

Revista de revistas

□ JASPREETTOOR¹, EMILY R ADAMS², MARYAMALIEE^{3,4}, BENJAMINAMOA⁵, ROY M ANDERSON^{6,7,8}, DIEPREYEAYABINA¹, ROBIN BAILEY⁹, MARIA-GLORIA BASÁÑEZ^{6,7}, DAVID J BLOK¹⁰, SETHBLUMBERG¹¹, ANNA BORLASE¹, ROCIO CAJA RIVERA¹², MARÍA SOLEDAD CASTAÑO^{13,14}, NAKULCHITNIS^{13,14}, LUC E COFFENG¹⁰, RONALD E CRUMP^{3,4,15}, AATREYEE DAS^{13,14}, CHRISTOPHER N DAVIS^{3,4}, EMMA L DAVIS¹, MICHAEL S DEINER^{11,16}, PETER J DIGGLE⁵, CLAUDIO FRONTERRE⁵, FEDERICA GIARDINA¹⁰, EMANUELEGIORGI⁵, MATTHEW GRAHAM^{1,17}, JONATHANIDHAMLEY^{6,7}, CHING-IHUANG^{3,4}, KLODETAKURA^{6,7}, THOMAS M LIETMAN^{11,16,18}, TIM C D LUCAS¹, VERONICAMALIZIA¹⁰, GRAHAM F MEDLEY¹⁷, ARONRAGMEEYAI¹⁷, EDWIN MICHAEL¹², TRAVIS C PORCO^{11,16,18}, JOAQUIN M PRADA¹⁹, KAT S ROCK^{3,4}, EPKE A LE RUTTE^{10,13,14}, MORGAN E SMITH¹², SIMON E F SPENCER^{4,20}, WILMA A STOLK¹⁰, PANAYIOTATOULOPOU²⁰, ANDREIA VASCONCELOS¹, CAROLINVEGVARI^{6,7}, SAKE J DE VLAS¹⁰, MARTIN WALKER^{6,21}, T DÉIRDREHOLLINGSWORTH¹ (2020).

Impacto previsto de COVID-19 en los Programas de Enfermedades Tropicales Desatendidas y la oportunidad de innovación. (*Predicted Impact of COVID-19 on Neglected Tropical Disease Programs and the Opportunity for Innovation*). *Clin Infect Dis*. c1aa933, DOI: <https://doi.org/10.1093/cid/c1aa933>. Online ahead of print..

¹Big Data Institute, Li KaShing Centre for Health Information and Discovery, Oxford, United Kingdom, ²Department of Tropical Disease Biology, Liverpool School of Tropical Medicine, Liverpool, United Kingdom, ³Mathematics Institute, University of Warwick, Coventry, United Kingdom, ⁴Zeeman Institute for

Systems Biology and Infectious Disease Epidemiology Research, University of Warwick, Coventry, United Kingdom, ⁵Centre for Health Informatics, Computing and Statistics, Lancaster University, Lancaster, United Kingdom, ⁶London Centre for Neglected Tropical Disease Research, Department of Infectious Disease Epidemiology, Imperial College London, London, United Kingdom, ⁷Medical Research Council Centre for Global Infectious Disease Analysis, Department of Infectious Disease Epidemiology, School of Public Health, Imperial College London, London, United Kingdom, ⁸The De Worm3 Project, Natural History Museum, London, United Kingdom, ⁹Faculty of Infectious and Tropical Diseases, London School of Hygiene and Tropical Medicine, London, United Kingdom, ¹⁰Department of Public Health, Erasmus University Medical Center Rotterdam, Rotterdam, The Netherlands, ¹¹Francis I Proctor Foundation, University of California, San Francisco, California, United States of America, ¹²Department of Biological Sciences, University of Notre Dame, Notre Dame, Indiana, United States of America, ¹³Department of Epidemiology and Public Health, Swiss Tropical and Public Health Institute, Basel, Switzerland, ¹⁴University of Basel, Basel, Switzerland, ¹⁵The School of Life Sciences, University of Warwick, Coventry, United Kingdom, ¹⁶Department of Ophthalmology, University of California, San Francisco, California, United States of America, ¹⁷Centre for Mathematical Modelling of Infectious Disease, London School of Hygiene and Tropical Medicine, London, United Kingdom, ¹⁸Department of Epidemiology & Biostatistics, University of California, San Francisco, California, United States of America, ¹⁹School of Veterinary Medicine, Faculty of Health and Medical Sciences, University of Surrey, Guildford, United Kingdom, ²⁰Department of Statistics, University of Warwick, Coventry, United Kingdom, ²¹London Centre for Neglected Tropical Disease Research, Department of Pathobiology and Population Sciences, Royal Veterinary College, University of London, Hatfield, Hertfordshire, United Kingdom.

Debido a la pandemia de COVID-19, se han pospuesto muchas actividades clave de las Enfermedades Tropicales Desatendidas (designadas NTD por sus siglas en inglés). Este obstáculo se produce en un momento en que las NTDs están progresando hacia sus ambiciosos objetivos para 2030. El modelo matemático de varias ETD, a saber, enfermedad del sueño gambiense, filariasis linfática, oncocercosis, esquistosomiasis, helmintiasis transmitidas por el suelo

(STH), tracoma y Leishmaniasis visceral, muestra que el impacto de esta interrupción variará entre enfermedades cruzadas. Los programas enfrentan un riesgo de resurgimiento, que será más rápido en áreas de alta transmisión. Además, de las enfermedades por administración masiva de fármacos, es probable que la esquistosomiasis, las STH y el tracoma encuentren un resurgimiento más rápido. Es probable que las enfermedades que detectan casos (enfermedad del sueño gambiense y Leishmaniasis visceral) tengan menos casos detectados, pero pueden enfrentar una tasa subyacente cada vez mayor de nuevas infecciones. Sin embargo, una vez que los programas puedan reanudarse, hay formas de mitigar el impacto y acelerar el progreso hacia los objetivos de 2030. Palabras clave: Enfermedades Tropicales Desatendidas, Coronavirus, Modelo matemático.

□ HENNING ULRICH 1, MICHELI M PILLAT 2, ATTILA TÁRNOK 3 4 5 (2020). **Fiebre del dengue, COVID-19 (SARS-CoV-2) y mejoramiento dependiente de anticuerpos (ADE): Una perspectiva.** (*Dengue Fever, COVID-19 (SARS-CoV-2), and Antibody-Dependent Enhancement (ADE): A Perspective*). *Cytometry A*. **97(7)**: 662-667. DOI: 10.1002/cyto.a.24047.

¹Department of Biochemistry, Institute of Chemistry, University of Sao Paulo, Sao Paulo, Brazil. ²Department of Microbiology and Parasitology, Health Sciences Center, Federal University of Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brazil. ³Institute for Medical Informatics, Statistics and Epidemiology (IMISE), University of Leipzig, Leipzig, Germany. ⁴Department of Therapy Validation, Fraunhofer Institute for Cell Therapy and Immunology IZI, Leipzig, Germany. ⁵Department of Precision Instrument, Tsinghua University, Beijing, China.

La pandemia de SARS-CoV-2 y las epidemias recurrentes de dengue en los países tropicales se han convertido en una amenaza para la salud mundial. Si bien ambas infecciones causadas por virus pueden revelar síntomas leves, también pueden causar enfermedades graves. Aquí, se analizó la posible aparición de un aumento dependiente de anticuerpos (designadas ADE, por sus siglas en inglés), conocido para las infecciones por dengue, cuando hay una segunda infección con una cepa de virus diferente. En consecuencia, los anticuerpos preexistentes no neutralizan la infección, sino que la potencian, posiblemente desencadenando la captación de virus mediada por el receptor de Fcγ. No existen datos clínicos que indiquen dicho mecanismo para el SARS-CoV-2, pero las infecciones previas por coronavirus o la infección

por el SARS-CoV-2 convaleciente con diferentes cepas del SARS-CoV-2 podrían promover el ADE, como se ha demostrado experimentalmente para los anticuerpos contra la proteína MERS-CoV o SARS-CoV spike S. Palabras clave: 2019-nCoV, COVID-19, SARS-CoV-2, aumento dependiente de anticuerpos.

□ FLORIANO AMIMO 1 2, BEN LAMBERT 3, ANTHONY MAGIT 4 (2020). **¿Qué significa la pandemia de COVID-19 para el control del VIH, la tuberculosis y la malaria?.** (*What does the COVID-19 pandemic mean for HIV, tuberculosis, and malaria control?*). *Trop Med Health*. **13**;48:32. DOI: 10.1186/s41182-020-00219-6.

¹Department of Global Health Policy, Graduate School of Medicine, The University of Tokyo, Tokyo, Japan. ²Faculty of Medicine, Eduardo Mondlane University, Maputo, Mozambique. ³MRC Centre for Global Infectious Disease Analysis, School of Public Health, Imperial College London, London, UK. ⁴Human Research Protection Program, University of California San Diego School of Medicine, San Diego, CA, US.

A pesar de su proporción mundial relativamente baja de casos y muertes en África en comparación con otras regiones, la enfermedad por coronavirus 2019 (COVID-19) tiene el potencial de desencadenar otras crisis más grandes en la región. Esto se debe a la vulnerabilidad de los sistemas económicos y de salud, junto con la alta carga del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), la tuberculosis (TB) y la malaria. Aquí examinamos las posibles implicaciones de COVID-19 en el control de estas enfermedades epidémicas más importantes en África. Usamos evidencia actual sobre la carga de enfermedad del VIH, la tuberculosis y la malaria, y la dinámica epidémica de COVID-19 en África, recuperada de la literatura. Nuestro análisis muestra que las medidas actuales para controlar el COVID-19 descuidan la realidad epidemiológica, social y económica en África. Existe una similitud de las características clínicas de la tuberculosis y la malaria con los casos de COVID-19 utilizados para el seguimiento. Esto, junto con la desconfianza institucional y la desinformación, puede dar lugar a que muchos pacientes con características clínicas similares a las del COVID-19 sean reacios a buscar voluntariamente atención en un centro de salud formal. Además, la mayoría de las personas en edad productiva en África trabajan en el sector informal, y la mayoría de las personas en el sector formal están subempleadas. Con las medidas actuales para controlar el COVID-19, estas poblaciones podrían enfrentar dificultades sin precedentes para acceder a los servicios esenciales, principalmente debido a la reducción de la capacidad de los pacientes para

soportar los costos médicos directos e indirectos, y la falta de disponibilidad de medios de transporte para llegar a las instalaciones de salud. Por lo tanto, si no se acompañan de las consideraciones económicas y epidemiológicas adecuadas, anticipamos que estas medidas pueden dar lugar a dificultades sin precedentes entre los segmentos vulnerables de la sociedad para acceder a los servicios esenciales, incluidos los medicamentos antirretrovirales y profilácticos entre las personas que viven con VIH para prevenir el síndrome de inmunodeficiencia adquirida, drogas anti-tuberculosis y tratamiento de la malaria. Esto puede aumentar la propensión de los pacientes a tomar dosis y/o medicamentos por debajo del estándar, lo que tiene el potencial de comprometer la eficacia y empeorar las calidades de salud en la región. Las respuestas de COVID-19 a nivel de país deben incluir medidas para proteger a los sectores vulnerables y desatendidos de la sociedad. Palabras clave: África, COVID-19, VIH, Sistemas de salud, Malaria, Tuberculosis.

❑ ZI-WEI YE 1, SHUOFENG YUAN 1, KIT-SAN YUEN 2, SIN-YEEFUNG 2, CHI-PING CHAN 2, DONG-YANJIN 2 (2020). **Orígenes zoonóticos de los coronavirus humanos.** (*Zoonotic origins of human coronaviruses*). *Int J Biol Sci.* **16(10)**: 1686-1697. DOI: 10.7150/ijbs.45472.

¹Department of Microbiology, The University of Hong Kong, Pokfulam, Hong Kong. ²School of Biomedical Sciences, The University of Hong Kong, Pokfulam, Hong Kong.

La mutación y la adaptación han impulsado la coevolución de los coronavirus (CoV) y sus huéspedes, incluidos los seres humanos, durante miles de años.

Antes de 2003, se sabía que dos CoV humanos (HCoV) causaban una enfermedad leve, como el resfriado común. Los brotes de síndrome respiratorio agudo severo (SARS) y el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS) han cambiado el valor de la zona hasta revelar cuán devastadora y potencialmente mortal podría ser una infección por HCoV. La aparición del SARS-CoV-2 en el centro de China a fines de 2019 ha vuelto a impulsar al CoV en el punto de mira y nos ha sorprendido con su alta transmisibilidad, pero su patogenicidad reducida en comparación con su hermana SARS-CoV. La infección por HCoV es una zoonosis y comprender los orígenes zoonóticos de los HCoV nos vendría bien. La mayoría de los HCoV proceden de los combates donde no son patógenos. También se conocen los anfitriones intermedios del depósito de algunos HCoV. La identificación de los huéspedes animales tiene implicaciones directas en la prevención de enfermedades humanas. La investigación de las interacciones CoV-huésped en animales también puede obtener información importante sobre la patogenia del CoV en humanos. En esta revisión, presentamos una descripción general del conocimiento existente sobre los siete HCoVs, con un enfoque en la historia de su descubrimiento, así como en sus orígenes zoonóticos y su transmisión entre especies. Es importante destacar que comparamos y contrastamos los diferentes HCoV desde una perspectiva de la evolución del virus y la combinación de genómeros. La epidemia actual de la enfermedad CoV2019 (COVID-19) se discute en este contexto. También se destacan los requisitos para cambios de hospedadores y las implicaciones de la evolución del virus en la gravedad de la enfermedad. Palabras clave: COVID-19, MERS-CoV, SARS-CoV, SARS-CoV-2, reservorio animal.