

Expertos consultados

Pedro Aso¹

<https://orcid.org/0000-0003-3971-9197>

pedroaso@gmail.com

Omar Cantillo-Barraza²

<https://orcid.org/0000-0002-1867-3663>

omarcantillo@gmail.com

Elizabeth Ferrer³

<https://orcid.org/0000-0002-4173-6642>

elizabeth.ferrer@gmail.com

Leidi Herrera⁴

<https://orcid.org/0000-0001-8515-2078>

herrerleidi@gmail.com

Alexis Mendoza-León⁵

<https://orcid.org/0000-0002-4907-9915>

amendoza50@gmail.com

¹Grupo de Bioquímica e Inmunología de Hemoparásitos. Departamento de Biología Celular, Universidad Simón Bolívar; Venezuela

²Grupo de Investigación en Enfermedades Tropicales del Ejército (GINETEJ), Laboratorio de Referencia e Investigación, Dirección de Sanidad Ejército, Colombia.

³Instituto de Investigaciones Biomédicas “Dr. Francisco J. Triana Alonso” (BIOMED) y Departamento de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud Sede Aragua, Universidad de Carabobo, Venezuela.

⁴Laboratorio de Biología de Vectores y Parásitos. Instituto de Zoología y Ecología Tropical (IZET), Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela (UCV); Venezuela.

⁵Laboratorio de Bioquímica y Biología Molecular de Parásitos. Instituto de Biología Experimental (IBE), Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela; Venezuela.

1. Genome analysis of the fatal tapeworm *Sparganum proliferum* unravels the cryptic lifecycle and mechanisms underlying the aberrant larval proliferation. bioRxiv doi: <https://doi.org/10.1101/2020.05.19.105387> pre print mayo 2020.

El análisis del genoma de la tenia de resolución fatal, Sparganum proliferum, desentraña el ciclo de vida críptico y los mecanismos subyacentes a la proliferación larvaria aberrante.

Taisei Kikuchi, Mehmet Dayi, Vicky L. Hunt, Atsushi Toyoda, Yasunobu Maeda, Yoko Kondo, Belkisyole Alarcon de Noya, Oscar Noya, Somei Kojima, Toshiaki Kuramochi, Haruhiko Maruyama

En este artículo participan dos investigadores de Venezuela, la Dra. Belkisyole Alarcón de Noya, y el Dr. Oscar Noya, ambos del Instituto de Medicina Tropical de la Universidad Central de Venezuela. El artículo trata sobre el análisis del genoma del parásito *Sparganum proliferum*, un parásito que prolifera en humanos e invade tejidos y órganos y aunque sólo se han informado casos dispersos, la infección por *S. proliferum* es mortal. El artículo es de suma importancia, ya que la filogenia y el ciclo de vida de *S. proliferum* siguen siendo un enigma. Los autores secuenciaron todo el genoma de *S. proliferum*, cepa Venezuela. El parásito se aisló originalmente de un paciente venezolano en 1981 y se ha mantenido mediante pasajes en serie utilizando ratones BALB/c mediante inyecciones intraperitoneales de los plerocercoides. Se investigaron las relaciones filogenéticas entre *S. proliferum* y otras especies de cestodos, y se examinaron los mecanismos de patogenicidad. Además, se realizaron análisis del transcriptoma de larvas plerocercoides de *S. proliferum* para identificar genes implicados en la reproducción asexual en el hospedador. La secuencia del genoma confirmó que la secuencia genética de *S. proliferum* es distinta de la de *Spirometra erinaceieuropaei*, parásito estrechamente relacionado. Además, los autores reportan que la coordinación de la matriz extracelular no ordinal permite la reproducción asexual en el hospedador y la pérdida de madurez sexual en *S. proliferum* está relacionada con su patogenicidad fatal en humanos.

La secuenciación del genoma de este raro parásito es de gran valor para los estudios futuros de biología y parasitismo de la esta tenia pseudofilidea.

2. Toxoplasmosis y Enfermedad de Chagas: seroprevalencia y factores de riesgo en embarazadas del HUC. Bol Venez Infectol Vol. 31 - N° 1, enero-junio 2020

Mendoza Millán Daniela Lucía, Quintero Rodríguez Adriana, Alarcón de Noya Belkisyolé, Díaz Bello Zoraida, Mauriello Luciano, Colmenares Cecilia, Gutiérrez Humberto

En este artículo participan solo investigadores de Venezuela; de la Escuela de Medicina “Luis Razetti”, del Instituto de Medicina Tropical y del Ambulatorio Docente del Hospital Universitario de Caracas, dependencias todas de la Universidad Central de Venezuela. Este estudio tuvo como objetivo determinar la seroprevalencia de *Trypanosoma cruzi* (T. cruzi) y *Toxoplasma gondii* (T. gondii), en las embarazadas de la consulta prenatal del Ambulatorio Docente del Hospital Universitario de Caracas. El estudio se realizó en 300 pacientes, donde el 31,7% de las embarazadas presentó seropositividad para anticuerpos IgG específicos anti-T. gondii, (avidez de IgG mayor al 50 % e IgM negativa), indicando que se encontraban en la fase crónica de la infección. Los autores determinaron también los factores de riesgo para la transmisión de T. gondii y encontraron elevado porcentaje de pacientes que refería el contacto con heces de gato (46,3 %) y el consumo de agua directamente del grifo (32,6 %), sin embargo, no se encontró relación estadísticamente significativa entre los factores de riesgo estudiados con la seropositividad de las pacientes. En el caso de la enfermedad de Chagas demostraron la presencia de factores de riesgo en la población estudiada, como contacto con triatominos (51,5 %) y viviendas cercanas a vegetación (49 %), sin embargo, solo una embarazada (0,3 %) demostró seropositividad para T. cruzi sin presentar relación con los factores de riesgo estudiados. Se evidenció una seroprevalencia muy frecuente para T. gondii, algo común en la población venezolana y mundial y menor para T. cruzi, con factores de riesgo para la transmisión. En el caso de toxoplasmosis todas las embarazadas seropositivas estaban en la fase crónica de la enfermedad, lo cual las previene de una primoinfección tan peligrosa en el embarazo. En el caso de las embarazadas seronegativas es importante el seguimiento y control para evitar una primoinfección. Los autores discuten ampliamente sobre los posibles factores de riesgo y la necesidad de control de estas enfermedades y aporta datos de seroprevalencia muy necesarios, ya que se tiene muy poco conocimiento de cifras de seroprevalencia en distintos sectores de la población.

3. *Trypanosoma cruzi* loop-mediated isothermal amplification (*Trypanosoma cruzi* Loopamp) kit for detection of congenital, acute and Chagas disease reactivation. PLoS Negl Trop Dis. 2020 Aug 14;14(8):e0008402. doi: <https://www.researchgate.net/deref/http%3A%2F%2Fdx.doi.org%2F10.1371%2Fjournal.pntd.0008402>

Estuche de amplificación isotérmica mediada por asa de Trypanosoma cruzi (Trypanosoma cruzi Loopamp) para la detección de enfermedad de Chagas en fase aguda, por infección congénita y reactivación.

Susana A. Besuschio, Albert Picado, Arturo Muñoz-Calderón, Diana P Wehrendt, Marisa Fernández, Alejandro Benatar, Zoraida Díaz-Bello, Cecilia Irurtia, Israel Cruz, Joseph M Ndung'u, María L Cafferata, Graciela Montenegro, Sergio Sosa Estani, Raúl H. Lucero, Belkisyole Alarcón de Noya, Silvia A Longhi, Alejandro G Schijman.

En este artículo participan dos investigadores de Venezuela, las Dras. Zoraida Diaz-Bello y Belkisyole Alarcón de Noya, y el candidato a doctor, Arturo Muñoz, todos del Instituto de Medicina Tropical de la Universidad Central de Venezuela. El artículo trata sobre el desarrollo de un estuche para el diagnóstico de la enfermedad de Chagas (*Trypanosoma cruzi* Loopamp), listo para usar y que no requiere de gran infraestructura de laboratorio. Los autores evaluaron su precisión diagnóstica para la detección de la enfermedad de Chagas (EC) en diferentes escenarios epidemiológicos y clínicos. En este estudio retrospectivo, se utilizaron muestras de sangre venosa (con anticoagulante), sangre de punción en el talón en papel de filtro o líquido cefalorraquídeo de 30 bebés nacidos de madres seropositivas (13 con EC congénita y 17 no infectados), cuatro receptores de órganos de donantes de EC, seis casos de infección oral después del consumo de jugo de guayaba contaminado y seis pacientes coinfectados con VIH en riesgo de reactivación de la EC (N = 46 muestras de sangre y 1 muestra de LCR). Las muestras se analizaron con el estuche de T. cruzi Loopamp (Tc LAMP) y PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR). La precisión de T. cruzi Loopamp la estimaron tomando como referencia la definición de caso en los diferentes grupos. Aplicaron el coeficiente kappa de Cohen (κ) para medir la concordancia entre T. cruzi Loopamp (prueba a valorar) y qPCR (prueba de referencia). La sensibilidad y especificidad del estuche T. cruzi Loopamp en las muestras de sangre de los grupos clínicos combinados fue del 93% y 100% respectivamente. La concordancia entre T. cruzi Loopamp y qPCR fue casi perfecta ($\kappa = 0,92$). El estuche T. cruzi Loopamp fue sensible y específico para la detección de la infección por T. cruzi, tanto en muestras con anticoagulante, como muestras secas en papel de filtro, independientemente de que estuviesen infectadas con poblaciones de parásitos TcI, TcII, TcV o TcVI. Por lo que el estuche de T. cruzi Loopamp parece potencialmente útil para la detección rápida de T. cruzi en casos de enfermedad de Chagas en fase aguda, por infección congénita y en casos de reactivación. Ojalá

podamos disponer de esta técnica de diagnóstico en nuestro país, donde actualmente existen varios contextos epidemiológicos complejos.

4. Utility of a Fluid Library with Samples of Humans, Reservoirs and Vectors Collected in Filter Paper, for Retrospective Diagnosis of American Trypanosomiasis in Endemic Areas of Venezuela. DOI <https://doi.org/10.1007/s11686-020-00281-4>

Utilidad de una Biblioteca de Fluidos con Muestras de Humanos, Reservorios y Vectores Recogidos en Papel de Filtro, para el Diagnóstico Retrospectivo de la Tripanosomiasis Americana en Áreas Endémicas de Venezuela

Mariela López, Leidi Herrera, Antonio Morocoima, María Gabriela Rivera, Mercedes Viettri, María Lares & Elizabeth Ferrer. Acta Parasit

Dentro de las parasitosis más relevantes del continente americano, la enfermedad de Chagas ocupa un lugar muy importante en términos de salud pública tanto por los efectos crónicos que produce, como por las dificultades que con lleva la consolidación de su control. El aumento de reportes cada vez más seguidos de focos que involucran humanos en lugares considerados no endémicos, al igual que la presencia de vectores secundarios que configuran riesgos potenciales de transmisión en zonas donde anteriormente poco se consideraban; como en de alturas superiores a 2.000msnm o grandes centros urbanos, demandan la necesidad de refinar metodologías empleadas para los estudios en campo. Si bien, los métodos parasitológicos tradicionales (observación directa, hemocultivo, xenodiagnóstico, xenocultivo, etc) han sido un pilar fundamental para el conocimiento de la epidemiología y la ecología de esta enfermedad, los problemas en la sensibilidad que estos presentan impiden muchas veces tener un panorama que se aproxime a la realidad ecológica. Los aportes realizados por investigadores venezolanos liderados por la Dra. Leidi Herrera y la Dra. Elizabeth Ferrer, dejan claro la necesidad de acompañar las metodologías tradicionales de pruebas moleculares que mejoren la sensibilidad y permitan una mejor comprensión de las dinámicas de transmisión. Adicionalmente, la estandarización de metodologías que permiten evaluar en laboratorio muestras recolectadas en campo, a través de técnicas poco invasivas, es un gran acierto para conocer el papel de hospederos para los cuales la toma de muestra puede poner en dificultades la vida de los especímenes muestreados. Por tanto, los aportes a la comunidad científica realizados en estos trabajos serán de mucha utilidad en el momento del desarrollo de trabajos en campo en estos nuevos escenarios de transmisión.

5. Surveillance for Leishmania asymptomatic infection in endemic foci of cutaneous leishmaniasis in Venezuela: a combination of leishmanin skin test and PCR using blood clots improves detection and enables identification of species. <https://doi.org/10.1093/trstmh/trz130>

Vigilancia de la infección asintomática de Leishmania en focos endémicos de leishmaniasis cutánea en Venezuela: una combinación de prueba cutánea de leishmanina y PCR usando coágulos sanguíneos mejora la detección y permite la identificación de especies

Annhyriet Torrellas, Elizabeth Ferrer, Israel Cruz, Hector De Lima, Rafael Borges, Olinda Delgado, Pablo Moffi, Michael A Miles, M Dora Feliciangeli

La información y evaluación de la prevalencia de infecciones asintomáticas de leishmaniasis cutánea (CL), en áreas endémicas en Venezuela es escasa, a pesar de que esta información es determinante en el entendimiento y monitoreo de la dinámica de transmisión de la enfermedad. El objetivo fundamental del artículo, llevado a cabo por un grupo de investigadores venezolanos, fue evaluar las infecciones asintomáticas por *Leishmania* spp. en una región de alta incidencia de CL como lo es el estado Portuguesa en Venezuela; para ello se utilizó comparativamente la prueba de leishmanina (leishmanin skin test: LST) y un ensayo de PCR sobre material de coágulos sanguíneos, donde el blanco de amplificación fue el espaciador interno de transcripción de los genes de RNA ribosomal (ITS1), lo que permitió la identificación de las especies circulantes del parásito en el área de estudio. El trabajo demuestra la sensibilidad y valor del ensayo de PCR respecto a la prueba LST en la detección de infecciones asintomáticas por parte de *Leishmania* spp., destacando como las especies predominantes en la región a *Leishmania* mexicana, *L. braziliensis* y *L. guyanensis*. Resulta la investigación un valioso aporte en el mejoramiento de técnicas de diagnóstico para transferir a laboratorio y en el abordaje de una de las parasitosis, sub-registradas y olvidadas en Venezuela.

6. Diminutive, degraded but dissimilar: Wolbachia genomes from filarial nematodes do not conform to a single paradigm. <https://www.microbiologyresearch.org/content/journal/mgen/10.1099/mgen.0.000487>

Diminutivo, degradado pero diferente: Los genomas de Wolbachia de los nematodos filariales no se ajustan a un solo paradigma.

Emilie Lefoulon, Travis Clark, Ricardo Guerrero, Israel Cañizales, Jorge Manuel Cardenas-Callirgos, Kerstin Junker, Nathaly Vallarino-Lhermitte, Benjamin L. Makepeace, Alistair C. Darby, Jeremy M. Foster, Coralie Martin, Barton E. Slatko. Microbial Genomics.

Wolbachia es un género de bacterias endosimbiontes que se encuentra en un alto porcentaje de artrópodos y en dos familias de nematodos, siendo que en algunos hospedadores se transmiten verticalmente. Se sabe que este componente de la microbiota, puede condicionar algunas manifestaciones fenotípicas en sus hospedadores e inclusive determinan fenómenos de virulencia, cuando sus hospedadores son endo o ecto parásitos. Su diversidad es de interés para la determinación de efectos en estos hospedadores. Por ejemplo, que en culícidos son interfiere con el desarrollo de virus Dengue, Zika o Chiquinquya. Paradójicamente, Wolbachia condiciona el desarrollo de nematodos del grupo de las Filarias (algunos de ellos parásitos) por lo que tratamiento antibacteriano ha estado en ella mira del control de la filariasis. El 84% de los genomas de esta bacteria, pertenecen a los dos principales clados estudiados, exclusivamente de Wolbachia de artrópodos. En el presente estudio donde tenemos la participación del Dr. Guerreiro y el Dr. Cañizales del IZET-UCV, y en él se presenta el ensamblaje y análisis de cuatro genomas completos y dos genomas preliminares de Wolbachia a partir de nematodos filariales. Los resultados confirman el hecho de que los genomas más pequeños de Wolbachia de nematodos filariales, contienen niveles bajos de elementos transponibles y la ausencia de secuencias de bacteriófagos intactas, a diferencia de muchas Wolbachia de artrópodos. Sin embargo, los datos muestran disparidades entre los genomas de Wolbachia de nematodos filariales: sin patrón único de coevolución, sintenia más fuerte entre algunos clados, en relación a elementos transponibles en otro clado. El análisis de las vías metabólicas de estas bacterias, como la biosíntesis de vitamina B, podría ser específica de ciertas asociaciones hospedador – bacteria simbiote. En general, no parece haber un patrón único de relación simbiótica entre Wolbachia y nematodo filarial.

7. Human babesiosis in western-Venezuela. Case Reports

Babesiosis humana en el occidente de Venezuela. Reportes de Casos

Néstor Añez, Agustina Rojas, Gladys Crisante, Juan Abelló, Carlos Zambrano, Magaly Quiñonez. *Cient Med.* 1(27): 01-06. 2020

Babesiosis es una parasitosis producida por microorganismos del género *Babesia*, transmitida por garrapatas con de amplia distribución en Venezuela que infecta comúnmente a bovinos, equinos y caninos, la cual ha sido ampliamente conocida e investigada en la medicina veterinaria. El trabajo de Añez y colaboradores reporta la detección dos casos humanos de babesiosis, casualmente de trabajadores del campo asociados con la ganadería. Esto configura un cuadro de zoonosis ya reportada en otras partes del mundo. La infección de humanos por alguna de las especies de *Babesia* presenta la particular transcendencia que al invadir glóbulos rojos humanos es fácilmente diagnosticada equivocadamente como malaria, como fueron los dos casos reportados en el artículo en referencia, con la desagradable consecuencia de proceder con un tratamiento erróneo sin ningún beneficio para el paciente. Sin embargo, este grupo de investigadores venezolanos, resolvieron la incertidumbre al buscar una alternativa molecular, la Reacción en Cadena de la Polimerasa, PCR por sus siglas en inglés, como instrumento de diagnóstico complementario a la clásica coloración con Giemsa y posterior observación al microscopio. El uso de una sonda de ADN con la secuencia adecuada, en este caso de *Babesia* para realizar la PCR y la posterior electroforesis para la identificación de los amplicones generados, les permitió a los autores concluir la presencia de *Babesia*. Este correcto diagnóstico condujo al apropiado tratamiento con la mejoría significativa de las personas afectadas. La utilización de técnicas complementarias de diagnóstico parasitológicas, serológicas y moleculares son estrategias de desarrollo mundial que también debemos promover para el seguimiento y control de enfermedades infecciosas endémicas en el país, tanto en animales como en humanos, a la vez que promovemos la investigación en estos campos. Este artículo es un buen ejemplo de ello.



Servicio Autónomo
Instituto de Altos Estudios
Dr. Arnoldo Gabaldon