

## Revista de revistas

❑ BRICEÑO-LEÓN R. (2007). **Chagas disease and globalization of the Amazon** (*La enfermedad de Chagas y la globalización de la Amazonía*). *Cad. Saude Publica*. **23 (Suppl 1)**: S33-40.

Laboratorio de Ciencias Sociales, Av. Augustin Codazzi, Santa Mónica, Caracas, Venezuela. bricenoleon@yahoo.com

El incremento de casos autóctonos de la enfermedad de Chagas en la Amazonia a partir de los años setenta hace temer que pueda convertirse en un novedoso problema de salud pública en la región. Este cambio del patrón epidemiológico de la enfermedad en la región amazónica debe ser explicado por las transformaciones ambientales y sociales que han ocurrido en los pasados treinta años. Este artículo utiliza la teoría sociológica de los efectos perversos para explicar esos cambios como el resultado indeseado del cambio de modelo de desarrollo «hacia adentro», que había existido hasta los años setenta, por otro «hacia fuera» que está orientado por las fuerzas de la producción y el comercio internacional que conocemos como globalización. El artículo destaca que la implantación de cinco nuevos patrones de ocupación agrícola, ganadero, minería, madera y urbano que han generado cambios en el medio ambiente y el hábitat indígena tradicional y que han provocado corrientes migratorias, deforestación, sedentarización de la población, presencia de animales domésticos y modificaciones en el hábitat que facilitan la colonización de las viviendas por los vectores y la transmisión doméstica y laboral de la enfermedad. La expansión de la enfermedad de Chagas es un efecto perverso del proceso de globalización de la Amazonia.

❑ DUJARDIN J. C., CAMPINO L., CAÑAVATE C., DEDET J. P., GRADONI L., SOTERIAO K., MAZERIS A., OZBEL Y. & BOELAERT M. (2008). **Spread of vector-borne diseases and neglect of Leishmaniasis, Europe**. (*Propagación*

*de enfermedades transmitidas por vectores y el abandono de la Leishmaniasis, Europa*). *Emerg. Infect. Dis.* **14**: 1013-1018.

Instituut voor Tropische Geneeskunde, Antwerp, Belgium.

El riesgo de reintroducción de algunas enfermedades exóticas transmitidas por vectores en Europa se ha convertido en un tema candente, mientras que la realidad de otras se descuida a nivel de políticas de salud pública. La leishmaniasis es endémica en todos los países del sur de Europa, con aproximadamente 700 casos humanos autóctonos reportados cada año (3950 si Turquía está incluido). Los casos asintomáticos se han estimado en caso sintomático 30-100/1, y la leishmaniasis tiene hasta el 25% de seroprevalencia en perros domésticos. A pesar de que la leishmaniasis es esencialmente relacionada con el protozoo *Leishmania infantum* y la leishmaniasis visceral, nuevas especies, como *L. donovani* y *L. tropica*, podrían colonizar insectos vectores Europeos. Cepas de *L. infantum* resistente a los medicamentos podrían ser exportados fuera de Europa a través de los perros. A pesar de esta posibilidad, no existe una vigilancia coordinada de la enfermedad en el ámbito europeo. En esta revisión de la importancia de la leishmaniasis en Europa, nos gustaría cerrar la brecha entre la investigación y la vigilancia y control.

❑ ORD R. L., TAMI A.\* & SUTHERLAND C. J. (2008). **Ama1 genes of sympatric *Plasmodium vivax* and *P. falciparum* from Venezuela differ significantly in genetic diversity and recombination frequency**. (*Genes ama1 de poblaciones simpátricas de Plasmodium vivax y P. falciparum de Venezuela difieren significativamente en diversidad genética y frecuencia de recombinación*). *PLoS ONE*. **3(10)**: e3366.

Department of Infectious & Tropical Diseases, London School of Hygiene & Tropical Medicine, London, United Kingdom.

\*Afilación actual: Departamento de Microbiología Médica, Centro Médico Universitario Groningen, Groningen, Países Bajos;

y Departamento de Parasitología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo, Valencia, Venezuela.

**Antecedentes:** Presentamos el primer análisis genético de loci homólogos de dos poblaciones simpátricas de parásitos maláricos humanos compartiendo los mismos hospedadores humanos, utilizando secuencias completas de genes ama1 de *Plasmodium vivax* *Plasmodium* y *P. falciparum* colectados en el Amazonas Venezolano. **Métodos/ Resultados Principales:** Se hallaron diferencias significativas en la diversidad genética del locus ama1 entre las dos especies, con 18 haplotipos distintos identificados a partir de 73 secuencias obtenidas del Pvama1 en comparación con sólo 6 haplotipos únicos de 30 secuencias del pfama1, resultando en una diversidad global estimada de  $h=0.9091$  y  $h=0.538$  respectivamente. Se encontraron también diferencias inter-especies de los niveles de recombinación, con *P. falciparum* exhibiendo muy poca recombinación en la secuencia de 1,77kb. En contraste, análisis de patrones de sustituciones de nucleótidos mostraron evidencia de que polimorfismos en el gen ama1 de ambas especies son mantenidos por equilibrio de selección, particularmente el dominio I. Es improbable que las dos distintas estructuras poblacionales observadas sean el resultado de fuerzas selectivas diferentes actuando sobre cada especie, pues en este escenario, ambas especies comparten el mismo hospedador humano y vector. Mas bien, la altamente estructurada población de *P. falciparum* parece ser el resultado de un embotellamiento poblacional (embotellamiento genético) mientras que la mucho menos estructurada población de *P. vivax* se derivó probablemente de un antiguo pool genético de diversidad como se refleja en un estimado mayor del tamaño efectivo poblacional para esta especie. La poca transmisión vectorial en 1997, debido a precipitaciones escasas que precedieron el segundo survey, se relaciona con muchas menos infecciones por *P. falciparum*, pero a la vez, con un incremento en infecciones por *P. vivax* probablemente debido a reactivación de hipnozoítos. **Conclusiones/Significado:** La relevancia de estos resultados en relación a interacciones competitivas putativas entre estas importantes especies patógenas humanas es discutida. Estos resultados destacan la necesidad de utilizar estrategias dirigidas a cada una de las especies parasitarias presentes en áreas endémicas en futuras intervenciones de control.

□ WAYANT N. M., MALDONADO D., ROJAS DE ARIAS A., COUSIÑO B., GOODIN D. G. (2010). **Correlation between normalized difference**

**vegetation index and malaria in a subtropical rain forest undergoing rapid anthropogenic alteration.**

(*Correlación entre el índice de vegetación de diferencia normalizada y la malaria en una selva subtropical sometidos a una rápida alteración antropogénica*). *Geospat. Health.* **4:** 179-190.

Center For Advanced Land Management Information Technologies  
University of Nebraska -Lincoln, Lincoln, NE 68506, USA

Series temporales de valores de verdor de baja resolución obtenidos a través de sensores remotos han sido utilizados como una variable ambiental sustituta para ayudar a vigilar y predecir la aparición de enfermedades transmitidas por vectores y de zoonosis, como la malaria. A menudo, la relación entre el índice de verdor determinado a control remoto, por ejemplo, el índice de vegetación de diferencia normalizada (NDVI), y la aparición de la enfermedad, se establece a partir del análisis de correlación temporal. Sin embargo, la fuerza de estas correlaciones pueden variar según el tipo y el cambio de la cubierta vegetal durante el período de registro, así como por las variaciones interanuales en los controladores de clima (precipitación, temperatura) que controlan los valores de NDVI. En este trabajo, la correlación entre una larga serie temporal (260 meses) de tasas mensuales de casos de la enfermedad y los valores de NDVI derivados de los datos originados en los modelos globales de inventario y estudios de mapeo (GIMMS), se analizaron para dos departamentos (unidades administrativas), ubicados en el bioma del Bosque Atlántico del Este de Paraguay. Estos departamentos han sido objeto de deforestación durante el período de registro evaluado y nuestro análisis considera el efecto sobre la correlación existente entre los períodos de actividad y de reposo de ocurrencia de casos y el contexto de cambio de la cubierta vegetal. Nuestros resultados revelan que los datos de series temporales, suavizados con la herramienta de transformación de Fourier, mostraron la mejor correlación. Un análisis de ventana móvil sugiere que cuatro años es el plazo óptimo para la correlación de estos valores, y la fuerza de la correlación depende de si se trata de un período activo o un período de reposo. Por último, un análisis espacial de los datos dejar ver que las áreas donde la cobertura de la tierra ha cambiado, sobre todo desde el bosque hasta áreas no forestales, están bien correlacionadas con las tasas de casos de malaria.

□ ALARCÓN DE NOYA B., DÍAZ-BELLO Z., COLMENARES C., RUIZ-GUEVARA R., MAURIELLO L., ZAVALA-JASPER. *et al.* (2010).

**Large urban outbreak of orally acquired acute Chagas disease at a school in Caracas, Venezuela.** (Gran brote urbano de Enfermedad de Chagas aguda adquirida por vía oral en una escuela en Caracas, Venezuela). *J. Infect. Disease.* **201**: 1308-1315.

Instituto de Medicina Tropical, Facultad de Medicina Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela

Antecedentes. La transmisión oral de *Trypanosoma cruzi* es posible a través de la contaminación de alimentos con heces de vectores infectados. Se sabe poco de las características epidemiológicas y clínicas de las microepidemias de Enfermedad Chagas (ECh) aguda adquirida por vía oral. Métodos. Durante un brote de ECh aguda ocurrido en una escuela se realizó un estudio epidemiológico de cohorte anidado. Las encuestas fueron diseñadas para identificar los síntomas y las posibles fuentes de infección. Se practicó electrocardiograma (ECG) a todos los pacientes. Para la detección de anticuerpos específicos se realizó inmunoensayo enzimático (ELISA) y hemaglutinación indirecta. En algunos casos se investigó parasitemia por examen en fresco, cultivo, inoculación en animales o por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Resultados. La infección se confirmó en 103 de 1000 personas expuestas. De los infectados 75% estaban sintomáticos, 20,3% requirieron hospitalización, 59% mostraron alteraciones al ECG, la parasitemia se documentó en 44 personas y 1 niño falleció. El cuadro clínico fue diferente de lo previamente conocido en la transmisión vectorial. La tasa de infección fue significativamente mayor en los niños más pequeños. La investigación epidemiológica incriminó al jugo de guayaba como la única fuente de infección. Conclusiones. El presente brote es único ya que afectó a numerosas personas en su mayoría niños de una comunidad saludable, urbana de clase media, lo cual resultó en una emergencia de salud pública sin precedentes. La rapidez del diagnóstico y la inmediata aplicación de tratamiento evitaron mayor letalidad. La infección de *T. cruzi* transmitida por alimentos debe estar ocurriendo con mayor frecuencia de lo que se reporta.

□ SULBARÁNG.S., BALLEND.E., BERMÚDEZ H., LORENZO M., NOYA O. & CESARI I. M. (2010) **Detection of the Sm31 antigen in sera of Schistosoma mansoni- infected patients from a low endemic area.** (Detección del antígeno Sm31 en suero de pacientes infectados con *Schistosoma mansoni*, procedentes de áreas endémicas de baja transmisión) *Parasite Immunol.* **32**: 20-28.

Unidad de Trematodiasis, Centro de Microbiología y Biología Celular, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas, Caracas, Venezuela.

La catepsina B de *Schistosoma mansoni* es un antígeno importante (Sm31) producido por los vermes adultos que circula en la sangre de pacientes infectados (Li *et al.*, 1996; *Res. Parasitol.* **82**: 14-18). Un análisis de la secuencia del Sm31 (Klinkert *et al.*, 1989; *Mol. Biochem. Parasitol.* **33**: 113-122) permitió la predicción de siete regiones hidrofílicas, las cuales, según visualización en un modelo 3D de Sm31, se ubicaron en la superficie molecular; la especificidad de especie de estas regiones se comprobó mediante un análisis por BLAST. Se realizó la síntesis química de péptidos polimerizables correspondientes a esas regiones, utilizando la técnica de t-Boc. Los conejos inmunizados con estos péptidos desarrollaron una alta respuesta humoral anti-péptido, según se observó en pruebas antigénicas multiblot. Los sueros reconocieron en Western blot a Sm31 en extractos crudos de *S. mansoni* y en suero de pacientes infectados por *S. mansoni*. Los determinantes antigénicos relevantes se localizaron en las regiones N- y C-terminal de la secuencia. Los anticuerpos contra estas regiones reconocieron a la enzima nativa en una prueba de tipo ELISA denominada inmunoensayo para la cisteín-proteasa, en la cual la inmunocaptura de Sm31 se puso en evidencia mediante la detección de su actividad catepsina B. El método detectó específicamente a Sm31 en el suero de individuos infectados, la mayoría (83,3%) con infecciones leves, lo cual ofrece un fundamento para el desarrollo de ensayos de captura enzimática con anticuerpos anti-péptido sintético y su posible uso en el diagnóstico de la esquistosomiasis.

