

Revista de revistas



□ CASANOVA C., ANDRIGHETTI M. T. M., SAMPAIO S. M. P., MARCORIS M. L. G., COLLA-JACQUES F. E., PRADO A. P. (2013). **Larval Breeding Sites of *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae) in Visceral Leishmaniasis Endemic Urban Areas in Southeastern Brazil** (*Criaderos naturales de *Lutzomyia longipalpis* (Diptera: Psychodidae) en áreas urbanas endémicas para *Leishmaniasis visceral* en el Sudeste de Brasil*). *PLoS Negl Trop Dis.* 19;7(9):e2443. doi: 10.1371/journal.pntd.0002443

Superintendência de Controle de Endemias, Secretaria de Estado da Saúde de São Paulo, São Paulo, Brasil; Departamento de Biologia Animal, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, Brasil. e-mail: casanovaclus@gmail.com

Introducción: La falta de informaciones sobre los estadios inmaduros de los flebótomos y sus criaderos naturales preferidos ha resultado en el enfoque del control vectorial hacia el estadio adulto mediante la aspersión de insecticidas en los domicilios. Esta estrategia, junto con el tratamiento de casos humanos y la eutanasia de perros infectados se ha mostrado ineficiente, siendo que la *Leishmaniasis visceral* continua expandiéndose en Brasil. Por este motivo, identificar los criaderos de los flebótomos es esencial para la comprensión de la dinámica de la población de vectores y podría ser usado para el desarrollo de nuevas medidas de control. Metodología y resultados principales: En el presente estudio, fue realizada una búsqueda intensiva de los criaderos de *Lutzomyia longipalpis* en áreas urbanas y periurbanas de dos municipios, Promissão y Dracena, que son endémicos para *Leishmaniasis visceral* en el estado de São Paulo, Brasil. Durante un período exploratorio, un total de 962 trampas de emergencia de suelo fueron usadas para investigar posibles microhabitats de criaderos peridomiciliares tales como: pequeñas hojas debajo de arboles, gallineros, otros refugios de animales y restos de materiales expuestos. Un total de 160 flebótomos fueron colectados y 148 (92.5%) fueron *Lu. longipalpis*.

En Promissão la proporción de gallineros positivos fue significativamente mayor que en hojas debajo de arboles. Los gallineros presentaron la más alta densidad de *Lu. longipalpis* en ambos municipios: 17,29 y 5,71 especímenes por metro cuadrados muestreado en Promissão y Dracena, respectivamente. Un patrón de distribución espacial agregado fue identificado en las trampas de emergencia localizadas en los gallineros. Conclusión: Los resultados indican que los gallineros son los criaderos preferenciales de *Lu. longipalpis* en las áreas del presente estudio. De esta manera, medidas de control dirigidas a los estadios inmaduros en gallineros podrían tener un gran efecto en la reducción del número de adultos y consecuentemente en la tasa de transmisión de *Leishmania (Leishmania) infantum chagasi*.

□ GRILLET M.E., EL SOUKI M., LAGUNA F., LEÓN, J.R. (2014). **The periodicity of *Plasmodium vivax* and *Plasmodium falciparum* in Venezuela** (*La periodicidad del *Plasmodium vivax* y *Plasmodium falciparum* en Venezuela*). *Acta Tropica.* 129: 52-60.

Laboratorio de Biología de Vectores y Parásitos, Instituto de Zoología y Ecología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela, Apartado Postal 47072, Caracas 1041-A, Venezuela

El objetivo de este estudio fue investigar la periodicidad de la incidencia de malaria producida por *Plasmodium vivax* y *P. falciparum* durante los últimos 20 años (1990-2010) en Venezuela. Adicionalmente, se determinó si las epidemias de esta enfermedad se relacionaban con la variabilidad climática local y con las anomalías climáticas regionales tales como la Oscilación del sur “El Niño” (ENSO). La periodicidad de la malaria mostró ciclos únicos que variaron de acuerdo a la especie de parásito y a la zona endémica bajo estudio. Los ciclos mostraron una periodicidad de 2 a 6 años. La variabilidad interanual de los casos de malaria fue coherente con aquella del ENSO, principalmente a las escalas comprendidas de los 3-6 años. Adicionalmente, los casos de malaria

se intensificaron aproximadamente 1 año después de este evento, enfatizando el papel de El Niño sobre los patrones epidémicos de la malaria. La lluvia medió en el efecto del ENSO sobre la transmisión de la malaria a nivel local. Específicamente, las lluvias de fin de estación tuvieron un papel crítico en la dinámica temporal de *Plasmodium*. La relación clima-malaria fue compleja y heterogénea en el tiempo, variando en intensidad de acuerdo a la zona de estudio y especie de *Plasmodium*. Al identificar los ciclos temporales de la malaria se ha dado un primer paso para la identificación de años de mayor riesgo en Venezuela. Los presentes resultados enfatizan la importancia de analizar datos a gran resolución espacial y temporal a fin de entender con mayor claridad la dinámica de transmisión de la malaria

□ SUN P.^{1,2}, GARCIA J.³, COMACH G.⁴, VAHEY M. T.⁵, WANG Z.², FORSHEY B. M.³, MORRISON A.C.^{3,6}, SIERRA G.⁴, BAZAN I.³, ROCHA C.³, VICARROMERO S.³, BLAIR P. J.⁷, SCOTT T. W.⁶, CAMACHO D. E.⁴, OCKENHOUSE C. F.⁸, HALSEY E.S.³, KOHEL T. J.¹ (2013). **Sequential waves of gene expression in patients with clinically defined dengue illnesses reveal subtle disease phases and predict disease severity** (*Ondas secuenciales de expresión genética en pacientes con dengue revelan fases sutiles de la enfermedad y predicen la severidad de la dolencia*). *PLoS Negl. Trop. Dis.* 7(7): e2298. doi:10.1371/journal.pntd.0002298.

¹Naval Medical Research Center, Silver Spring, Maryland, USA; ²Henry M. Jackson Foundation for the Advancement of Military Medicine, Rockville, Maryland, USA; ³US Naval Medical Research Unit No. 6, Lima, Peru; ⁴Laboratorio Regional de Diagnóstico e Investigación del Dengue y otras Enfermedades Virales (LARDIDEV), Instituto de Investigaciones Biomédicas de la Universidad de Carabobo (BIOMED-UC), Maracay, Venezuela; ⁵Division of Retrovirology, Walter Reed Army Institute of Research, Silver Spring, Maryland, USA; ⁶Department of Entomology, University of California at Davis, Davis, California, USA; ⁷US Naval Medical Research Unit No. 2 - Pacific, American Embassy Singapore, Singapore; ⁸Division of Malaria Vaccine Development, Walter Reed Army Institute of Research, Silver Spring, Maryland, USA.

Antecedentes: Las formas clínicas de las infecciones por el virus dengue (DENV) varían desde las leves, o moderadas (sin signos de alarma según la clasificación actual), como la fiebre de dengue (FD) hasta las severas (con signos de alarma según la clasificación actual) como la fiebre hemorrágica del dengue (FHD) o el síndrome de choque por dengue (SCD). Hasta hoy, se mantienen pobremente caracterizados los cambios en la expresión génica del

hospedador que ocurren temporalmente durante la progresión de la enfermedad. De la misma manera se desconocen los marcadores diagnósticos tempranos de la FHD. Metodología/Hallazgos principales: En este estudio investigamos la expresión génica del hospedador en una cohorte de sujetos infectado por el DENV, diagnosticados clínicamente de padecer FD (n= 51) y FHD (n = 13) procedentes de Maracay, Venezuela. Para ello, colectamos de estos sujetos muestras consecutivas de sangre desde el momento de su inclusión en el estudio hasta la fase afebril temprana y luego una muestra puntual en la fase convaleciente. Tomando como línea de base, la expresión génica ocurrida en la fase convaleciente, se pudo definir dos grupos distintos: 1) el grupo de expresión génica “temprana”, que incluyó los genes asociados a la inmunidad innata, al interferón tipo I, a las señales mediadas por citoquinas, a la quimiotaxis y a la activación de complemento, los cuales alcanzaron el pico de máxima actividad entre los días 0 y 1 y declinaron entre los días 3 y 4; 2) el grupo de expresión génica “tardía”, constituido por los genes asociados a ciclo celular, que se activan a partir del 4to día y alcanzan el pico máximo de actividad entre los días 5 y 6. La activación de los genes de la respuesta inmunológica innata y adaptativa coincidió con la desactivación de los genes asociados con la replicación viral ocurrida entre los días 0 y 3. Aun más, en comparación con las pacientes de FD, los de FHD tuvieron una menor expresión de los genes asociados con el procesamiento y la presentación de antígenos, de los receptores de la clase II del complejo de histocompatibilidad mayor (MHC class II, por su abreviación en inglés), células asesinas naturales (NK, por su abreviación en inglés) y la activación de células T. Estos resultados sugieren que la inmunidad innata y adaptativa que ocurre en las fases tempranas del dengue son vitales para suprimir la replicación del DENV y determinar el pronóstico de severidad de la enfermedad. Los marcadores génicos de la FHD pudieron ser identificados desde el primer día de inicio de la enfermedad. Conclusiones/ Significado del estudio: La investigación reveló un cuadro amplio y dinámico de expresiones génicas en los hospedadores infectados por el DENV. Tales respuestas pueden ser comprendidas ahora como dos fases distintivas con marcadores transcripcionales únicos. Estos marcadores de severidad identificados entre los días 1 y 3 de inicio del dengue pueden tener aplicación para el desarrollo de herramientas para el diagnóstico molecular temprano de la FHD.