

## Revista de revistas



□ DELGADO-PETROCELLI L., CAMARDIEL A., AGUILAR V. H., MARTINEZ N., CÓRDOVA K. & RAMOS S. (2011). **Geospatial tools for the identification of a malaria corridor in Estado Sucre, a Venezuelan north-eastern state** (*Herramientas geoespaciales para la identificación de un corredor de malaria en el Estado Sucre, un estado norte-oriental Venezolano*). *Geospat. Health*. **5**:169-76.

Laboratorio de Sistemas de Información Ecológica y Modelización Ambiental, Instituto de Zoología Tropical, Universidad Central de Caracas, Venezuela. santiago.ramos@ciens.ucv.ve

La investigación en el área de la ecología del paisaje descansa sobre un marco conformado por los sistemas de información geográfica (SIG), la geoestadística y las relaciones entre características espaciales. En relación a la salud, el enfoque consiste del análisis de sistema utilizando un conjunto de herramientas robustas para el tratamiento de la vulnerabilidad de las comunidades a la luz del mejoramiento de las políticas públicas. El foco nor-oriental de malaria, uno de los cinco focos maláricos identificados en Venezuela, ubicado en las parte nor-oriental del estado Sucre, reúne varias características sociales y ambientales y funciona como un corredor epidemiológico, esto es; una zona endémica caracterizada por una permanente interacción entre el mosquito vector y los hospedadores humanos que se expresa como una persistencia continua de los ciclos de vida que determinan la malaria como enfermedad. Basado en la cartografía oficial se desarrolló un SIG cuyos productos son mapas temáticos, obtenidos a través de sobre posición de capas, los cuales describen la distribución de la malaria en la zona, las condiciones socioeconómicas, la información ambiental básica y las características de los humedales naturales presentes en la zona de estudio. Generalmente, los focos de malaria están continuamente activos, pero cuando se modeló la dinámica de la malaria en el foco norte, se

encontró la existencia de un patrón de distribución diferencial, éste es, una situación oscilante entre una transmisión muy activa y otra de dormancia. Este patrón fue determinado tanto por análisis espacial como estadístico, basados en el modelo desarrollado en el estudio y los resultados fueron validados con registros de la incidencia malárica de origen municipal y también local. Es posible el control de la malaria, manteniendo su incidencia a niveles permanentemente bajos en las poblaciones de la región, si resultados como los obtenidos, son tomados en cuenta cuando se diseñen las políticas de vigilancia y control epidemiológico para la región.

□ KUHLS K., ALAM M. Z., CUPOLILLO E., FERREIRA G. E., MAURICIO I. L., ODDONE R., FELICIANGELI M. D., WIRTH T., MILES M. A. & SCHÖNIAN G. (2011). **Comparative microsatellite typing of New World *Leishmania infantum* reveals low heterogeneity among populations and its recent Old World origin** (*Tipificación comparativa por microsatélites de Leishmania infantum del Nuevo Mundo, revela baja heterogeneidad entre las poblaciones y su origen reciente del Viejo Mundo*). *PLoS Negl Trop Dis. Jun.* **5(6)**: e1155.

Institut für Mikrobiologie und Hygiene, Charité Universitätsmedizin Berlin, Berlin, Germany. Katrin.Kuhls@o2online.de

*Leishmania infantum* (sinónimo de *L. chagasi*) es el agente causal de la leishmaniasis visceral (VL) en el Nuevo Mundo con regiones endémicas que se extienden desde el sur de EE.UU. hasta el norte de Argentina. Las dos hipótesis sobre el origen de la VL en el noroeste sugieren (1) la importación reciente de *L. infantum* desde el Viejo Mundo, o (2) un origen indígena y un rango taxonómico distinto para el parásito del Nuevo Mundo. Se tipificaron los microsatélites de varios loci en una colección de 98 aislamientos de *L. infantum* procedentes de diferentes focos del Nuevo Mundo. Los perfiles de los microsatélites obtenidos se

compararon con los de 308 cepas de *L. infantum* y 20 cepas de *L. donovani* de los países del Viejo Mundo previamente asignados a poblaciones bien definidas. Se identificaron dos poblaciones principales de *L. infantum* tanto para el Nuevo Mundo como para el Viejo Mundo. La mayoría de las cepas del Nuevo Mundo pertenecía a una población que correspondía a la población MON-1 del Viejo Mundo. Sin embargo, la población del nuevo mundo fue mucho más homogénea. Una segunda población más heterogénea, comprendió en su mayoría las cepas del Caribe y correspondió a la población non-MON-1 del Viejo Mundo. Todas las cepas de *L. infantum* de Brasil pertenecían a la población uno (1), a pesar de que representaban el 61% de la muestra y provenían de 9 estados. El análisis de la población incluyendo las poblaciones de *L. infantum* del Viejo Mundo indicó que las cepas del Nuevo Mundo eran más similares a las sub-poblaciones de *L. infantum* MON-1 y non-MON-1 del suroeste de Europa, que a cualquier otra sub-población del Viejo Mundo. Por otra parte, la similitud entre *L. infantum* del Nuevo Mundo y el suroeste de Europa fue mayor que entre los *L. infantum* del Viejo Mundo de distintas partes de la región del Mediterráneo, Oriente Medio y Asia Central. No se encontró correlación entre los genotipos de *L. infantum* del Nuevo Mundo y el cuadro clínico o antecedentes del hospedador. Este estudio representa el primer análisis a lo largo del continente de la estructura de la población *L. infantum* del Nuevo Mundo. Se confirmó que el agente de la leishmaniasis visceral en el noroeste es *L. infantum* y que el parásito ha sido importado recientemente varias veces desde el suroeste de Europa al Nuevo Mundo.

□ CORTES S., CHICHARRO C., CRUZ I., CRISTOVÃO J. M., CAÑAVATE C. & CAMPINO L. (2011). **Genetic diversity of human zoonotic leishmaniasis in Iberian Peninsula** (*Diversidad genética de la leishmaniasis humana zoonótica en la península Ibérica*). *Zoonoses Public Health*. **58**: 234-237.

Unidade de Leishmanioses, Instituto de Higiene e Medicina Tropical, Universidade Nova de Lisboa, Lisboa, Portugal Servicio de Parasitología, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain.

La leishmaniasis causada por *Leishmania (Leishmania) infantum* es una enfermedad zoonótica endémica en el sur de Europa, desde Portugal hasta el Oriente Medio. El objetivo del presente estudio fue investigar la diversidad genética de los parásitos de *L. infantum* en la Península Ibérica. Se estudiaron 24 cepas

de *L. infantum* aisladas de pacientes inmunocompetentes con leishmaniasis de varias localidades de Portugal y España. El uso del ADN del kinetoplasto por PCR – RFLP como un marcador molecular reveló variación intraespecífica. No se encontró asociación entre el genotipo y la forma clínica de la enfermedad o el grupo de edad de los pacientes. Con este marcador se identificaron dos grupos principales (i) cepas zimodemo MON-1 y (ii) cepas no-MON-1. Sin embargo, no se encontró asociación entre la variabilidad y distribución geográfica de las cepas que sugiere que las poblaciones de parásitos de las diferentes regiones de la Península Ibérica son homogéneas.

□ DURBIN A. P. & WHITEHEAD S. S. (2011). **Next-generation dengue vaccines: novel strategies currently under development** (*Vacunas de próxima generación contra el dengue: nuevas estrategias actualmente en fase de desarrollo*). *Viruses*. **3**: 1800-1814.

Center for Immunization Research, Department of International Health, Johns Hopkins Bloomberg School of Public Health, 624 N. Broadway, Room 251, Baltimore, MD 21205, USA.

El dengue se ha convertido en la infección por arbovirus más importante en el mundo, con más de 30 millones de casos de dengue estimados por año. Hay una gran necesidad de una vacuna contra el dengue y varias vacunas vivas atenuadas candidatas contra el dengue están en etapa de evaluación clínica. La necesidad de inducir una respuesta inmune equilibrada contra los cuatro serotipos de DENV en una sola vacuna ha sido un reto para los que están desarrollando la vacuna contra el dengue. Una vacuna quimérica viva atenuada contra DENV producida por Sanofi Pasteur ha entrado recientemente en fase III de evaluación en numerosas regiones endémicas a dengue en el mundo. Interferencia viral entre los serotipos contenidos en las vacunas vivas ha requerido la administración de hasta tres dosis de la vacuna en un período de 12 meses. Por esta razón se están desarrollando candidatos de vacunas noveles contra el DENV con el objetivo de lograr una respuesta inmune protectora con un esquema de inmunización que se pueda dar en el transcurso de pocos meses. Estos candidatos de última generación incluyen las vacunas de ADN, las vacunas recombinantes utilizando adenovirus como vector, replicones de alfavirus, y vacunas de sub-unidades de proteínas. Se discutirá sobre varios de estos nuevos candidatos.