



Figura 1. Árbol Neighbor-Joining de las relaciones evolutivas de Virus de Varicela Zoster obtenido de la concatenación de las regiones génicas ORF 1, ORF 21, ORF 22, ORF 34, ORF 54, ORF 62 y R5. Se resaltan todos los clados identificados, los círculos corresponden a las muestras peruanas. Los triángulos corresponden a las vacunas pOka, vOka, VariVax, los asteriscos sobre cada nodo indican valores bootstrap mayores a 50.

1 (en rojo en la Figura 1), el mismo que está conformado por cepas circulantes en Alemania, Suecia, Reino Unido, EE.UU. y forman un sub-clado independiente; en tanto, solo una cepa pertenece al clado 6 (en verde en la Figura 1).

Las muestras peruanas aisladas entre 2016 y 2017 pertenecen a dos grupos genéticamente diferenciados (clados 1 y VI). Determinamos que las muestras peruanas con respecto a la vacuna VariVax presentan 29 cambios nucleotídicos y 13 a nivel aminoacídico. Las siete regiones empleadas para el análisis filogenético permiten caracterizar molecularmente las muestras peruanas almacenadas en el laboratorio de Sarampión y Rubéola; y podemos afirmar que corresponden a VZV. Sin embargo, mediante la secuenciación de alto rendimiento de todo el genoma, en el contexto de grandes virus de ADN, los datos recientes sugieren que los VZV también podrían considerarse candidatos para el modelado de la dinámica evolutiva de las poblaciones de estas especies y la diversidad dentro del huésped.

Agradecimientos: A Sara Martha Gordillo Vilchez e Irma Atalaya Atalaya.

Descargo de responsabilidad: las opiniones y afirmaciones contenidas aquí son propias de los autores y no deben interpretarse como posición oficial del Ministerio de Salud del Perú. Algunos de los autores de este trabajo (FJCY, NECP) laboran en el Centro Nacional de Salud Pública (CNSP) del Instituto Nacional de Salud (INS). El presente trabajo ha sido preparado como parte de sus funciones oficiales.

Fuente de financiamiento: el estudio fue financiado por la vigilancia de Sarampión y Rubéola (Instituto Nacional de Salud).

Conflictos de interés: los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Li Y, Zhu B. Genotyping of clinical varicella-zoster virus isolates collected from Yunnan in Southwestern China. *Biomed Rep.* 2016; 4(2):209-14. DOI: 10.3892/br.2015.562.
- Stucky BJ. SeqTrace: A Graphical Tool for Rapidly Processing DNA Sequencing Chromatograms. *J Biomol Tech JBT.* 2012; 23(3):90-93. DOI: 10.7171/jbt.12-2303-004.
- Benson DA, Cavanaugh M, Clark K, Karsch-Mizrachi I, Ostell J, Pruitt KD, et al. GenBank. *Nucleic Acids Res.* 2018; 46(D1):
- Katoh K, Misawa K, Kuma K, Miyata T. MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. *Nucleic Acids Res.* 2002; 30(14):3059-66.
- Vaidya G, Lohman DJ, Meier R. Sequence Matrix: concatenation software for the fast assembly of multi-gene datasets with character set and codon information. *Cladistics.* 2011; 27(2):171-80.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol Biol Evol.* 2016; 33(7):1870-4.
- Norberg P, Depledge DP, Kundu S, Atkinson C, Brown J, Haque T, et al. Recombination of Globally Circulating Varicella-Zoster Virus. *J Virol.* 2015; 89(14):7133-46.
- Zell R, Taudien S, Pfaff F, Wutzler P, Platzer M, Sauerbrei A. Sequencing of 21 Varicella-Zoster Virus Genomes Reveals Two Novel Genotypes and Evidence of Recombination. *J Virol.* 2012; 86(3):1608-22.

Correspondencia: Fredy James Condori Yujra.

Dirección: Calle Cápac Yupanqui 1400, Jesús María, Lima, Perú.

Teléfono: (511) 7481111.

Correo electrónico: fcondori@ins.gob.pe

Lutzomyia shannoni UN POTENCIAL VECTOR DE *Leishmania chagasi* EN MADRE DE DIOS, PERÚ

Lutzomyia Shannoni A POTENTIAL VECTOR OF *Leishmania chagasi* IN MADRE DE DIOS, PERU

Jesús Rojas-Jaimes ^{1,a}, Edwing Zuñiga-Requena ^{2,b}, Germán Correa-Núñez ^{3,c}

Sr. Editor. Los flebotominos o flebotomos son insectos artrópodos del orden Díptera ⁽¹⁾. Entre los flebotominos de mayor importancia en salud están los artrópodos del género

¹ Escuela de Medicina Humana, Universidad Científica del Sur. Lima, Perú.

² Laboratorio de Entomología, Instituto Nacional de Salud. Lima, Perú.

³ Departamento Académico de Ciencias Básicas, Universidad Nacional Amazónica de Madre de Dios. Madre de Dios, Perú.

^a Magister en biología molecular; ^b biólogo; ^c magister en salud ocupacional y medio ambiente

Recibido: 14/12/2017 Aprobado: 17/01/2018 En línea: 28/09/2018

Citar como: Rojas-Jaimes J, Zuñiga-Requena E, Correa-Núñez G. *Lutzomyia shannoni* un potencial vector de *Leishmania chagasi* en Madre de Dios, Perú. *Rev Peru Med Exp Salud Publica.* 2018;35(3): 534-6. doi: 10.17843/rpmesp.2018.353.3291.

Lutzomyia que están involucrados en la transmisión de los parásitos del género *Leishmania*, el cual causa desde úlceras a nivel epidérmico hasta la destrucción de tejidos viscerales⁽²⁾. La leishmaniasis está distribuida en setenta países alrededor del mundo y se reportan más de dos millones de nuevos casos por año⁽³⁾.

De las 500 especies de dípteros conocidos en Suramérica 30 son conocidas como vectores de la leishmaniasis⁽³⁾. En el Perú se han descrito 131 especies de *Lutzomyia*, y de estas cinco son vectores de leishmaniasis tegumentaria⁽⁴⁾. Además, en nuestro país entre las *Lutzomyia* vectores que causan la leishmaniasis cutánea estarían *Lutzomyia peruensis* (Shannon, 1929), *Lutzomyia ayacuchensis* (Cáceres & Galati, 1988), *Lutzomyia verrucarum* (Townsend, 1913), *Lutzomyia tejadai* (Galati & Cáceres, 1990) y *Lutzomyia pescei*. Es importante remarcar que en la región de Madre de Dios se reporta el 14,8% de los casos de leishmaniasis en Perú⁽²⁾.

Realizamos una colecta utilizando una trampa de luz tipo CDC en una sola noche en el mes de abril del 2016 en la región de Madre de Dios, provincia de Tambopata, distrito de Las Piedras, sector de Loboyoc, localidad: Fundo el Bosque, lugar «Vivero» (ubicado a 16,5 Km de la ciudad de Puerto Maldonado). Los artrópodos colectados fueron separados cuidadosamente y conservados en etanol de 96° en forma individual y enviados al laboratorio de entomología del Instituto Nacional de Salud, Lima, Perú donde a través de la microdissección y el uso de las claves taxonómicas usando las espermatecas de las lutzomyias fueron finalmente clasificadas.

El presente estudio identificó en orden de frecuencia a *Lutzomyia shannoni*, *Lutzomyia davisii*, *Lutzomyia choti* y *Lutzomyia aragaoi*. Una considerable diversidad a pesar de ser una sola captura. En los géneros *Trichophoromyia*/Ssp, *Lutzomyia*/ Ssp y un espécimen de *Psathyromyia*/Ssp, no fueron identificados las especies respectivas por encontrarse los artrópodos dañados en algunas secciones del cuerpo que son claves para la taxonomía.

En la región de Madre de Dios un estudio identificó en el distrito de Iberia, provincia de Tahuamanu a *Lu. auraensis* infectada con *L. (Viannia) braziliensis* y *L. (V.) lainsoni*, *Lu. davisii* infectada con *L. (Viannia) braziliensis* así como a *Lu. choti* en proporción de especímenes descendente respectivamente⁽³⁾. La especie de *Lu. Choti* ya ha sido reportado en Puerto Pardo en Madre de Dios⁽²⁾.

Una publicación del 2015 realizada en Madre de Dios sobre la diversidad de Lutzomyias identificó 47 diferentes especies. *Lu. aragaoi* es una especie endémica de Brasil que se caracteriza por ser muy fotofílica, fue colectada entre 1 a 20 metros del suelo en las zonas arbóreas. En este vector se identificó parásitos del género *Leishmania* alrededor de las cuevas de armadillos y en las colectas se han identificado en las zonas peridomiciliarias⁽¹⁾. Las localidades en Madre de Dios donde se encontraron estas especies fueron Laberinto, Puerto Pardo y Lago Valencia⁽²⁾.

En el caso de *Lu. shannoni* es uno de los de mayor distribución en el continente americano y es de hábitos antropofílico en zonas intra y peridomiciliarios⁽¹⁾. Se ha identificado infección natural con *Trypanosoma rangeli* en esta especie, y además es un vector de *Leishmania* (*L. chagasi*)⁽¹⁾. Adicionalmente un estudio mostró claramente la gran susceptibilidad de *Lu. shannoni* para infectarse con *L. chagasi/infantum* entre 200 a 500 promastigotes/vector siendo comparable con *Lu. longipalpis*⁽⁵⁾. Un estudio previo identificó esta especie en la localidad Bajo Madre de Dios⁽²⁾.

Lu. davisii es altamente antropofílica y se adapta bien a nivel peridomiciliario y se considera como agente transmisor de *L. (V.) braziliensis* y *L. (V.) naiffi*. Se ha logrado capturar a esta especie entre 1 a 20 metros sobre el suelo, aunque la mayor captura es a los 10 metros y al final de las épocas de lluvia cuando la humedad relativa ha disminuido⁽¹⁾. En Madre de Dios se le ha identificado en Boca Inambari, Laberinto, Villa Carmen, Itahuania, Boca Manu, San Juan Grande, Centro de Investigación y Capacitación Río Los Amigos (CICRA), Boca Amigo y Puerto Pardo⁽²⁾.

Se concluye que la región de Madre de Dios, provincia de Tambopata, distrito de Las Piedras, sector de Loboyoc es una zona endémica de leishmaniasis cercana a la carretera interoceánica con un tránsito fluido desde Brasil a Perú y de alta diversidad de Lutzomyias, con una presencia significativa de *Lu. shannoni* un potencial vector de *L. chagasi/infantum*. Esta circulación es un factor de riesgo significativo si ingresa al sector de Loboyoc algún reservorio/hospedero infectado con *L. chagasi/infantum* iniciando probablemente un proceso de leishmaniasis visceral en nuestro país a nivel humano y/o canes. Es necesario una vigilancia biológica y médica constante en este sector.

Tabla 1. Diversidad de subgéneros y especies de Lutzomyias colectadas en el distrito de Las Piedras en la ciudad de Puerto Maldonado, región de Madre de Dios, Perú 2016

Subgénero/ Especie	<i>Psathyromyia/ Lutzomyia shannoni</i>	<i>Aragaoi/ Lutzomyia aragaoi</i>	<i>Psychodopygus/ Lutzomyia davisii</i>	<i>Pressatia Lutzomyia choti</i>	* <i>Trichophoromyia/ Ssp</i>	* <i>Psathyromyia/ Ssp</i>	* <i>Lutzomyia/ Ssp</i>
Macho	2	1	1	0	0	0	0
Hembra	2	0	2	2	3	1	2
Total	4 (25%)	1 (6,25%)	3 (18,75%)	2 (12,5%)	3 (18,75%)	1 (6,25%)	2(12,5%)

*No se determinó la especie de *Lutzomyia*

Contribuciones de autoría: JRJ Y ERZ han participado en la concepción del artículo, la recolección de datos, su redacción, aprobación de la versión final y obtención de financiamiento. GCN participo en la colecta de campo y la redacción.

Fuentes de financiamiento: Universidad Científica del Sur.

Conflictos de interés: Los autores declaran no tener conflictos de interés

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Cazorla-Perfetti D. Lista comentada de los flebotominos (díptera: Psychodidae, Phlebotominae) citados para Venezuela. *Saber* . 2015;27 (2):178-231.
2. Lucero D. Factors Associated with Distribution of Leishmaniasis Disease and Vectors in Madre de Dios, Peru. [Tesis de Maestría]. Duke Global Health Institute Duke University. 2015.
3. Valdivia HO, De los Santos MB, Fernandez R, Baldeviano GC, Zorrilla VO, Vera H, *et al.* Natural Leishmania Infection of Lutzomyia auraensis in Madre de Dios, Peru, Detected by a Fluorescence Resonance Energy Transfer–Based Real-Time Polymerase Chain Reaction. *Am J Trop Med Hyg* 2012;87(3):511–517 doi:10.4269/ajtmh.2012.11-0708
4. Tejada A, Cáceres A, Miranda J, Palacios O, Zorrilla V. Vectores de la leishmaniasis tegumentaria en el valle del Rímac. *An Fac Med (Peru)*. 2003; 64(4):218-222
5. Ravi BL, Ferro C, Cadena H, Montoya-Lerma J, Adler GH. Canine visceral leishmaniasis: dog infectivity to sand flies from nonendemic areas. *Res Vet Sci*. 2002 Feb;72(1):83-6.

Correspondencia: Jesús Rojas Jaimés

Dirección: Km 19, Villa, Panamericana Sur, Villa El Salvador. Lima, Perú.

Correo electrónico: jesus.rojas.jaimes@gmail.com

NUEVO REGISTRO ALTITUDINAL DE *Aedes aegypti* EN LA REGIÓN DE PIURA, PERÚ

NEW ALTITUDINAL REGISTRATION OF *Aedes aegypti* IN THE REGION OF PIURA, PERU

Milagros More^{1,a}, Carlos Castañeda^{1,a},
Miguel Suyón^{2,a}

Sr. Editor. El *Aedes aegypti* es el principal vector del dengue, pero también de la fiebre amarilla urbana (FAU). En 1947, el Programa Continental de Erradicación del *Ae. aegypti* para el control de la FAU de la Organización Panamericana

de Salud (OPS) consiguió eliminar este vector en 18 países de la región, utilizando el insecticida organoclorado dicloro difenil tricloretano (DDT). Sin embargo, el deterioro de este programa al final de la década del 60 facilitó su reintroducción a partir de las áreas que no habían logrado eliminarlo y actualmente, la mayoría de los países de las Américas están infestadas por *Ae. aegypti*⁽¹⁾.

Debido al calentamiento global y a múltiples factores socioeconómicos regionales y locales, los patrones de distribución de *Ae. aegypti* han cambiado, con nuevos registros altitudinales y una extensa distribución en todos los continentes, incluidos Norteamérica, Europa y Asia. En Venezuela se encuentra por debajo de los 2000 metros de altitud y en Colombia, por primera vez se registró *Ae. aegypti* a 2302 metros de altitud, la mayor altitud registrada para este vector en este país⁽²⁾.

En el Perú, la reintroducción del *Ae. aegypti* fue detectada en 1984 en Loreto, luego se dispersó hacia regiones vecinas como San Martín y la selva central (Satipo y Chanchamayo)⁽³⁾. Hasta el 2017 se había identificado en 484 distritos y 22 regiones. En la región Huánuco se ha registrado la presencia de *Ae. aegypti* a diferentes altitudes; en mayo del 2015 se reportó en la localidad de Chulqui, perteneciente al distrito de Churubamba a 1900 metros de altitud⁽⁴⁾, del mismo modo en los distritos de Amarillis, Pillcomarca, Huánuco, Santa María del Valle, Cayran y Churubamba⁽⁵⁾, siendo por primera vez el registro más alto para el *Ae. aegypti* en el Perú a 2227 metros de altitud en la localidad de Cayran, provincia de Huánuco⁽⁶⁾.

El hallazgo de *Ae. aegypti* en nuevas regiones del Perú en los últimos años, posiblemente no se deba a una introducción reciente del vector, sino a una progresiva expansión hacia áreas favorables para su desarrollo. La vigilancia entomológica poco oportuna puede contribuir a una demora en el hallazgo del *Ae. aegypti* en nuevas localidades, con el consecuente riesgo de que una localidad o región en la cual no se conocía su presencia, pueda ocurrir la aparición de casos de enfermedades transmitidas por este mosquito (dengue, chikungunya, zika, fiebre amarilla), tal como ha sucedió en el distrito de Ayna, Ayacucho en el 2015⁽⁴⁾.

En la región Piura la presencia de *Ae. aegypti* se ha reportado en sus ocho provincias y en 49 distritos. En el 2005 se encontró *Ae. aegypti* en el distrito de Jilili, provincia de Ayabaca a 1319 metros de altitud, siendo esta la mayor altitud registrada hasta esa fecha. En la última semana de febrero del 2018, se realizó el monitoreo en la localidad de Huancabamba por la notificación de un caso de zika (semana epidemiológica seis) y uno de chikungunya (semana epidemiológica siete); ambos con resultado IGM positivo. En la localidad se colectaron 25 larvas y tres pupas posiblemente del vector *Ae. aegypti*, en llantas con agua almacenadas en un local donde brinda servicio de lavado de autos ubicado a 1959 metros de altitud (5°14'46.19"S, 79°27'17.53"O), encontrándose a 200 metros del establecimiento de salud de Huancabamba (Figura 1).

¹ Dirección Regional de Salud de Piura. Piura, Perú.

² Dirección General de Salud, Perú.

^a Biólogo

Recibido: 04/07/2018 Aprobado: 18/07/2018 En línea: 25/09/2018

Citar como: More M, Castañeda C, Suyón M. Nuevo registro altitudinal de *Aedes aegypti* en la región de Piura, Perú. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*. 2018;35(3): 536-7. doi: 10.17843/rpmesp.2018.353.3791.