

Fe de Errata //

En esta Sección se incluyen 4 resúmenes de trabajos presentados en el XVIII CONGRESO LATINOAMERICANO DE PARASITOLOGÍA (FLAP 2007), celebrado en la Isla de Margarita, Venezuela, en Octubre 2007 y publicados en el Boletín de Malariología y Salud Ambiental, Vol. XLVII Supl. N° 1, año 2007.

Por error involuntario, los primeros dos resúmenes no aparecieron publicados y en los últimos dos se omitieron algunos de los autores.

Tómense como referencia de estas publicaciones el Vol. XLVIII, N° 1, 2008, en las páginas correspondientes 105 y 106.

❑ BARGUES M. D., LATORRE-ESTIVALIS J. M., SAINZ S. & S. MAS-COMA. **Evaluación del riesgo de reintroducción de la malaria en España y análisis molecular de las especies de culicidos presentes en dos zonas potencialmente palúdicas.** (*Risk evaluation of the malaria reintroduction in Spain and molecular analysis of Culicidae species in two potentially paludic areas*).

Departamento de Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Valencia, Av. Vicente Andrés Estellés s/n, 46100 Burjassot, Valencia, España

El cambio climático ha impulsado numerosas investigaciones sobre mosquitos en el Sur de Europa, principalmente Anopheles por el riesgo de reintroducción de malaria. La actividad humana junto con el cambio climático han inducido una serie de cambios ambientales que han provocado la (re)-emergencia o extensión de enfermedades vehiculadas por artrópodos. Para el presente estudio, fueron seleccionadas dos zonas tradicionalmente palúdicas de España: El Delta del Ebro (Tarragona) y L'Albufera de Valencia y sus alrededores (Valencia). Se ha realizado una caracterización climática y territorial de ambas zonas, un estudio entomológico y molecular de las especies de Culicidos presentes, estudio histórico de la enfermedad (revisión bibliográfica y casos reportados) así como un estudio de las actividades humanas y su

influencia en la evolución del Paludismo. El cambio climático caracterizado por aumento de temperaturas y disminución de las precipitaciones, podría suponer una ampliación del periodo de riesgo de transmisión en estas zonas debido a que la existencia de arrozales inundados compensaría la ausencia de agua. Aunque ambas zonas past-endémicas de Malaria tienen unas características similares en cuando a que ambas son amplias extensiones dedicadas al cultivo del arroz, los resultados de nuestros estudios confirman la existencia de Anopheles atroparvus, como posible vector en el Delta del Ebro, sin embargo en L'Albufera de Valencia no ha sido encontrada ninguna especie de Anopheles. Las diferencias existentes en la forma de cultivo del arroz, la calidad del agua de riego y los tratamientos agrícolas efectuados explicarían la desaparición de ésta y otras especies de Anopheles en la zona de L'Albufera de Valencia. El análisis molecular de los Culicidos presentes en ambas zonas confirman la utilidad del gen 18S como marcador específico, y supraespecífico, mientras que los ITSs del ADN ribosomal, permiten la distinción de haplotipos y poblaciones dentro de una especie.

Estudio financiado por los Proyectos EDEN (N° 010284) de la Comisión de las Comunidad Europea (RDG, EC), Bruselas, GVACOMP2007-294, de la Consellería de Empresa, Universidad y Ciencia de la Generalitat Valenciana y RICET (No. C03/04 y N° ISCH2005-PI050574 y N° ISCH-RETIC RD06/0021/0017) del Fondo de Investigación para la Salud, Ministerio de Sanidad y Consumo, Madrid

❑ BARGUES M. D.¹, ZURIAGA M. A.¹, BOLÁS G.¹, LÓPEZ D. C.^{1,2}, GUHL F.² & MAS-COMA S.¹. **Caracterización molecular por análisis multigenico de poblaciones domésticas, peridomésticas y silvestres de especies de Rhodnius de Colombia y Venezuela.** (*Molecular characterization through multigenic analysis of domestic, peridomestic and silvatic species of Rhodnius from Colombia and Venezuela*).

¹ Departamento de Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Valencia, Av. Vicente Andrés Estellés s/n, 46100 Burjassot, Valencia, España.

² Centro de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Tropical (CIMPAT), Departamento de Ciencias Biológicas, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia.

Se ha realizado un análisis multigenico en base a las secuencias de los espaciadores internos del ADN ribosomal nuclear ITS-1 e ITS-2, así como de los genes ribosomales nucleares 18S y 5.8S, marcadores moleculares que aportan distintos niveles de resolución en cuanto a las relaciones evolutivas entre las distintas especies y poblaciones en Triatominae. *Rhodnius prolixus* es el vector más importante de la enfermedad de Chagas en Colombia y Venezuela. En Colombia, *R. prolixus* era considerado como un vector introducido, posiblemente desde Venezuela, ya que se encuentra estrictamente domiciliado. Sin embargo, el reciente hallazgo de poblaciones silvestres en la parte oriental del país plantea la posibilidad de que tanto las poblaciones domiciliadas de Colombia como las de Venezuela hayan derivado de estas poblaciones silvestres que podrían ser autóctonas, y que a su vez habrían evolucionado a partir de las poblaciones silvestres de *Rhodnius robustus* de Venezuela. En el presente estudio se analizaron muestras de *R. prolixus* procedentes de Colombia y Venezuela, representativas de poblaciones domiciliadas, peridomiciliadas y silvestres, y *R. robustus* de poblaciones silvestres de Venezuela. Las secuencias de los genes 18S y 5.8S, marcadores altamente conservados, resultaron idénticas para todas las muestras analizadas, no siendo capaces de distinguir entre las dos especies. El ITS-1, secuenciado por primera vez para especies pertenecientes a la tribu Rhodnini, fue capaz de diferenciar claramente a *R. prolixus* de *R. robustus*, con lo que resulta ser un buen marcador para diferenciar a nivel de especies, pero no se hallaron diferencias entre las distintas poblaciones de *R. prolixus*. El ITS-2 resultó ser el marcador más variable, se identificaron un total de 6 haplotipos diferentes en *R. prolixus* y 4 en *R. robustus*. Los dos haplotipos mayoritarios de *R. prolixus* se encuentran en todas las poblaciones estudiadas, otros 3 son exclusivos de Colombia, y otro exclusivo de Venezuela. La información extraída de los genes 18S y 5.8S y el ITS-1 confirman la relación ancestral entre *R. robustus* y *R. prolixus*; por otra parte, la distribución de las variantes del ITS-2 soporta la teoría de que tanto las poblaciones domiciliadas de Colombia como las de Venezuela podrían tener su origen en las poblaciones silvestres autóctonas del límite entre ambos países.

Estudio financiado por los Proyectos CDIA (No. ICA 4CT-2003-10049) de la Comisión de las Comunidades Europeas (RDG, EC), Bruselas y RICET (No. C03/04) del FIS, Ministerio de Sanidad, Madrid.

□ González Baradat B.^{1,3}, Proietti L.², Reyna-Bello A.¹, Gonzatti M. I.³ **Clonación y fusión de la región catalítica de la cisteín proteasa y del dominio de unión al péptido de la hsp70 de *T. vivax*.** (*Cloning and fusion of the cystein protease catalytic region and the HSP70-Substrate binding domain of *T. vivax**).

Universidad Nacional Experimental Simón Rodríguez (UNESR-IDECYT)¹, Universidad Central de Venezuela², Universidad Simón Bolívar³.

Para desarrollar estrategias inmuno-profilácticas en animales expuestos a la tripanosomosis producida por *T. vivax* se buscó la construcción de una proteína recombinante de fusión que presente características inmonogénicas y propiedades adyuvantes. Para ello, se clonaron la región catalítica de la cisteín proteasa (R.c.C.p) y la región de unión al péptido (R.U.P) de la proteína de choque térmico HSP70 de *T. vivax*. Para clonar estas regiones en vectores de clonación, se diseñaron los cebadores CpRc.F/R y RUPF/R y luego se realizaron las respectivas PCRs a partir de ADN de *T. vivax*. Se obtuvo una banda de aproximadamente 680 pbs con CpRc.F/R y otra de aproximadamente 780 pbs con RUPF/R. Estos productos de PCR fueron purificados y secuenciados. Los resultados obtenidos muestran una homología del 85% de R.U.P con esta misma región en otros tripanosomatídeos, y del 100% con la región catalítica de un aislado de *T. vivax* previamente secuenciado. Para la clonación de estos fragmentos se procedió a ligar ambos productos de PCR en el plásmido pGemT. Los productos de la ligación (pGemTRUP y pGemTCfRC) fueron introducidos en células DH5α las cuales fueron cultivadas en presencia de IPTG/ XGal-Ampicilina. Se realizaron PCR colony en las colonias resultantes, obteniéndose bandas de 780 pbs y 680 pbs respectivamente. Estos insertos fueron amplificados con los primers .ECpRcF/R y ERUPF/R y sus productos fueron cortados en sus extremos con enzimas de restricción. Finalmente, los productos fueron ligados con una T4 ligasa, observándose una banda cercana a los 1500 pbs indicando la presencia de un producto fusionado.

□ GONZÁLEZ BARADAT B.^{1,4}, PROIETTI L.², GÓMEZ ELY³, GONZATTI MARY ISABEL⁴ **Aplicación de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la identificación de *T. vivax* en ovinos infectados experimentalmente.** (*Polymerase chain reaction (PCR) use for *T. vivax* identification in experimentally infected sheep*).

¹Universidad Nacional Experimental Simón Rodríguez (UNESR-IDECYT), ²Universidad Central de Venezuela, ³Universidad de Oriente, ⁴Universidad Simón Bolívar.

El diagnóstico de la tripanosomosis usualmente realizado por métodos clínicos, serológicos y parasicológicos, no son efectivas a la hora de determinar si existe una infección en animales en estado crónico, donde los niveles de parasitemia son muy bajos. La alta sensibilidad de la técnica de PCR para la detección de ADN ha permitido su empleo para el diagnóstico de diversas enfermedades. Por ello, el objetivo de este trabajo fue estandarizar esta técnica, para la identificación de la tripanosomosis en ovinos infectados experimentalmente con un aislado venezolano de *T. vivax* (Apure). Para ello se tomaron 8 ovinos, de los cuales cuatro fueron infectados con 106 tripanosomas, los cuatro restantes fueron el control negativo. Se les extrajo la sangre y se

obtuvieron muestras de ADN con las que se realizó un PCR con los cebadores RCF1/2 observándose la presencia de una banda de 680 pbs, en los ADNs provenientes de la sangre de animales infectados. La prueba de sensibilidad realizada mostró un límite de detección para este ensayo de PCR de 5 pg de ADN de tripanosoma, equivalente a 50 parásitos. La prueba de especificidad mostró resultados negativos en el caso de ADN de Babesia bigemina, Babesia bovis, *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma evansi* y *Leishmania* spp. Finalmente se comparó la sensibilidad del PCR con las técnicas de frotis y de microhematocrito observándose una sensibilidad del 90% para PCR, 60% Microhematocrito y 20% Frotis. Estos resultados indican que este PCR permite diagnosticar con un alto grado de sensibilidad infecciones con *T. vivax*.

