidencia en la población de un serotipo en particular: *S. Enteritidis*. Sin embargo, se ha evidenciado la emergencia de *S. Typhimurium* 1.4.[5].12:i-, una variante de *S. Typhimurium* (Echeita et al., 1999; Laorden et al., 2010), el segundo serotipo en importancia, y que muestra un no tan evidente descenso en su incidencia (figura 2).



Una de las características más interesantes de este género es justamente la capacidad de determinados serotipos de ocupar los nichos ecológicos que han dejado otros serotipos. Así habría ocurrido inicialmente con *S. Enteritidis*, que ocupó el nicho dejado por *S. Gallinarum*, un serotipo que afectaba de forma exclusiva a las aves y que fue erradicado mediante programas sanitarios específicos (Rabsch et al., 2000). Considerando que existen más de 2.500 serotipos de *Salmonella*, el potencial de infección de este género sería pues enorme. De hecho, en la actualidad un gran número de brotes por *Salmonella* en EE. UU. están provocados por serotipos anteriormente poco frecuentes (Heidelberg, Braenderup, Stanley, etc.) (CDC, 2014).

Otras habilidades de este género para mantenerse en el ranking de las principales amenazas para la salud humana serían, por ejemplo, su capacidad no solo para contaminar vegetales tales como las tomateras, sino también para infectarlos y crecer en su interior (Zheng et al., 2013), así como para interactuar y transmitirse a través de insectos fitófagos (Soto-Arias et al., 2013 y 2014).

Además, como en el caso de *Campylobacter*, sería su plasticidad genética la principal responsable de su adaptación al estrés ambiental que le genera tanto el uso de antibióticos, como la utilización de productos para el control bacteriológico (ácidos, desinfectantes, calor, etc.). La prevalencia de resistencias antibióticas en este género es de las más altas. Así mismo, es bien conocido el incremento observado en los últimos años de la tolerancia de *Salmonella* a los ácidos, desinfectantes y otros productos utilizados como inhibidores microbianos en los alimentos, así como su tolerancia a variaciones térmicas u osmóticas, y su capacidad de promover la formación de biofilms (Dubois-Brissonnet, 2012). Todo ello ha dotado a esta bacteria de una gran resistencia ambiental.

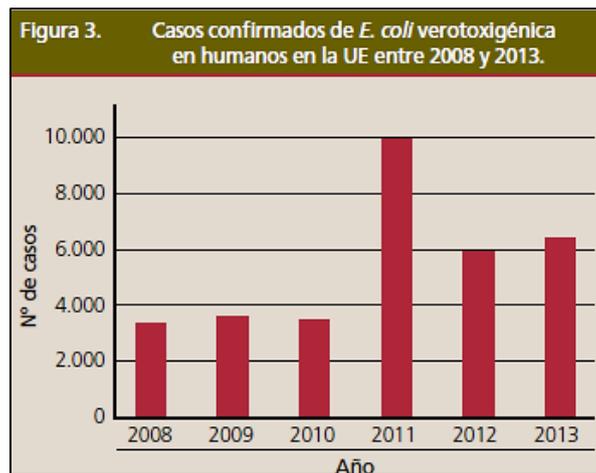
## ESCHERICHIA COLI VEROTOXIGÉNICA (VTEC)

*Escherichia coli* fue el ancestro de *Salmonella*, lo que sugiere que tienen mucho en común. Ambos géneros se caracterizan por su hábitat preferentemente intestinal, amplio rango de hospedadores y resistencia ambiental, lo que ya de por sí les garantiza su supervivencia. A diferencia de *Salmonella*, *E. coli* presenta cepas totalmente apatógenas, que incluyen algunas como parte de la flora intestinal necesaria del hombre.

De entre los grupos de *E. coli* patógenos, el que causa una mayor alarma es el compuesto por cepas productoras de toxinas Shiga (verotoxinas VT1 y VT2), responsables de una colitis hemorrágica que puede evolucionar a síndrome urémico hemolítico en niños y, a veces, ocasionar la muerte. El serotipo más característico y más vigila-

do es el O157:H7, aunque hay otros que también pueden causar la misma sintomatología (O26, O91, O103, etc.). Su principal reservorio es el ganado vacuno y los pequeños rumiantes (Ferens y Hovde, 2011).

En los últimos años la UE ha experimentado un incremento de los casos asociados con este grupo (figura 3), destacando el brote de 2011 en Alemania que causó más de medio centenar de muertos y que se relacionó con brotes de alholva o fenogreco (*Trigonella foenum-graecum*) contaminados. La particularidad de este brote fue que la bacteria causante era una cepa enteroagregativa (*E. coli* O104:H4), raramente aislada en humanos, animales y alimentos, que presentaba el gen productor de la toxina Shiga típico del serotipo O157:H7 (Safadi et al., 2012), lo que produjo un síndrome enterohemorrágico. Se trató por lo tanto de una nueva cepa, combinación de dos patotipos (grupos patógenos) diferentes. Este brote pone en evidencia la importancia que los fenómenos de transferencia genética horizontal tienen en el mantenimiento y emergencia de esta bacteria (Brzuszkiewicz et al., 2011). Esta “promiscuidad” bacteriana y la capacidad de estas cepas de encontrar nuevas rutas de infección a través de su adhesión y penetración mediante estructuras flagelares a la superficie de diferentes vegetales sin duda ha favorecido la reemergencia del patógeno.



### OTROS AGENTES BACTERIANOS DE INTERÉS

Otras bacterias patógenas transmitidas por alimentos que podrían considerarse reemergentes serían, por ejemplo, *Listeria monocytogenes* y *Clostridium difficile*. La primera es una bacteria que ya por sus características iniciales, psicrófila, de gran resistencia ambiental, capaz de infectar numerosas especies animales y extremadamente hábil para esquivar el sistema inmunitario e incluso adaptarse a desinfectantes (Sievers et al., 2014), supone una amenaza real ante la tendencia actual a consumir alimentos precocinados poco procesados y conservados a temperaturas de refrigeración. Aunque la prevalencia de resistencia a los antibióticos en *L. monocytogenes* parece todavía baja, otras listerias (*L. innocua*) presentan niveles de resistencia antimicrobiana superiores y podrían actuar como reservorios de genes de resistencia que podrían transferir a otras especies de *Listeria* (Gómez et al., 2014).

*Clostridium difficile* fue identificado como patógeno humano hacia 1975. Inicialmente asociado a infecciones nosocomiales, en los últimos años se ha incrementado su incidencia fuera de los hospitales. La identificación de cepas hipervirulentas resistentes a múltiples antimicrobianos en animales y en alimentos sugiere que existe el riesgo potencial de transmisión a los seres humanos. Aunque todavía sin evidencias científicas que demuestren de forma irrefutable que *C. difficile* puede ser adquirido a través de los alimentos o por el contacto con animales, la información laboratorial y epidemiológica existente así lo sugiere (Rodríguez-Palacios et al., 2013). Sin embargo, son todavía muchas las dudas sobre la epidemiología de esta infección y las razones de su emergencia.

[Volver a: Zoonosis](#)