

CARTA AL EDITOR

Rickettsia rickettsii* Y *Rickettsia typhi* EN HABITANTES DE UNA COMUNIDAD RURAL DEL SURESTE DE MÉXICO**Rickettsia rickettsii* AND *Rickettsia typhi* IN INHABITANTS FROM A RURAL COMMUNITY OF SOUTHEAST MEXICO**

Marco Torres-Castro^{1,a}, Enrique Reyes-Novelo^{1,a}, Henry Noh-Pech^{1,b}, Sokani Sánchez-Montes^{2,a}, Pablo Colunga-Salas^{2,a}, César Lugo-Caballero^{1,a}, Roger Iván Rodríguez-Vivas^{1,a}

¹ Universidad Autónoma de Yucatán, Mérida, México.

² Universidad Veracruzana, Veracruz, México.

^a Doctor en Ciencias; ^b ingeniero bioquímico.

El presente estudio forma parte de la tesis: Torres-Castro M.A Estudio ecoepidemiológico de la infección reciente con *Rickettsia* sp. en una comunidad rural de Yucatán, México [Tesis de Doctorado]. México: Campus de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Yucatán; 2019.

Sr. Editor. El género *Rickettsia* incluye bacterias del phylum Proteobacteria, de la subclase a-1 del orden Rickettsiales. Tradicionalmente, este género se divide en dos grandes clados: el grupo del tifo (GT) que incluye a *Rickettsia typhi* y *Rickettsia prowazekii* transmitidas por pulgas y piojos, y el grupo de las fiebres manchadas (GFM) que incluye más de 20 especies, entre ellas *Rickettsia rickettsii*, principalmente transmitidas por garrapatas «duras». Estas bacterias se caracterizan por ocasionar infección emergente o reemergente (según la especie que infecta) en personas y animales alrededor del mundo, conocidas como enfermedades rickettsiales o rickettsiosis⁽¹⁾. En el sureste de México han sido reportadas varias especies de *Rickettsia* en personas, animales y ectoparásitos de numerosas especies⁽²⁾, por lo que se considera una zona endémica y un «punto caliente» para estas bacterias. El objetivo del presente estudio fue describir la frecuencia de ADN de *Rickettsia* spp. en habitantes asintomáticos de una comunidad rural del sureste de México e identificar las especies involucradas en la infección a través del uso de análisis bioinformáticos.

Esta investigación fue aprobada por el Comité de Ética en Investigación del Centro de Investigaciones Regionales «Dr. Hideyo Noguchi», Universidad Autónoma de Yucatán (acta: CEI-007-2018). Adicionalmente, para la toma de muestras biológicas y resguardo de datos personales, se consideraron los estatutos de

Citar como: Torres-Castro M, Reyes-Novelo E, Noh-Pech H, Sánchez-Montes S, Colunga-Salas P, Lugo-Caballero C, et al. *Rickettsia rickettsii* y *Rickettsia typhi* en habitantes de una comunidad rural del sureste de México. Rev Peru Med Exp Salud Publica. 2022;39(1):124-5. doi: <https://doi.org/10.17843/rpmpesp.2022.391.10519>.

Correspondencia: Marco Antonio Torres Castro; antonio.torres@correo.uady.mx

Recibido: 13/01/2022 Aprobado: 09/03/2022 En línea: 18/03/2022

la Asamblea Médica Mundial de Helsinki y del Código Internacional de Ética Médica.

De marzo a abril de 2018 se trabajó con 128 habitantes (asintomáticos) de Maxcanú, Yucatán, México. A cada uno se les recolectó sangre periférica (5 mL en adultos, 3 mL en niños) en tubos BD-Vacutainer® con anticoagulante (EDTA-K2) y se conservó en una nevera con refrigerantes para su traslado al laboratorio. Las muestras se centrifugaron (15 000 revoluciones por minuto durante 15 minutos a 24 °C) para recolectar el paquete de glóbulos blancos que sirvió en la extracción de ADN total realizada con el kit QIAamp DNA Mini Kit® (QIAGEN®), protocolo «DNA Purification from liquids and fluids». Las muestras de ADN extraídos fueron evaluados en un espectrofotómetro NanoDrop-2000® (Thermo Scientific®) para determinar su concentración y pureza.

Para identificar ADN de *Rickettsia* en las muestras sanguíneas se realizaron dos PCR, una anidada y otra semianidada múltiple, dirigidas a la detección de los genes *17kDa* y *sca5*, respectivamente, utilizando las metodologías descritas previamente⁽³⁾. En todas las reacciones se consideraron controles positivos (ADN de *Rickettsia conorii*) y negativos (agua estéril). La electroforesis de los productos de ambas PCR se realizó en geles de agarosa (1%) teñidos con bromuro de etidio (8%).

Los amplificadores de *sca5* (no se consideraron amplificadores de *17kDa*) con los tamaños esperados (420 y 230 pares de bases para *R. rickettsii* y *R. typhi*, respectivamente) se purificaron con el kit Gel DNA Recovery (Zymoclean™) según las especificaciones estandarizadas, y se enviaron al laboratorio DIMYGEN® (Mérida, México) para su secuenciación (sentido y antisentido) por el método Sanger. Las secuencias obtenidas fueron editadas y alineadas con el software MEGA versión 7.0® (<https://www.megasoftware.net/>), y posteriormente comparadas, utilizando el algoritmo Megablast, con secuencias parciales de *sca5* pertenecientes a *Rickettsia*, previamente depositadas en GenBank (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>), para conocer sus porcentajes de identidad y cobertura.

Se identificó ADN de *Rickettsia* en 34,4% (44/128) de las muestras sanguíneas. Los resultados del análisis en GenBank arrojaron lo indicado en la Tabla 1. Como puede confirmarse, siete secuencias presentaron identidad y cobertura para *R. rickettsii* y dos para *R. typhi*.

Se han reportado casos aislados de infección con *R. typhi*^(4,5) y *R. rickettsii*⁽⁶⁾ en habitantes y animales de Yucatán; no obstante, los hallazgos presentados son importantes debido a que se evidencia la infección (bacteriemia) con dos especies de *Rickettsia* en una misma población estudiada de asintomáticos, lo que representa avances en el estudio epidemiológico y el abordaje clínico de casos de rickettsiosis en el sureste de México. Los cambios en el nicho ecológico, la circulación continua de vectores (garrapatas y pulgas), la presencia de reservorios (animales) y hospederos accidentales (humanos) que mantienen los

Tabla 1. Porcentajes de cobertura e identidad mostrados por el análisis bioinformático con Megablast, especies homólogas de *Rickettsia* y número de acceso de GenBank para las secuencias homólogas con las secuencias obtenidas de los amplificadas de *sca5* en una población asintomática del sureste de México.

Código de identificación de las secuencias de los amplificadas de <i>sca5</i>	% de identidad y cobertura mostrados por Megablast	Especies homólogas de <i>Rickettsia</i>	Número de acceso GenBank para las secuencias homólogas con las secuencias obtenidas de los amplificadas de <i>sca5</i>
MaxSH020	99,75-100	<i>Rickettsia rickettsii</i>	CP018914.1, CP018913.1, CP006010.1, CP006009.1, CP000766.3
MaxSH024	99,13-100	<i>Rickettsia rickettsii</i>	CP018914.1, CP018913.1, CP006010.1, CP006009.1, CP000766.3
MaxSH028	99,7-100	<i>Rickettsia rickettsii</i>	CP018914.1, CP018913.1, CP006010.1, CP006009.1, CP000766.3
MaxSH030	99,12-100	<i>Rickettsia rickettsii</i>	CP018914.1, CP018913.1, CP006010.1, CP006009.1, CP000766.3
MaxSH032	92,49-100	<i>Rickettsia rickettsii</i>	CP018914.1, CP018913.1, CP006010.1, CP006009.1, CP000766.3
MaxSH036	96,66-100	<i>Rickettsia rickettsii</i>	CP018914.1, CP018913.1, CP006010.1, CP006009.1, CP000766.3
MaxSH037	99,75-100	<i>Rickettsia rickettsii</i>	CP018914.1, CP018913.1, CP006010.1, CP006009.1, CP000766.3
MaxSH085	91,26-97	<i>Rickettsia typhi</i>	LS992663.1, CP003398.1, CP003397.1, HQ236390.1, AE017197.1
MaxSH087	96,23-99	<i>Rickettsia typhi</i>	LS992663.1, CP003398.1, CP003397.1, HQ236390.1, AE017197.1

ciclos de transmisión de las distintas especies de *Rickettsia* ^(2,3) en Yucatán, podrían estar asociados al presente reporte.

Dentro de las limitaciones del estudio puede mencionarse que se enviaron a secuenciación únicamente nueve productos positivos, lo cual pudo limitar la identificación de más especies de *Rickettsia* involucradas en la infección. Otra limitante es la falta de seguimiento clínico y la subsecuente generación de datos en las personas positivas a la presencia de ADN de *Rickettsia*. Estos datos son relevantes para mejorar el abordaje y diagnóstico de las rickettsiosis en Yucatán.

Se encontraron dos especies de *Rickettsia* en personas asintomáticas del sureste de México. Se recomienda realizar vigilancia activa y control de vectores (garrapatas y pulgas) para reducir el riesgo de transmisión de *Rickettsia* en los habitantes y animales domésticos de las comunidades de Yucatán ⁽³⁾, así como realizar estudios para un mejor conocimiento de los protagonistas del ciclo de las rickettsiosis y disminuir la incidencia de estas enfermedades en el sureste de México.

Agradecimientos: a Karina López-Ávila, Raúl Tello-Martín, Iris Trinidad Martínez y Ana Rejón-Magaña, por su apoyo en la toma de muestras biológicas. Enrique Reyes Novelo agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) de México (50012).

Contribuciones de los autores: MTC condujo la investigación y redactó y aprobó la versión final del manuscrito. ERN y RIRV participaron en la conceptualización de la investigación. HNP realizó el trabajo de laboratorio. SSM y PCS realizaron el análisis bioinformático. CLC participó en la conceptualización de la

investigación. Todos los autores participaron en la revisión de la versión sometida del manuscrito.

Conflicto de interés: ninguno.

Financiamiento: esta investigación fue financiada por el Laboratorio de Enfermedades Emergentes y Reemergentes del Centro de Investigaciones Regionales «Dr. Hideyo Noguchi» y el Laboratorio de Parasitología de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, ambos de la Universidad Autónoma de Yucatán.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Oteo JA, Nava S, Sousa Rd, Mattar S, Venzal JM, Abarca K, et al. Guías Latinoamericanas de la RIICER para el diagnóstico de las rickettsiosis transmitidas por garrapatas. Rev Chilena Infectol. 2014;31(1): 54-65. doi: 10.4067/S0716-10182014000100009.
- Sánchez-Montes S, Colunga-Salas P, Lozano-Sardaneta YN, Zazueña-Islas HM, Ballados-González GG, Salceda-Sánchez B, et al. The genus *Rickettsia* in Mexico: Current knowledge and perspectives. Ticks Tick Borne Dis. 2021;12(2): 101633. doi: 10.1016/j.ttbdis.2020.101633.
- Torres-Castro M, Reyes-Novelo E, Noh-Pech H, Tello-Martín R, Lugo-Caballero C, Dzúl-Rosado K, et al. Personal and household factors involved in recent *Rickettsia* exposure in a rural population from Yucatán, Mexico. Zoonoses Public Health. 2020;67(5): 506-515. doi: 10.1111/zph.12714.
- Zavala-Castro JE, Zavala-Velázquez JE, Sulú Uicab JE. Murine typhus in child, Yucatan, Mexico. Emerg Infect Dis. 2009;15(6): 972-974. doi: 10.3201/eid1506.081367.
- Martínez-Ortiz D, Torres-Castro M, Koyoc-Cardena E, López K, Panti-May A. Detección molecular de *Rickettsia typhi* en perros de una comunidad rural de Yucatán, México. Biomedica. 2016;36(Supl.1):45-50. doi: 10.7705/biomedica.v36i2.2913.
- Zavala-Castro JE, Dzúl-Rosado KR, León JJ, Walker DH, Zavala-Velázquez JE. An increase in human cases of spotted fever rickettsiosis in Yucatan, Mexico, involving children. Am J Trop Med Hyg. 2008;79(6): 907-910.