

Berta Pino Calm¹
Laura Martínez-García²
Concepción Beltrán
Tacoronte¹
Julia Alcoba Florez¹

Infradiagnóstico de linfogranuloma venéreo

¹Unidad de Microbiología y Parasitología. Servicio de Análisis Clínicos Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria
²Servicio de Microbiología Hospital Universitario Ramón y Cajal and Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria, Madrid.

Article history

Received: 4 August 2019; Revision Requested: 25 September 2019; Revision Received: 26 September 2019; Accepted: 3 October 2019; Published: 2 January 2020

Sr. Editor: *Chlamydia trachomatis* (CT) es la principal infección de transmisión sexual (ITS) a nivel mundial y va en aumento cada año [1]. Los serovares L1, L2 y L3 invaden las capas de tejido conectivo submucoso tras un período de incubación de 3-30 días, aparece una pápula indolora que puede ulcerarse y posteriormente invadir el tejido linfático causando linfogranuloma venéreo (LGV) [2].

Esta enfermedad era propia de áreas tropicales y subtropicales, e infrecuente en Europa antes de 2003, cuando la mayoría de los casos eran importados [3]. Desde 2003 esta infección ha alcanzado una distribución más amplia y actualmente está lejos de ser controlada y con probabilidades de establecerse en la población europea [4]. En el último informe del ECDC, las cifras están subestimadas ya que Holanda, Francia y Reino Unido, son responsables del 86% de los casos y en otros países los datos son muy escasos. Esta disparidad es consecuencia por un lado de la escasa implementación de los sistemas de genotipado para la detección de los serovares L1-L3 [1].

Existe un patrón epidemiológico bien definido, suelen ser hombres que practican sexo con hombres (HSH) de entre 35 y 44 años y fuertemente asociado a la infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) [1]. También está documentada la asociación entre LGV y otras ITS [5].

Desde enero de 2019 en el servicio de Microbiología del Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria está implantada una técnica basada en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) multiplex a tiempo real [Allplex Genital ulcer Assay(Segeene®)], que detecta 7 patógenos productores de úlceras genitales[Citomegalovirus, *Virus herpes simple 1 y 2* (VHS), *Virus Varicela Zoster*, *Treponema pallidum*, *Haemophilus ducrey* y Linfogranuloma venéreo (L1-L3)]. Desde su puesta en marcha, se han detectado 3 casos.

Todos los casos eran HSH, de mediana de edad 43 años (24-55) e infectados por el VIH en tratamiento.

En el primer caso, el paciente presentaba una fisura anal atípica, a filiar junto con rectorragia y condilomas. En el proceso quirúrgico se observó una lesión ulcerosa en el canal anal muy friable y sugestiva de proctitis.

El segundo caso, el paciente tenía una lesión perianal no supurativa, no dolorosa de unos 15 días de evolución junto con aparición de adenopatías regionales.

Y en el tercer caso, el paciente presentaba rectorragias y dolor abdominal de varias semanas de evolución. Posteriormente se le realizó colonoscopia con toma de biopsia por lesión ulcerosa inespecífica que se estudio para ITS.

Las muestras rectales recibidas, fueron procesadas para cultivo bacteriológico y detección de ácido nucleicos mediante la PCR de Allplex STI-7(Segeene®) de CT, *Neisseria gonorrhoeae* (NG), *Mycoplasma hominis* (MH), *Mycoplasma genitalium* (MG), *Ureaplasma urealyticum* (UU), *Ureaplasma parvum* (UP), *Trichomonas vaginalis* (TV). Las muestras de úlceras se estudiaron mediante la PCR de Allplex Genital ulcer Assay.

Con la colaboración del servicio de Microbiología del Hospital General Universitario Ramón y Cajal (Madrid), se estudiaron las regiones *pmpH* y *OmpA* con posterior secuenciación para conocer las serovariantes de LGV (tabla 1).

En todas las muestras rectales/anales se detectó CT mediante la PCR Allplex STI-7 y LGV mediante Allplex Genital ulcer Assay.

Los dos primeros casos tuvieron coinfecciones por otro patógeno causantes de ITS, el primero de ellos presentaba coinfección con VHS tipo 2, MH, genotipos de alto riesgo de virus del papiloma humano (VPHhr) 39 y 58 y de genotipo de bajo riesgo 11, causante de condilomas. El segundo caso presentó coinfección con UU y VPHhr 68. No se encontraron coinfecciones con virus de hepatitis o *Treponema pallidum*.

Correspondencia:
Berta Pino Calm
Unidad de Microbiología y Parasitología. Servicio de Análisis Clínicos
Ctra. del Rosario, 145, 38010 Santa Cruz de Tenerife. España Hospital Universitario Nuestra Señora de Candelaria.
Tlfno: 922 602 239
E-mail: bpinoalm@gmail.com

Tabla 1		
Serovariantes de los tres casos.		
	<i>pmpH</i>	<i>OmpA</i>
Paciente 1	LGV	D
Paciente 2	LGV	L2
Paciente 3	LGV	Variante L2b

Todos fueron tratados con doxiciclina 100 mg, oral durante 21 días, resolviéndose la clínica.

Los resultados de los serovares, L2 y L2b son los más frecuentes encontrados en Europa [3]. En cuanto al serovar presente en el paciente 1, lo más probable es que se trate de una recombinación entre un serogrupo L y D [6]. Este serovar se ha asociado a patrones de transmisión en HSH [7].

Al encontrar estos nuevos casos, queremos remarcar la importancia de conocer la epidemiología local y recomendar la necesidad de implementar plataformas diagnósticas que permitan la detección de LGV; así como fomentar una búsqueda activa en aquellos pacientes con clínica sugestiva de proctitis, estreñimiento, rectorragia, leucocituria y urocultivo negativo en hombres jóvenes, o dolor abdominal de probable origen ginecológico en mujeres jóvenes. Además, se debe tener en cuenta los factores de riesgo como VIH y prácticas sexuales de HSH.

AGRADECIMIENTOS

Agradecimiento al Proyecto FIS PI16/01242.

FINANCIACIÓN

Los autores declaran que no han recibido financiación para la realización de este estudio.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

BIBLIOGRAFÍA

- Galán Montemayor JC, Lepe Jiménez JA, Otero Guerra L, Serra Pladevall J, Vázquez Valdés F. Diagnóstico microbiológico de las infecciones de transmisión sexual y otras infecciones genitales. 2019. 24a. Vázquez Valdés F (coordinador). Procedimientos en Microbiología Clínica. Cercenado Mansilla E, Cantón Moreno R (editores). Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y microbiología Clínica (SEIMC). 2019. Disponible en: <http://www.seimc.org/contenidos/documentoscinetíficos/procedimientosmicroiologia/seimc-procedimiento24a.pdf>
- Quint KD, Bom RJ, Bruisten SM, van Doorn LJ, Nassir Hajjipour N, Melchers WJ et al. Comparison of three genotyping methods to identify *Chlamydia trachomatis* genotypes in positive men and women. *Mol Cell Probes*. 2010;24(5):266-70. doi: 10.1016/j.mcp.2010.04.007.
- Díaz A, Ruiz-Algueró M, Hernando V. Linfogranuloma venéreo en España, 2005-2015: revisión de la bibliografía. *Med Clin (Barc)*. 2018;151(10):412-417. doi: 10.1016/j.medcli.2018.05.036
- Piñero L, et al. Infecciones por *Chlamydia trachomatis* (incluye linfogranuloma venéreo) y *Mycoplasma genitalium*. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2019; 37(8):525-534 .doi.org/10.1016/j.eimc.2019.01.014
- European Centre for Disease Prevention and Control. Sexually transmitted infections in Europe, 1990-2009. Stockholm: ECDC; 2011. doi 10.2900/52553
- Rodríguez-Domínguez M, González-Alba JM, Puerta T, Menéndez B, Sánchez-Díaz AM, Cantón R, et al. High Prevalence of Co- Infections by Invasive and Non-Invasive *Chlamydia trachomatis* Genotypes during the Lymphogranuloma Venereum Outbreak in Spain. *PLoS One*. 2015;10(5):e0126145. doi: 10.1371/journal.pone.0126145.
- Bom RJ, van der Helm JJ, Bruisten SM, Grünberg AW, Sabajo LO, Schim van der Loeff MF, et al. The role of Surinamese migrants in the transmission of *Chlamydia trachomatis* between Paramaribo, Suriname and Amsterdam, The Netherlands. *PLoS One*. 2013;8(11):e77977. doi: 10.1371/journal.pone.0077977.