

Revista de revistas

□ FERRER E.¹, PÉREZ F.¹, BELLO I.¹, BOLÍVAR A.¹, LARES M.¹, OSORIO A.², LEÓN L.², AMARISTA M.³ & INCANI R. N.⁴ (2015). **Polymerase Chain Reaction for the amplification of the 121 bp repetitive sequence of *Schistosoma mansoni*: a high sensitive potential tool for areas of low endemicity.** (*Reacción en cadena de la Polimerasa para la amplificación de la secuencia repetitiva de 121 bp de *Schistosoma mansoni*: una herramienta potencial de alta sensibilidad para áreas de baja endemicidad*). *J. Helminthol.* **89**: 769-773.

¹Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo, Maracay, Venezuela; ²Programa Nacional de Prevención y Control de Parasitosis Intestinales y Esquistosomosis, Dirección General de Salud Ambiental, Ministerio del Poder Popular Para la Salud, Maracay, Venezuela; ³Servicio Autónomo Instituto de Altos Estudios «Dr. Arnoldo Gabaldón», Ministerio del Poder Popular para la Salud, Maracay, Venezuela; ⁴Departamento de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo, Valencia, Venezuela.

La esquistosomiasis es una enfermedad causada por platelmintos parásitos del género *Schistosoma*, cuyo diagnóstico tiene limitaciones, como la baja sensibilidad y especificidad de los métodos parasitológicos e inmunológicos, respectivamente. En el presente estudio, se llevó a cabo una técnica molecular que requería estandarización previa, la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) para la amplificación de una secuencia altamente repetitiva de 121 pb de *Schistosoma mansoni*. El ADN se extrajo de los huevos de *S. mansoni* por precipitación salina. Se estandarizaron diferentes condiciones para la técnica de PCR, incluida la concentración de reactivos y el ADN molde, la temperatura de hibridación y el número de ciclos, seguido de la determinación de la sensibilidad analítica y la especificidad de la técnica. Además, se utilizó la técnica de PCR estandarizada con ADN extraído, usando Chelex[®]100, a partir de muestras de sueros de pacientes con un inmunodiagnóstico de esquistosomiasis. Las condiciones óptimas para

la PCR fueron MgCl₂ 2,5 mM, desoxinucleósido trifosfatos (dNTP) 150 µM, cebadores 0,4 µM, ADN polimerasa 0,75U, usando 35 ciclos y una temperatura de hibridación de 63°C. La sensibilidad analítica de la PCR fue de 10 attogramos de ADN y la especificidad fue del 100%. La secuencia de ADN se detectó con éxito en los sueros de dos pacientes, lo que demuestra la transmisión de la esquistosomiasis, aunque baja, en la comunidad estudiada. La técnica de PCR estandarizada, utilizando cantidades menores de reactivos que en el protocolo original, es altamente sensible y específica para la detección de ADN de *S. mansoni* y podría ser una herramienta importante para el diagnóstico en áreas de baja endemicidad.

□ INCANI R. N.¹, FERRER E.², HOEK D.³, RAMAK R.³, ROELFSEMA J.³, MUGHINI-GRASC L.³, KORBEEK T.³ & PINELLI E.³ (2017). **Diagnosis of intestinal parasites in a rural community of Venezuela: advantages and disadvantages of using microscopy or RT-PCR.** (*Diagnóstico de parásitos intestinales en una comunidad rural de Venezuela: ventajas y desventajas del uso de microscopía o RT-PCR*). *Acta Tropica.* **167**: 64-70.

¹Departamento de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo, Valencia, Venezuela; ²Instituto de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Maracay, Venezuela; ³Center for Infectious Diseases Control, National Institute for Public Health and the Environment (RIVM), Bilthoven, The Netherlands.

Se realizó un estudio transversal para determinar la prevalencia y el rendimiento diagnóstico de microscopía y PCR en tiempo real (RT-PCR) para 14 parásitos intestinales en una comunidad rural venezolana con una larga historia de infecciones parasitarias intestinales persistentes a pesar de la implementación de tratamientos anti-helmínticos. Un total de 228 participantes se incluyeron en este estudio. Se utilizó una RT-PCR múltiple para la detección de *Dientamoeba fragilis*, *Giardia*

intestinalis, *Cryptosporidium* sp. y una RT-PCR para *Entamoeba histolytica*. Además, se realizó una PCR múltiple para la detección de *Ascaris lumbricoides*, *Strongyloides stercoralis*, *Necator americanus* y *Ancylostoma duodenale*. La combinación de microscopía-PCR reveló prevalencias de 49.3% para *A. lumbricoides*, 10.1% para *N. americanus* (no se detectó *A. duodenale*), 2.0% para *S. stercoralis*, 40.4% para *D. fragilis*, 35.1% para *G. intestinalis* y 7,9% para *E. histolytica/dispar*. Se encontraron aumentos significativos en la prevalencia en la PCR frente a la microscopía para *A. lumbricoides*, *G. intestinalis* y *D. fragilis*. Otros parásitos detectados por microscopía sola fueron *Trichuris trichiura* (25.7%), *Enterobius vermicularis* (3.4%), *Blastocystis* sp. (65.8%), y *Entamoeba coli* no patógena (28.9%), *Entamoeba hartmanni* (12.3%), *Endolimax nana* (19.7%) e *Iodamoeba bütschlii* (7.5%). Se encontraron diferencias de prevalencia en la edad, pero no en el género, para *A. lumbricoides*, *T. trichiura*, *G. intestinalis* y *E. histolytica/dispar*. Las prevalencias persistentemente altas de helmintos intestinales están probablemente relacionadas con la alta contaminación fecal, como también se evidencia por las altas prevalencias de protozoos intestinales no patógenos. Estos resultados resaltan la importancia de utilizar técnicas de diagnóstico sensibles en combinación con microscopía para estimar mejor la prevalencia de parásitos intestinales, especialmente en el caso de los trofozoítos de *D. fragilis*, que se deterioran muy rápidamente y podrían pasar inadvertidos al microscopio. Además, se puede lograr la diferenciación entre *E. histolytica* patógena y *E. dispar* no patógena. Sin embargo, la microscopía sigue siendo una herramienta de diagnóstico importante ya que puede detectar otros parásitos intestinales para los cuales no hay PCR disponible

□ GÓMEZ G. F.^{1,2} & CORREA M. M.¹ (2017). **Discrimination of Neotropical *Anopheles* species based on molecular and wing geometric morphometric traits.** (*Discriminación de especies de Anopheles neotropicales basados en rasgos moleculares y morfometría geométrica de las alas*). *Infect Genet Evol.* **54**: 379–386.

¹Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia UdeA, Calle 70 No. 52-21, Medellín, Colombia; ²Grupo Investigación Ciencias Forenses y de la Salud, Facultad de Derecho y Ciencias Forenses, Tecnológico de Antioquia - Institución Universitaria TdeA, Calle 78B No.72A – 220, Medellín, Colombia.

Similaridades morfológicas entre especies de *Anopheles* estrechamente relacionadas que difieren en bionomía y transmisión de malaria, representan un reto en entomología médica; por consiguiente, nuevas herramientas son evaluadas constatemente para buscar soluciones. Particularmente, en este trabajo, análisis de morfometría geométrica de la variación de la geometría del ala, basada en la identificación morfológica y molecular de especímenes, fue aplicada para la discriminación de 14 especies de *Anopheles* pertenecientes a los subgéneros *Nyssorhynchus*, *Anopheles* y *Kerteszia*. El código de barras del AND ayudó a la asignación de especies y el análisis de morfometría geométrica reveló diferencias en las formas de las alas no solo a nivel de subgénero sino también a nivel de especies. Cada subgénero presentó una tendencia particular en el tamaño del ala, posiblemente relacionado a la historia evolutiva de estos linajes. La forma del ala permitió la discriminación de especies, excepto para taxa estrechamente relacionados. Estos hallazgos resaltan la importancia de utilizar enfoques complementarios que involucran datos morfológicos y moleculares para la identificación de especies de *Anopheles*.