

## Revista de revistas



□ SCOTT C. WEAVER & NAOMI L. FORRESTER (2015). **Chikungunya: Historia evolutiva y reciente propagación de la epidemia** (*Chikungunya: Evolutionary history and recent epidemic spread*). *Antiviral Research*. **120**: 32-39.

Institute for Human Infections and Immunity. Galveston National Laboratory Building, Rm 6.200. 301 University Blvd. Galveston, Texas 77555-0610. U.S. e-mail: sweaver@utmb.edu

El virus Chikungunya (CHIKV) tiene una larga historia acerca de la aparición de ciclos de transmisión urbana desde sus focos enzoóticos ancestrales en el África subsahariana. La introducción y propagación más reciente ha ocurrido en el continente Americano en el 2013. Desde 2004, la reemergencia ha resultado en millones de casos graves con artralgias crónicas y debilitantes, en los cinco continentes. En este artículo se examina esta historia basada en estudios filogenéticos discute la propagación probable en el futuro, de esta enfermedad en las Américas. También se discute una serie de mutaciones el linaje de Océano Indico que ha surgido recientemente y que se ha adaptado eficientemente en el mosquito *Aedes albopictus*, y se compara CHIKV con otros arbovirus con y sin historias similares de urbanización. Este artículo forma parte de un simposio sobre Investigación en Antivirales: “chikungunya descubre el Nuevo Mundo”. Cuando y dónde se originó CHIKV exactamente no puede ser respondido definitivamente en este momento. El virus O’nyong-nyong estrechamente relacionado (ONNV) con CHIKV, y que causa una enfermedad humana clínicamente indistinguible durante brotes periódicos africanos involucran a especies de *Anopheles*, ha evolucionado independientemente de su hermano evolutivo CHIKV con un tiempo de divergencia de al menos cientos de años. Factores tales como la depuración por selección, que domina la evolución de alfavirus producen estimaciones filogenéticas por coalescencia poco confiables desde sus ancestros comunes más recientes. Adicionalmente, la presencia de ARN

viral en células de vertebrados por millones de años (todavía no demostrado en alfavirus) incrementa estas limitaciones en la estimación de ancestralidad. Con base en las distribuciones y las relaciones filogenéticas entre CHIKV, secuencias ONNV y las de alfavirus relacionados, por las reconstrucciones más parsimoniosas, se cree que los virus han evolucionado en el sub-Sahara de África, pero la región exacta es ambigua. El ancestro de estos virus se transmitió entre primates no humanos y tal vez entre otros vertebrados por mosquitos del género *Aedes*, con una adaptación posterior de ONNV en mosquitos *Anopheles* (único para un alfavirus). Debido a que *Ae. aegypti* también evolucionó en el África subsahariana, puede haber sido un vector de CHIKV hacia los seres humanos en la antigüedad. Se cree que la forma *Ae. aegypti aegypti* puede haber evolucionado a partir de un ancestro arborícola, como la subespecie *Ae. aegypti formosus* de comportamiento zoonótico. Esta subespecie actualmente ocupa ambientes tanto silvestres como domésticos en África, mientras que *Ae. aegypti aegypti* tiene una distribución tropical y subtropical en todo el mundo con altos grados de antropofilia. La transmisión de CHIKV de humano-humano probablemente comenzó con la domesticación de este mosquito, en los asentamientos humanos provocado por el almacenamiento de agua que se desarrolló en África. Aunque la aparición y propagación de CHIKV y otros arbovirus no se puede predecir con certeza, las comparaciones con otros arbovirus pueden revelar similitudes y patrones repetitivos que ofrecen algunas ideas predictivas. Las historias de los cuatro serotipos del virus dengue (DENV), que han circulado en las mismas regiones mediante un ciclo idéntico de transmisión urbana, es el mejor ejemplo. Como CHIKV, se cree que DENV ha evolucionado a partir de un ancestro enzoótico, arbóreo, y transmitido por mosquitos *Aedes*, pero circulando en el sudeste asiático. Sin embargo, debido probablemente a la ventaja evolutiva de poseer múltiples serotipos seleccionados por mejora inmunológica, donde un serotipo se benefició sobre otro por el incremento de

la viremia durante las infecciones secundarias, DENV ha evolucionado dentro de estos focos enzoóticos en al menos 4 serotipos, mientras CHIKV mantuvo la variación genética y antigénica muy limitada dentro de los 2 linajes africanos enzoóticos. Esto podría reflejar una evolución más reciente de CHIKV o su carencia de potencial de mejora inmunológica. DENV también estableció ciclos enzoóticos en África posterior a su introducción desde Asia, mientras que no hay evidencia de que CHIKV ha seguido el patrón inverso y circular en forma enzoótica en Asia. Aunque CHIKV es una enfermedad humana importante, queda eclipsado por DENV, y la diferencia dramática en la incidencia, incluso cuando la inmunidad contra CHIKV es inferior a la de DENV en muchas regiones, puede reflejar una historia más larga y estable en la circulación de DENV en las poblaciones humanas. La ocurrencia de cuatro DENV serotipos y la capacidad de mejora inmunológica que incrementa su circulación, probablemente, también da una ventaja a DENV como patógeno en humanos. Sin embargo, la capacidad de CHIKV y su adaptación en *Ae. albopictus* como un vector eficiente puede permitir que este virus se propague a regiones templadas no susceptibles a la transmisión de DENV. La estabilidad de CHIKV en las Américas también podría estar determinada por su capacidad para infectar y potencialmente establecerse en focos de transmisión enzoótica, como lo hizo el virus de la Fiebre Amarilla cientos de años atrás. Es difícil predecir la probabilidad de establecimiento enzoótico porque no hay evidencia que haya ocurrido con DENV en las Américas, no obstante su presencia durante siglos, y adicionalmente no hay datos disponibles sobre la competencia en la amplificación de CHIKV en primates no humanos, ni sobre la competencia vectorial de mosquitos selváticos del neotrópico.

□ PEI-SZE JESLYN WONG, MEI-ZHI IRENE LI, CHEE-SENG CHONG, LEE-CHING NG, CHEONG-HUAT TAN (2013). *Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse): Un vector potencial de Virus Zika en Singapur (*Aedes (Stegomyia) albopictus* (Skuse): A Potential Vector of Zika Virus in Singapore). *PLoS Negl Trop Dis.* **7(8)**: e2348. doi:10.1371/journal.pntd.0002348

Environmental Health Institute, National Environment Agency, Singapore, Singapore, 2 School of Biological Sciences, Nanyang Technological University, Singapore, Singapore. e-mail: tan\_cheong\_huat@nea.gov.sg

El virus Zika (ZIKV) era un arbovirus poco conocido hasta que provocó un brote importante en la isla de Yap en el océano pacífico en el 2007. Aun cuando

el virus tiene una distribución geográfica amplia, la mayoría de los vectores conocidos son mosquitos selváticos del género *Aedes* reportados desde África donde se aisló el virus por primera vez. Actualmente, *Ae. aegypti* es el único vector conocido fuera del continente africano aunque *Ae. albopictus* ha sido implicado como vector probable desde hace tiempo. Se ha demostrado que *Ae. albopictus* es capaz de transmitir más de 20 arbovirus y su importancia como vector llegó a ser notorio luego de la pandemia de chikungunya reciente. La vulnerabilidad de Singapur a los arbovirus infecciosos emergentes ha estimulado nuestro interés en determinar la competencia de mosquitos *Ae. albopictus* locales como vectores de ZIKV. Con el fin de determinar la competencia de *Ae. albopictus* para transmitir ZIKV, infectamos oralmente mosquitos de *Ae. albopictus* locales con una cepa del virus de Uganda. Los mosquitos plenamente repletos se mantuvieron en una cámara ambiental ajustado a 29°C y 80-85%RH. Se muestrearon diariamente 12 mosquitos desde día uno a día siete y los días 10 y 14 post-infección (pi). La concentración del virus Zika en el intestino medio y las glándulas salivales de cada mosquito se evaluó usando el ensayo de dosis infectiva del 50% en cultivo de tejidos, mientras que la transmisibilidad del virus se determinó mediante la detección de los antígenos del virus en la saliva de los mosquitos por qRT-PCR. Se observó una alta tasa de diseminación y transmisión del ZIKV. Para el día 7-pi, todos los mosquitos mostraron una infección diseminada y 73% tenían ZIKV en la saliva. Para el día 10-pi, todos los mosquitos examinados eran potencialmente infecciosos. Esta investigación resaltó la potencialidad de *Ae. albopictus* como vector del ZIKV y demostró que el virus podría establecerse en la región. No obstante, la amenaza del ZIKV podría ser mitigado por el programa de control de dengue y chikungunya actualmente ejecutado en Singapur.

□ LUCY S. TUSTING, MATTHEW M. IPPOLITO, BARBARA A. WILLEY, IMMO KLEINSCHMIDT, GRANT DORSEY, ROLY D. GOSLINGY, STEVE W. LINDSAY (2015). La evidencia sobre las mejoras de las condiciones de la vivienda para reducir la malaria: una revisión sistemática y meta análisis (*The evidence for improving housing to reduce malaria: a systematic review and meta-analysis*). *Malaria Journal.* **14**: 209. doi: 10.1186/s12936-015-0724-1.

Department of Disease Control, London School of Hygiene & Tropical Medicine, London WC1E 7HT, UK. e-mail: lucy.tusting@lshtm.ac.uk

ANTECEDENTES: La carga mundial de la malaria se ha reducido desde el año 2000, algunas veces antes del inicio de programas de control de vectores a gran escala. A pesar de que mosquiteros tratados con insecticida de larga duración y el rociamiento intradomiciliario con insecticidas son intervenciones altamente efectivas, este estudio pone a prueba la hipótesis de que las mejoras de las condiciones de la vivienda puede reducir la malaria disminuyendo la entrada de los mosquitos transmisores a la casa. MÉTODOS: Se realizó una revisión sistemática y meta-análisis para evaluar si la vivienda moderna se asociaba con un riesgo menor a la malaria que la vivienda tradicional, en todos los grupos etarios y áreas donde la malaria es endémica. Seis bases de datos electrónicas fueron revisadas para identificar la intervención y los estudios observacionales publicados desde el 1 de Enero de 1900 al 13 de Diciembre de 2013, evaluando la asociación entre diseño de la casa y la malaria. Los primeros resultados evaluados fueron la prevalencia parasitaria y la incidencia de malaria clínica. Los efectos crudos y ajustados fueron combinados en un meta-análisis de efectos fijos y aleatorios, con análisis de subgrupos para: tipo general de casa (tradicional contra la vivienda moderna); mallas; principales materiales de pared, techo y piso; tipo de alero; techos y elevación. RESULTADOS: De 15.526 estudios seleccionados, 90 fueron incluidos en una síntesis cualitativa y 53 reportaron resultados epidemiológicos, incluidos en el meta análisis. De ellos, 39 (74%) mostraron tendencias hacia un menor riesgo epidemiológico asociados con mejoras en las características de la casa. De los estudios que evalúan la relación entre la vivienda moderna y la infección de la malaria ( $n = 11$ ) y la malaria clínica ( $n = 5$ ), todos eran de tipo observacional, con baja o muy baja calidad de la evidencia. Los residentes de las casas modernas tenían 47% menor probabilidad de infección malárica en comparación con los de las casas tradicionales (probabilidad ajustada ratio (OR) 0.53, los intervalos de confianza del 95% (IC) 0.42-0.67,  $P < 0.001$ , cinco estudios) y entre 45 a 65% menos probabilidades de una malaria clínica (estudios de casos y controles: OR ajustada 0.35; 95% IC: 0.20-0.62,  $P < 0.001$ , un estudio; estudios de cohortes: OR ajustada: 0.55; 95% IC: 0.36-0.84 tasa,  $P = 0.005$ , tres estudios). Se encontró evidencia de un alto riesgo de sesgo en los estudios. CONCLUSIONES: A pesar de la baja calidad de la evidencia, la dirección y la consistencia de los efectos indican que la vivienda es un importante factor de riesgo para la malaria. Las investigaciones futuras deberían evaluar el efecto protector de las características específicas de las casas y el incremento en las mejoras de

vivienda asociados con el desarrollo socio-económico. Palabras clave: malaria, *Plasmodium falciparum*, vector, *Anopheles gambiae*, casa, aleros, socio-económica.

□ JEAN PIERRE POINTIER\*, ALARCÓN DE NOYA BELKISYOLÉ, MARÍA EUGENIA GRILLET, ANDRÉ THERÓN, CAROLINA GONZÁLEZ, RAFAEL MARTÍNEZ ESCARBASSIERE, HERMES PIÑANGO†, FABIOLA DEL VENTURA & OSCAR NOYA (2015). **Moluscos de agua dulce de Venezuela y su importancia médica y veterinaria** (*Freshwater molluscs of Venezuela and their medical and veterinary importance*). ConchBooks, 1-328 p., Bahnhofstr, 117,55296, Alemania. ISBN 978-3-939767-61-9.

\*Laboratoire de Biologie Marine et Malacologie, EPHE, UMR 5555 CNRS, CBETM Université, 52 avenue de Villeneuve, 66860 Perpignan, Francia. e-mail: pointier@univ-perp.fr.

RESUMEN. El objetivo de este libro es cerrar una brecha en la malacología de agua dulce de Venezuela que incluye especies nativas, endémicas e introducidas. Un esfuerzo especial se ha establecido en las especies que juegan el papel de los huéspedes intermediarios de importante trematodiasis que infectan el ganado y los seres humanos en Venezuela. Los Gasterópodos son el grupo más importante de moluscos incluyendo 49 especies de las cuales 11 pueden ser consideradas como endémicas, 28 nativas y 10 introducidas. Los bivalvos incluyen 16 especies de las cuales 3 pueden ser consideradas como endémicas, 11 nativas y 2 introducidas. Se presenta un compendio de la información más relevante de cada especie: descripción morfológica incluyendo la morfología de la concha, la anatomía del aparato reproductor, los datos filogenéticos y de la diversidad genética cuando esté disponible, el tipo de hábitat y la ecología. Varios caracoles están involucrados en la transmisión de las trematodiasis que afectan al humano y otras especies de mamíferos, presentes en el país. La esquistosomiasis intestinal era un importante problema de salud pública en el pasado reciente y varios focos siguen activos en la cuenca del Lago de Valencia. El principal caracol huésped de esta trematodiasis es el planorbídeo Biomphalariaglabrata. Sin embargo otras dos especies, *B. prona* y *B. kuhniiana* pueden también participar en el ciclo de vida del parásito. La fascioliasis sigue siendo un importante problema de salud para el ganado y en los últimos años, se han detectado varios casos humanos principalmente en la región andina. Un total de seis especies de Lymneidos han sido reportados de Venezuela: Galbacousini, G.

*cubensis*, *G. neotropica*, *G. schirazensis*, *G. truncatula* y *Pseudosuccineacolumella*. Varios caracoles lymneidos están involucrados en la transmisión de esta parasitosis: *Galba truncatula*, una especie introducida que ha invadido la región andina entre 1900 y 4000m. de altitud y *G. cubensis*, que es el principal responsable de la transmisión del parásito al ganado en las tierras bajas. También se descubrieron otras dos especies de lymneidos invasores, *Pseudosuccineacolumella* y *Galba cryptica* pero su papel en la transmisión del parásito todavía no se ha establecido claramente. En el caso de paragonimiasis, una sola especie *Aroapyrgus vivens* de la familia Cochliopidae, es el caracol

huésped de *Paragonimu* ssp. en un foco descubierto en la década de 1980 en el estado Sucre, al oriente del país. Recientemente, un segundo foco fue descubierto en la parte norte del Estado Bolívar. Un esfuerzo especial se ha hecho para la ilustración de este libro: dibujos anatómicos y láminas en color que ilustran todas las especies y su diversidad, mapas y paisajes de los ambientes representativos en los que se encontró cada especie. Este trabajo es parte de un esfuerzo de investigación binacional (Francia-Venezuela), en el que se realizaron algo más de 800 puntos de muestreo y se recorrieron alrededor de 50.000 Km, durante 9 años.