

## Revista de revistas

□ NOYA O.<sup>1</sup>, CAMPOS M. E.<sup>2</sup>, CÁRDENAS J.<sup>2</sup>, LOSADA S.<sup>1</sup>, PABÓN R.<sup>1</sup>, CONTRERAS R.<sup>1</sup>, COLMENARES C.<sup>1</sup>, ALARCÓN DE NOYA B.<sup>1</sup>, VALERAA.<sup>3</sup> & MORENO S.<sup>3</sup> (2015). **Enfermedades parasitarias en estudiantes africanos: cómo programas de intercambio internacional podrían afectar la salud pública.** (*Parasitic diseases in African students: how international exchange programs could affect public health*). *Invest. Clin.* **59(2)**: 118-134. <https://doi.org/1022209/ICv.59n2a02>

<sup>1</sup>Instituto de Medicina Tropical (IMT), Universidad Central de Venezuela (UCV), Caracas, Venezuela. <sup>2</sup>Escuela de Medicina Luis Razetti, Facultad de Medicina, UCV, Caracas, Venezuela. <sup>3</sup>Escuela Latinoamérica de Medicina (ELAM) "Salvador Allende", Caracas, Venezuela.

Hay evidencia que demuestra que los procesos migratorios alteran la dinámica de las enfermedades infecciosas, representando un reto para la salud pública en una escala local e internacional. Tras la llegada de un grupo de 122 estudiantes africanos asintomáticos a Venezuela para un programa de intercambio académico, se realizó un tamizaje de 8 enfermedades parasitarias. Se planteó determinar la presencia de estas enfermedades, a través del uso de métodos parasitológicos, ELISA, pruebas rápidas inmunocromatográficas y MABA (Multiple Antigen Blot Assay). Seis estudiantes resultaron positivos para una esquistosomiasis activa y 1 se encontraba infectado con *Plasmodium falciparum*. Usando ELISA como la prueba de referencia estándar, un total de 13 individuos fueron seropositivos para toxoplasmosis, 7 para amebiasis, 3 para hidatidosis y 2 para cisticercosis. Ninguno presentó seropositividad para tripanosomiasis y fascioliasis, según ELISA. La introducción de individuos infectados al país pudiera representar una amenaza para la salud pública, por lo que surge la necesidad de realizar protocolos de tamizaje para poblaciones asintomáticas con planes de permanecer en Venezuela. En el marco de estos resultados, se realizan recomendaciones con respecto a la evaluación integral para inmigrantes.

□ BELTRÁN - SILVA S. L., CHACÓN - HERNÁNDEZ S. S., MORENO - PALACIOS E. & PEREYRA - MOLINA J. Á. (2018). **Diagnóstico clínico y diferencial: Dengue, Chikunguya y Zika.** (*Clinical and differential diagnosis: Dengue, Chikunguya and Zika*). *Rev Med Hosp Gen Méx.* **81(3)**: 146-153. <https://doi.org/10.1016/j.hgmx.2016.09.011>

Facultad de Medicina Humana, Universidad Autónoma de Chiapas, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, Méxicos.

Las enfermedades transmitidas por vector condicionan alrededor del 17% de la carga mundial estimada de enfermedades infecciosas. En América, el dengue, chikunguña y zika constituyen un potencial riesgo epidemiológico debido al reciente incremento de casos, complicaciones y gravedad. Es de interés en salud pública la co-circulación de las tres enfermedades debido a la transmisión por el mismo vector así como el aumento en el número de casos de microcefalia relacionado al virus del Zika, artropatías crónicas post chikunguña y dengue grave. Por ello, es de importancia para los clínicos conocer las diversas presentaciones clínicas y los métodos de laboratorio para realizar el diagnóstico diferencial, instituir el tratamiento oportuno y prevenir las complicaciones asociadas.

□ de OLIVEIRA PORFIRIO G. E.<sup>a</sup>, MARTINS SANTOS F.<sup>a</sup>, CARVALHO de MACEDO G.<sup>a</sup>, GOMES BARRETO W. T.<sup>b</sup>, VILELA CAMPOS J. B.<sup>a</sup>, MEYERS A. C.<sup>c</sup>, ANDRÉ M. R.<sup>d</sup>, PERLES L.<sup>d</sup>, DE OLIVEIRA C. E.<sup>a</sup>, das CHAGAS XAVIER S. C.<sup>e</sup>, BRAZILIANO de ANDRADE G.<sup>a</sup>, JANSEN A. M.<sup>e</sup>, HERRERA H. M.<sup>a,b</sup> (2017). **Mantenimiento de *Trypanosoma cruzi*, *T. evansi* y *Leishmanias pp.* por perros domésticos y mamíferos silvestres en un asentamiento rural en la frontera entre Brasil y Bolivia.** (*Maintenance of Trypanosoma cruzi, T. evansi and Leishmanias pp. By domestic dogs and wild mammals in a rural settlement on the border between*

Brazil and Bolivia). *IJP: Parasites and Wildlife*. 7: 398-404. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2018.10.004>

<sup>a</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais e Sustentabilidade e Agropecuária, Universidade Católica Dom Bosco, Tamarandé Avenue, 6000. Jardim Seminário, Cep 79117-900, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brazil. <sup>b</sup>Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Conservação, Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Costa e Silva Avenue, Cep 79070-900, Campo Grande, Mato Grosso do Sul, Brazil. <sup>c</sup>Department of Veterinary Integrative Biosciences, Texas A&M University, 402 Raymond Stotzer Parkway, 4458, College Station, Texas, USA.

<sup>d</sup>Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Prof. Paulo Donato Castellane Street, Cep 14884-900, Jaboticabal, São Paulo, Brazil. <sup>e</sup>Laboratório de Biologia de Tripanosomatídeos, Instituto Oswaldo Cruz, Fundação Oswaldo Cruz, Brazil Avenue, 4365, Manguinhos, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil.

Los perros domésticos se consideran hospedadores reservorios de varios parásitos transmitidos por vectores. Este estudio tuvo como objetivo evaluar el papel de los perros domésticos como hospedadores para *Trypanosoma cruzi*, *Trypanosoma evansi* y *Leishmanias* pp. como único agente y co-infecciones en el asentamiento de Urucum, cerca de la frontera entre Brasil y Bolivia. Adicionalmente, evaluamos la participación de mamíferos salvajes en el mantenimiento de estos parásitos en el área de estudio. Se tomaron muestras de sangre de perros (n = 62) y seis especies de mamíferos silvestres (n = 36) en julio y agosto de 2015. Las infecciones se evaluaron mediante pruebas parasitológicas, serológicas y moleculares. Se realizó examen clínico de perros. y se notaron sus hábitos alimenticios. En general, el 87% (54/62) de los perros muestreados fueron positivos para al menos un tripanosomátido, con una sola especie (n = 9) y en coinfecciones (n = 45). Encontramos que el 76% de los perros fueron positivos para *T. cruzi*, cuatro de ellos mostraron altas parasitemias demostradas por hemocultivo, incluyendo una cepa tipo TcI, dos TcIII y una TcIII/TcV. Alrededor del 73% (45/62) de los perros fueron positivos para *T. evansi*, tres con parasitemias altas según lo visto por la técnica de centrifugación de microhematocrito. De los perros muestreados, el 50% (31/62) fue positivo para *Leishmania* spp. por PCR o serología. Encontramos una influencia positiva de (i) *T. evansi* sobre palidez mucosa, (ii) coinfección por *T. cruzi* y *Leishmania* con onicogriphosis, y (iii) todos los parásitos a lesiones de piel de los perros muestreados. Por último, se alimentan de mamíferos salvajes tuvo una influencia positiva en la infección en perros por *Leishmania* spp. Encontramos que 28% (5/18) del coati *Nasua nasua* estaba coinfectado por los tres tripanosomátidos, lo que demuestra que podría jugar

un papel clave en el mantenimiento de estos parásitos. Nuestros resultados mostraron la importancia de la región de Urucum como punto de acceso para *T. cruzi*, *T. evansi* y *Leishmania* spp. y demostraron que los perros pueden ser considerados como hospedadores incidentales.

□ R. COPE J.<sup>1</sup>, LANDA J.<sup>1,2</sup>, NETHERCUT H.<sup>1,3</sup>, COLLIER S. A.<sup>1</sup>, GLASER C.<sup>4</sup>, MOSER M.<sup>5</sup>, PUTTAGUNTA R.<sup>1</sup>, YODER J. S.<sup>1</sup>, ALI I. K.<sup>1</sup> & ROY S. L.<sup>6</sup> (2018). **La epidemiología y características clínicas de la enfermedad por *Balamuthia mandrillaris* en los Estados Unidos, 1974-2016.** (*The epidemiology and clinical features of *Balamuthia mandrillaris* disease in the United States, 1974-2016*). *Clinical Infectious Diseases*. 1-8. <https://doi.org/10.1093/cid/ciy813>

<sup>1</sup>Waterborne Disease Prevention Branch, Division of Foodborne, Waterborne, and Environmental Diseases, National Center for Emerging and Zoonotic Infectious Diseases, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Georgia. <sup>2</sup>James A. Ferguson Emerging Infectious Diseases Fellowship Program, Baltimore, Maryland. <sup>3</sup>Oak Ridge Institute for Science and Education, Tennessee. <sup>4</sup>Kaiser Permanente, San Francisco, California. <sup>5</sup>Office of Financial Resources, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Georgia. <sup>6</sup>Parasitic Diseases Branch, Division of Parasitic Diseases and Malaria, Center for Global Health, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Georgia.

Introducción. *Balamuthia mandrillaris* es una ameba de vida libre que causa una enfermedad rara, casi siempre mortal en humanos y animales en todo el mundo. *B. mandrillaris* ha sido aislada del suelo, polvo y agua. La entrada inicial de *Balamuthia* en el cuerpo es probablemente a través de la piel o pulmones. Hasta la fecha, solo se han publicado informes de casos individuales y pequeñas series de casos. Métodos. Los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC, por sus siglas en inglés) mantienen un registro de amebas de vida libre (FLA, por sus siglas en inglés) y laboratorio. Para ser inscrito en el registro, un caso por *Balamuthia* debe ser confirmado por laboratorio. Se utilizaron varias fuentes para completar las entradas en el registro, incluidos los formularios de informes de casos, los resultados de laboratorio de los CDC, los informes de casos publicados y la información de los medios. Se utilizó el software SAS © versión 9.3 para calcular estadísticas descriptivas y frecuencias. Resultados. Se identificaron 109 informes de casos de enfermedad por *Balamuthia* entre 1974 y

2016. La mayoría (99%) tenía encefalitis. La edad mediana fue de 36 años (rango 4 meses a 91 años). Los varones representaron el 68% de los casos de pacientes. California tuvo el mayor número de informes de casos, seguidos por Texas y Arizona. Los hispanos constituyeron el 55% para aquellos con etnicidad documentada. La exposición al suelo era comúnmente reportado. Entre aquellos con un resultado conocido, el 90% de los pacientes fallecieron. Conclusiones. La enfermedad por *Balamuthia* en los Estados Unidos se caracteriza por una encefalitis altamente mortal que afecta a pacientes de todas las edades. Los hispanos fueron afectados de manera desproporcionada. La región suroeste de los Estados Unidos reportó la mayoría de los casos. Conocimiento clínico de *Balamuthia* como causa de encefalitis puede llevar a un diagnóstico más temprano y al inicio del tratamiento, lo que se traduce en mejores resultados.

□ LARES-JIMÉNEZ L. F.<sup>1</sup>, BORQUEZ-ROMÁN M. A.<sup>2</sup>, ALFARO-SIFUENTES R.<sup>3</sup>, MEZA-MONTENEGRO M. M.<sup>4</sup>, CASILLAS-HERNÁNDEZ R.<sup>5</sup> & LARES-VILLA F.<sup>6</sup> (2018). **Detección de anticuerpos séricos en niños y adolescentes contra *Balamuthia mandrillaris*, *Naegleria fowleri* y *Acanthamoeba T4*.** (*Detection of serum antibodies in children and adolescents against *Balamuthia mandrillaris*, *Naegleria fowleri* and *Acanthamoeba T4**). *Exp. Parasitol.* **189**: 28-33. <https://doi.org/10.1016/j.exppara.2018.04.011>

<sup>1</sup>Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico. <sup>2</sup>Programa de Doctorado en Ciencias en Biotecnología, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico. <sup>3</sup>Programa de Maestría en Ciencias en Recursos Naturales, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico. <sup>4</sup>Departamento de Biotecnología y Ciencias Alimentarias, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico. <sup>5</sup>Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico. <sup>6</sup>Departamento de Ciencias Agronómicas y Veterinarias, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico; Programa de Doctorado en Ciencias en Biotecnología, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico; Programa de Maestría en Ciencias en Recursos Naturales, Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón, Son, Mexico.

La presencia de amebas de vida libre de los géneros *Naegleria*, *Acanthamoeba*. y *Balamuthia*, que contienen especies patógenas para humanos y animales, se ha demostrado varias veces y en diferentes ambientes acuáticos naturales en el noroeste de México. Con el objetivo de continuar

la adición al conocimiento sobre inmunología de amebas patógenas de vida libre, se estudiaron 118 sueros de niños y adolescentes, que viven en tres aldeas. Se analizó por duplicado la respuesta humoral de IgG contra *B.mandrillaris*, *N.fowleri*. y *Acanthamoebasp.* genotipo T4 a títulos 1:100 y 1:500, mediante inmunoensayo enzimático (ELISA). Las edades de niños y adolescentes oscilaron entre los 5 y los 16 años con una media de 9 años, 55% varones. Todos los sueros analizados fueron positivos para la dilución 1:100, y en los resultados obtenidos con la dilución 1:500, 116 de 118 (98,3%) fueron seropositivos para *N.fowleri*, 101 de 118 (85,6%) fueron seropositivos para *Acanthamoebasp.* genotipo T4, y 43 de 118 (36,4%) fueron seropositivos para *B.mandrillaris*. El análisis estadístico mostró diferentes distribuciones entre las tres comunidades y para las tres especies de amebas patógenas de vida libre, incluida la edad. Células lisadas y completas utilizadas como antígenos de *Balamuthia* dieron diferencias en la seropositividad.

□ VIETTRI M.<sup>a,b</sup>, HERRER L.<sup>a,c</sup>, AGUILAR C. M.<sup>d</sup>, MOROCOIMA A.<sup>e</sup>, REYES J.<sup>a</sup>, LARES M.<sup>a</sup>, LOZANO-ARIAS D.<sup>c</sup>, GARCÍA-ALZATE R.<sup>c</sup>, CHACÓN T.<sup>c</sup>, FELICIANGELI M. D.<sup>f</sup> & FERRER E.<sup>a,g</sup> (2018). **Diagnóstico molecular del *Trypanosoma cruzi/Leishmania spp.* coinfección en mamíferos domésticos, peridomésticos y silvestres de áreas co-endémicas de Venezuela.** (*Molecular diagnosis of *Trypanosoma cruzi/Leishmania spp.* coinfection in domestic, peridomestic and wild mammals of co-endemic areas of Venezuela*). *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports.* **14**: 123-130. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2018.10.002>

<sup>a</sup>Instituto de Investigaciones Biomédicas “Dr. Francisco J. Triana Alonso” (BIOMED), Universidad de Carabobo Sede Aragua, Maracay, estado Aragua, Venezuela. <sup>b</sup>Departamento de Clínico Integral, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo Sede Aragua, Maracay, estado Aragua, Venezuela. <sup>c</sup>Instituto de Zoología y Ecología Tropical (IZET), Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela (UCV), Caracas, Venezuela. <sup>d</sup>Centro de Investigaciones en Enfermedades Tropicales (CIET-UC), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo, San Carlos, Cojedes, Venezuela. <sup>e</sup>Centro de Medicina Tropical de Oriente, Universidad de Oriente (UDO) Núcleo Anzoátegui, Barcelona, estado Anzoátegui, Venezuela. <sup>f</sup>Centro Nacional de Referencia de Flebotomos, BIOMED, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo, Maracay, Venezuela. <sup>g</sup>Departamento de Parasitología, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Carabobo Sede Aragua, Maracay, estado Aragua, Venezuela.

La tripanosomiasis americana y la leishmaniasis son enfermedades causadas por protozoos de la

familia Trypanosomatidae. En Venezuela, aunque coinciden varios focos endémicos de ambas enfermedades, no hay informes de coinfección en mamíferos. Se realizó diagnóstico molecular de la coinfección *T. cruzi*-*Leishmania* spp. en 527 muestras de sangre recogidas en papel de filtro de varias especies de mamíferos (*Canis familiaris*, *Equus asinus*, *Didelphis marsupialis*, *Equus mulus*, *Rattus rattus*, *Equus caballus*, *Artibeus fraterculus*, *Felis catus*, *Sus scrofa*, *Bosta urus*, *Capra hircus* y *Sciurus granatensis*) de los estados Cojedes, Aragua, Anzoátegui, Guárico, Miranda y Distrito Capital. La infección por *T. cruzi* se determinó mediante la amplificación de ADN de los minicírculos de kinetoplasto (kADN) y ADN satélite (sDNA) por PCR. La infección por *Leishmania* spp. fue detectada por PCR anidada de *Leishmania* (Ln-PCR) y ADN ribosomal espaciador transcrito interno 1 PCR (ITS1-PCR). El porcentaje de infección por *T. cruzi* fue del 23,5%, por *Leishmania* spp. 12,9% y la coinfección fue del 5,7%. *D. marsupialis* fue la especie con mayor porcentaje de infección por cada parasitosis (*T. cruzi* 34,3%, *Leishmania* spp. 20,0%) y coinfección (14,3%). Anzoátegui fue el estado con el mayor porcentaje de infección por cada parasitosis (*T. cruzi* 64,9%, *Leishmania* spp. 64,9%) y coinfección (43,2%). Se determinó infecciones en especies no reportadas como reservorios naturales de *T. cruzi* (*E. asinus* y *E. mulus*) y de *Leishmania* spp. (*E. mulus* y *S. scrofa*). La coinfección fue un fenómeno frecuente en mamíferos en varias zonas coendémicas evaluadas.

□ KOMAKI-YASUDAK.<sup>1</sup>, PERPÉTUE VINCENT J.<sup>1,2</sup>, NAKATSU M.<sup>1</sup>, KATO Y.<sup>3</sup>, OHMAGARI N.<sup>3</sup> & KANO S.<sup>1,2</sup> (XXXX). **Un nuevo sistema basado en PCR para la Detección de cuatro especies de parásitos de la malaria humana y *Plasmodium knowlesi*.** (*A new PCR-based system for the detection of four species of human malaria parasites and Plasmodium knowlesi*). *PLoS ONE* **13(1)**: e0191886. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0191886>

<sup>1</sup>Department of Tropical Medicine and Malaria, Research Institute, National Center for Global Health and Medicine, 1-21-1 Toyama, Shinjuku-ku, Tokyo, Japan. <sup>2</sup>Graduate School of Comprehensive Human Sciences, University of Tsukuba, 1-1-1 Tennodai, Tsukuba, Ibaraki, Japan. <sup>3</sup>Disease Control and Prevention Center of National Center for Global Health and Medicine, 1-21-1 Toyama, Shinjuku-ku, Tokyo, Japan..

Un diagnóstico basado en microscopía es el estándar de oro para la detección e identificación de parásitos de la malaria en la sangre de un paciente.

Sin embargo, la detección de casos que involucran un bajo número de parásitos y la diferenciación de especies a veces requiere un experto microscopista. Aunque ya se sabe que los métodos de diagnóstico basados en PCR son herramientas muy poderosas, el tiempo requerido para aplicar tales métodos son aún más largos en comparación con la observación microscópica tradicional. Así, las mejoras a los sistemas de PCR son buscados para facilitar la detección más rápida y precisa de los parásitos de la malaria humana *Plasmodium falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale* y *P. malariae*, así como *P. knowlesi*, que es un parásito de la malaria del simio que actualmente se distribuye ampliamente en el sudeste asiático. Se realizó una PCR anidada que se dirige a los genes de la subunidad pequeña de ARN ribosomal de los parásitos de la malaria utilizando una “enzima de PCR rápida”. En la primera PCR, se utilizaron cebadores universales para todas las especies de parásitos. En la segunda PCR, se utilizaron cebadores específicos internos, que apuntaban secuencias de *P. falciparum*, *P. vivax*, *P. ovale*, *P. malariae* y *P. knowlesi*. El tiempo de reacción de PCR se redujo con el uso de la “enzima de PCR rápida”, con solo 65 minutos requeridos para realizar la primera y la segunda PCR. Los primers específicos solo reaccionaron con las secuencias blanco de las especies de parásito y nunca reaccionaron de forma cruzada con secuencias de otras especies bajo las condiciones de PCR definidas. Los diagnósticos de 36 muestras clínicas que se obtuvieron utilizando este nuevo sistema de PCR fueron altamente consistentes con los diagnósticos microscópicos.

□ KAPOOR G.<sup>1</sup>, SAIGAL S.<sup>2</sup> & ELONGAVAN A.<sup>3</sup> (2017). **Acción y mecanismos de resistencia de antibióticos: una guía para clínicos.** (*Action and mechanisms of antibiotic resistance: a guide for clinicians*). *J. Anaesthesiol. Clin. Pharmacol.* **33(3)**: 300-305. doi: 10.4103/joacp.JOACP\_349\_15: 10.4103/joacp.JOACP\_349\_15

<sup>1</sup>Department of Microbiology, Gandhi Medical College, Bhopal, Madhya Pradesh, India. <sup>2</sup>Department of Trauma and Emergency, AIIMS, Bhopal, Madhya Pradesh, India. <sup>3</sup>Department of Critical Care Medicine, Columbia Asia Hospital, Bengaluru, Karnataka, India.

Las infecciones representan una de las principales causas de muerte en todo el mundo en desarrollo. Esto se debe principalmente a la emergencia de

nuevos agentes infecciosos y, más específicamente, debido a la aparición de resistencia antimicrobiana. Con el tiempo, las bacterias se han vuelto más inteligentes y, junto con ello, el uso masivo e imprudente de los antibióticos en la práctica clínica han resultado en la resistencia de las bacterias a los agentes antimicrobianos. La resistencia antimicrobiana es reconocida como un problema importante en el tratamiento de infecciones microbianas. Los mecanismos de resistencia bioquímica utilizados por las bacterias incluyen los siguientes: inactivación de

antibióticos, modificación del blanco, alteración de la permeabilidad y “bypass” de la vía metabólica. La determinación de resistencia bacteriana a los antibióticos de todas las clases (fenotipos) y las mutaciones que son responsables de la resistencia a los antibióticos (análisis genético) es útil. La mejor comprensión de los mecanismos de la resistencia a los antibióticos ayudará a los clínicos en cuanto al uso de antibióticos en diferentes situaciones. Esta revisión discute el mecanismo de acción y el desarrollo de la resistencia en los antimicrobianos de uso común.

