

Revista de revistas

□ CHENET S. M.¹, OKOTH S. A.^{1,2}, HUBER C. S.¹, CHANDRABOSE J.⁴, LUCCHI N. W.¹, TALUNDZIC E.^{1,2}, KRISHNALALL K.⁴, CERON N.⁵, MUSSET L.⁷, OLIVEIRAA. M.¹, VENKATESAN M.³, RAHMAN R.⁶, BARNWELL J. W.¹ & UDHAYAKUMAR V.¹. (2015). **Independent emergence of the *Plasmodium falciparum* Kelch Propeller Domain mutant allele C580Y in Guyana.** (*Surgimiento independiente de la mutación del alelo C580Y del Dominio Propulsor Kelch de Plasmodium falciparum en Guyana*). *J. Infect. Dis.*, **213**: 1472-1475.

¹Malaria Branch, Division of Parasitic Diseases and Malaria, Center for Global Health, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta; ²Atlanta Research and Education Foundation, Georgia; ³President's Malaria Initiative; ⁴Guyana Ministry of Health; ⁵Pan American Health Organization-Guyana; ⁶National Malaria Program, Georgetown, Guyana; ⁷Laboratoire de Parasitologie, World Health Organization Collaborating Center for Surveillance of Antimalarial Drug Resistance, NRC for Malaria, Institut Pasteur de la Guyane, Cayenne, French Guiana.

La sospecha de resistencia a la artemisina en *Plasmodium falciparum* puede ser investigada mediante el examen de polimorfismos del dominio propulsor Kelch (PfK13). Se obtuvieron las secuencias de 98 muestras de Guyana para PFK13 y otros marcadores genéticos de resistencia. En cinco de estas muestras se evidenció la presencia del alelo C580Y en el dominio propulsor PFK13, con perfiles de microsatélites flanqueantes diferentes a los observados en el Sudeste Asiático. Estos datos moleculares demuestran el surgimiento independiente de la mutación C580Y K13 en muestras de Guyana, donde se han fijado alelos resistentes a drogas previamente utilizadas. Por consiguiente, en Guyana y países vecinos, es fundamental continuar la vigilancia molecular y la evaluación periódica de la eficacia terapéutica de tratamientos combinados con artemisina.

□ 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 basado en características moleculares y de la morfometría geométrica alar*). *Infect. Genet. Evol.*, **54**: 379-386.

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

Las similitudes morfológicas entre especies estrechamente relacionadas de *Anopheles* que difieren en características biológicas y en su papel en la transmisión de malaria representan un reto en entomología médica. Particularmente, en este trabajo se aplicó un análisis de morfometría geométrica, de la variación en la geometría alar, a especímenes identificados morfológica y molecularmente, para evaluar su potencial para la discriminación de 14 especies de *Anopheles* pertenecientes a los subgéneros *Nyssorhynchus*, *Anopheles* y *Kerteszia*. El código de barras genético (COI) permitió confirmar la asignación de especie, y la morfometría geométrica reveló diferencias en la forma alar, no solo a nivel del subgénero sino también, a nivel de especie. Cada subgénero presentó una tendencia particular en el tamaño alar, posiblemente relacionado a la historia evolutiva de estos linajes. La forma alar permitió la discriminación de especies, excepto para algunos taxones muy estrechamente relacionados. Estos hallazgos resaltan la importancia de usar aproximaciones complementarias, que involucren datos morfológicos y moleculares, para la discriminación de especies de *Anopheles*.

□ NARANJO-DÍAZ N.¹, ROSERO D. A.¹, RUA-URIBE G.², LUCKHART S.³ & CORREA M. M.¹ (2013). **Abundance, behavior and entomological inoculation rates of anthropophilic anophelines from a primary Colombian malaria endemic area.** (*Abundancia, comportamiento y tasas de inoculación entomológica de anofelinos antropofílicos de una importante área endémica para malaria en Colombia*). *Parasites & Vectors*, **6**: 61.

¹Grupo de Microbiología Molecular. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; ²Grupo de Entomología Médica. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; ³Department of Medical Microbiology and Immunology, University of California, Davis, CL, USA.

En Colombia y por varios años, la región de Urabá-Bajo Cauca and Alto Sinú ha registrado, el mayor número de casos de malaria en el país. La incriminación de vectores de malaria y la caracterización de parámetros entomológicos permitirán un mejor entendimiento de la dinámica de transmisión de la malaria y el diseño de estrategias de control vectorial efectivas para esta región. Se realizó un estudio longitudinal entre Noviembre de 2008 y Junio de 2010 para cuantificar parámetros entomológicos (abundancia y actividad de picadura) y de transmisión, incluyendo la tasa de infección (TI) y la tasa de inoculación entomológica (TIE), para incriminar los vectores anofelinos potenciales en tres localidades de una región endémica importante de malaria en Colombia, El Urabá-Bajo Cauca y Alto Sinú: La Capilla, Juan José y El Loro. En total, se colectaron 5316 mosquitos anofelinos, que representaron siete especies. *Anopheles nuneztovari* (69,5%) y *Anopheles darlingi* (22,2%) fueron las especies más abundantes, seguidos por *Anopheles pseudopunctipennis* (4,5%), *Anopheles albitarsis* s.l. (2%), *Anopheles triannulatus* linaje del noroccidente, *Anopheles punctimacula* y *Anopheles argyritarsis* (<1%, cada uno). Se detectaron tres especies infectadas naturalmente con *Plasmodium vivax*, *An. nuneztovari*, *An. darlingi* (TIs<1%) and *An. triannulatus* (TI=1.5%). Las TIE anuales para estas especies estuvieron en un rango de 3,5 a 4,9 picaduras infectivas por año. Estos resultados indican que *An. nuneztovari* y *An. darlingi* continúan siendo los vectores de malaria más importantes en esta región. *Anopheles triannulatus*, una especie de importancia local en otros países de Suramérica fue encontrado infectado naturalmente con *Plasmodium vivax* VK247; por lo cual, debe realizarse trabajo adicional para entender si esta especie tiene un rol en la transmisión de la malaria en esta región.

□ ESCOBAR D., ASCENCIO K., ORTIZ A., PALMA A. & FONTECHA G. (2020). **Distribution and phylogenetic diversity of *Anopheles* species**

in malaria endemic areas of Honduras in an elimination setting. (*Distribución y diversidad filogenética de especies de Anopheles en áreas endémicas de malaria de Honduras en un entorno de eliminación*). *Parasites & Vectors*, **13**: 333.

Microbiology Research Institute, Universidad Nacional Autónoma de Honduras, Tegucigalpa, Honduras.

Introducción: Los mosquitos del género *Anopheles* son los vectores de la malaria, una de las más importantes enfermedades infecciosas en los trópicos. Se han descrito más de 500 especies de *Anopheles* en el mundo, y más de 30 son consideradas como un problema de salud pública. En Honduras es escasa la información disponible sobre la distribución de los anofelinos y su diversidad genética. Este estudio tuvo como propósito describir la distribución y la diversidad genética de los mosquitos *Anopheles* en Honduras. Métodos: Se capturaron los mosquitos en 8 localidades de 5 departamentos endémicos para malaria durante 2019. Se utilizaron dos métodos de colecta. Mosquitos adultos fueron capturados en exteriores usando trampas de luz tipo CDC y mediante aspiración de mosquitos en reposo. La identificación morfológica fue realizada mediante claves taxonómicas. Los análisis genéticos incluyeron la secuenciación de una región parcial del gen citocromo oxidasa I (COI) y del segundo espaciador ribosomal (ITS2). Resultados: Un total de 1320 anofelinos fueron colectados e identificados. Se identificaron siete especies de *Anopheles*. La especie más abundante y más ampliamente distribuida fue *Anopheles albimanus* (74.02%). Para confirmar la identificación morfológica de los especímenes, 175 y 122 secuencias fueron obtenidas de COI e ITS2, respectivamente. Ambos marcadores confirmaron la identificación morfológica. COI reveló mayor diversidad nucleotídica que ITS2 en todas las especies. Se observó alta diversidad genética en las poblaciones de *An. albimanus*, mientras que *An. darlingi* mostró ser una población altamente homogénea. Los análisis filogenéticos mostraron patrones de agrupamiento en *An. darlingi* y *An. neivai*, con relación a especímenes de Sudamérica. En este estudio se reportan nuevas secuencias para *An. crucians*, *An. vestitipennis* y *An. neivai*. Conclusiones: Reportamos la distribución y la diversidad genética de las especies de *Anopheles* en áreas con transmisión endémica de malaria en Honduras. De acuerdo con nuestros resultados, ambos enfoques, taxonómico y molecular, son herramientas útiles para identificar mosquitos anofelinos. Sin embargo, ambos marcadores moleculares difieren en su capacidad de detectar diversidad genética intraespecífica. Estos resultados proveen información para comprender mejor la distribución de los vectores de malaria en Honduras.