

REVISTA PARASITOLOGÍA LATINOAMERICANA

Vol. 69/N° 2 – DICIEMBRE 2020

Versión: On-Line: 0719-6326

ARTÍCULOS ORIGINALES

- Identificación molecular de especies causantes de Leishmaniosis cutánea de cinco zonas endémicas de Costa Rica mediante la técnica de PCR-RFLP del gen Hsp70.
- Diagnóstico serológico y molecular aplicado a las parasitosis prevalentes y emergentes en Chile: Puesta al día.

“II CONGRESO CHILENO DE PARASITOLOGÍA”

DISCURSOS INAUGURALES

- Dra. Izkia Siches, Presidente del Colegio Médico de Chile.
- Dra. María José Ubilla, Presidenta Nacional del Colegio Veterinario de Chile.

CONFERENCIAS

- Actualización sobre el tratamiento de las enfermedades parasitarias humanas (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Cardiopatía chagásica.

SIMPOSIOS “II CONGRESO CHILENO DE PARASITOLOGÍA”

Simposio COVID-19 y Parasitología

- El origen zoonótico del SARS-COV-2.
- Epidemiología del COVID-19 en Chile.
- Drogas antiparasitarias y SARS-CoV-2.

Simposio: “Biología de *Trypanosoma cruzi*”

- Papel de las vesículas extracelulares como moduladores de la interacción parásito huésped en la enfermedad Chagas.
- Identificación y funcionalidad de las Prohibitinas 1 y 2 en *Trypanosoma cruzi*.
- Estrategias biológicas y de proteómica para el estudio de la virulencia de *Trypanosoma cruzi*

Simposio “Epidemiología de las parasitosis en Chile”

- Ecoepidemiología de la enfermedad de Chagas en Chile.
- La Región de Coquimbo: Hot Spot de la enfermedad de Chagas en Chile.
- Equinococosis en Chile.



Órgano Oficial de la SOCHIPA



Órgano Oficial de la Federación
Latinoamericana de Parasitólogos



Órgano Oficial de la Red de Zoonosis

Simposio: “Ecología y control de vectores”

- *Mepraia gajardoi*: Invasión de vinchucas en el Morro de Arica?.
- Nicho potencial de *Anopheles pseudopunctipennis*.
- Estimando la distribución y nicho ecológico de vectores: el caso de *Aedes aegypti*.

Simposio: “Parásitos en medicina veterinaria”

- Respuesta celular innata: Trampas extracelulares contra parásitos protozoarios y helmínticos
- Veintiún años de estudios de parásitos en fauna silvestre en Chile: avances, desafíos y proyecciones
- Variación espacio temporal de *Trichinella* sp en Chile y estudio de animales silvestres como parte del reservorio para el ser humano.

SIMPOSIO: “Parasitología médica”

- Hidatidosis o equinococosis quística.
- Tamizaje de gestantes, para enfermedad de Chagas.
- Imágenes en parasitosis del sistema nervioso central. Neurocisticercosis e Hidatidosis cerebral y espinal.

PRESENTACIÓN ESPECIAL “II CONGRESO CHILENO DE PARASITOLOGÍA”

Magíster en Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

TRABAJOS DE INGRESO “II CONGRESO CHILENO DE PARASITOLOGÍA”

- Ácaros trombicúlidos como vectores patógenos.
- Diagnóstico de *Sarcocystis* sp. en canales de bovinos de plantas faenadoras del sur de Chile.
- Caracterización del ciclo de *Echinococcus granulosus* sensu stricto en áreas rurales de la araucanía mediante análisis molecular.
- Aportes de la ecotomografía y resonancia magnética al estudio de parasitosis blandas.
- Reservorios animales del SARS-COV-2.
- Advential layer of *Echinococcus granulosus* cysts and co-infection with *Fasciola hepatica*: What we know so far.
- Prevalencia e identificación molecular de especies zoonóticas de *Anisakis* y *Pseudoterranova* en peces destinados a consumo humano en Chile.

PRESENTACIONES TRABAJOS LIBRES “II CONGRESO CHILENO DE PARASITOLOGÍA”

A: “EPIDEMIOLOGIA, PARASITOLOGÍA CLÍNICA Y BIOLOGÍA DE PARÁSITOS”

- Evolución y distribución del riesgo de enfermedad de Chagas en Chile entre 1989 y 2017. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Contribución de factores ambientales, variables sociodemográfica y urbanización a la mortalidad por Echinococosis quística humana en Chile (2001-2011). (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Distribución y factores de riesgo de Echinococosis quística en la Región del Libertador Bernardo O Higgins entre 2010 y 2016. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- 18 casos de infección humana por *Dibothriocephalus latus* (SYN. *Diphyllobothrium latum*), Chile.
- Teniasis por *Taenia saginata* en un paciente VIH inmigrante. Identificación molecular del parásito mediante PCR multiplex.
- Miasis cutánea furunculoide por *Dermatobia hominis*. Reporte de un caso en Chile.
- Estudio retrospectivo de brote familiar de triquinosis.
- Parásitos intestinales y calprotectina fecal en pacientes con espondiloartritis.
- Identificación de genotipos de *Blastocystis* spp. en pacientes diagnosticados con espondiloartritis y en sujetos control.
- Estudio de contactos familiares de gestantes positivas a enfermedad de Chagas, en control de 2017 a 2020 en los Poli de Chagas de los Hospitales Dr. Félix Bulnes Cerda y San Juan de Dios, del Servicio de Salud Metropolitano Occidente, Santiago, Chile.
- Tamizaje para enfermedad de Chagas (ECH) en gestantes, entre enero 2017-Septiembre 2020, en el Servicio de Salud Metropolitano Occidente (SSMOC), Santiago de Chile.

- Análisis de variación genética mediante PCR-ISSR, en plerocercoides de *Diphyllbothrium* sp. (Cobbold, 1858) de peces del Lago Colico, Región de la Araucanía. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Chemosensitization of *Trypanosoma cruzi* by probenecid and carbenoxolone. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Innexin homologue channel activated by hyperosmotic stress in *Trypanosoma cruzi*. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Search of pannexin homologues in *Giardia*.
- Caracterización del transcriptoma de *Echinococcus granulosus sensu stricto* y genes asociados a la evasión de la respuesta inmune

B: “ECOLOGIA, MEDICINA VETERINARIA Y SALUD AMBIENTAL”

- Monitoreo entomológico y parasitológico de triatominales en áreas del Campus de Ciencias Agrícolas de la Universidad Federal del Valle en Petrolina, Brasil. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Helmintos parásitos de *Hemidactylus mabouia* (GEKKONIDAE) en un área agrícola de fruticultura en el nordeste de Brasil. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Presencia de *Coenurus serialis* en conejos del sector periurbano de Padre las Casas (Región de la Araucanía, Chile): Alerta de una potencial zoonosis. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Detección de ADN de *Trypanosoma cruzi* en murciélagos de dos áreas protegidas del centro-norte de Chile: Antecedentes preliminares. Detection of *Trypanosoma cruzi* DNA in bats from two protected areas of central-northern Chile: Preliminary data. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Detección molecular de *Rickettsia* en pulgas de roedores de Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Primer registro y estudio de prevalencia de *Trichinella* en el visón americano (NEOVISON VISON) en la Región de Los Ríos, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Factores asociados con la detección de huevos de helmintos zoonóticos en áreas públicas de la ciudad de Concepción, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Análisis de la frecuencia de presentación de ectoparásitos en perros y gatos de la Comuna de Concepción, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).
- Revisión bibliográfica. Parásitos manipuladores en diversos taxa.
- *Sarcocystis* sistemática en cordero de Chile.
- Detección de *Toxoplasma gondii* en productos cárnicos disponibles para el consumo humano en Escocia, Reino Unido.
- Anisakidosis en pescados frescos comercializados en tres ciudades de la Región del Bío-Bío, Chile. 2018-2020
- Fauna parasitaria en ejemplares de *Dissostichus eleginoides* (PISCES: NOTOTHENIDAE) capturados en aguas de la zona centro-sur de Chile.
- Validación de una encuesta para caracterizar el diagnóstico de las principales parasitosis y el uso de la eficacia de antiparasitarios en caninos en Chile.

Volumen 69 N° 2- DICIEMBRE 2020

On-Line: 0719-6326



REVISTA
PARASITOLOGÍA
LATINOAMERICANA

Editor

Mauricio Canals (Chile)

Editores Asociados

Catalina Muñoz (Chile)
Fernando Fredes (Chile)
Inés Zulantay (Chile)
Jorge Gonzalez (Chile)
Marisa Torres (Chile)
Pedro E. Cattán (Chile)
Renzo Tassara (Chile)
Werner Apt (Chile)

Editores Adjuntos

Aldo Solari (Chile)	Jorge Sapunar (Chile)
Alejandro Llanos-Cueto (Perú)	Liliana Semenas (Argentina)
Alejandro Schijman (Argentina)	Luis Gil (Chile)
Ana Fliser (México)	Mario George Nascimento (Chile)
Anne Petavy (Francia)	Michael Miles (Alemania)
Arturo Ferreira (Chile)	Michel Tivarenck (Francia)
Benjamín Cimerman (Brasil)	Naftale Kats (Brasil)
Chris Schofield (Inglaterra)	Osvaldo Ceruzzi (Uruguay)
Claudio Lazzari (Argentina)	Patricia Muñoz (Chile)
Daniel González (Chile)	Patricio Torres (Chile)
David Botero (Colombia)	Paulo Coelho (Brasil)
David Gorla (Argentina)	Ramón Lazo (Ecuador)
Felipe Guhl (Colombia)	Raúl Romero (México)
George Hillyer (Puerto Rico)	Rodrigo Zeledón (Costa Rica)
Guillermo Denegri (Argentina)	Santiago Mas-Coma (España)
Héctor Alcaíno (Chile)	Telmo Fernández (Ecuador)
Isabel Noemí (Chile)	Thomas Weitzel (Alemania)
Ives Carlier (Bélgica)	

Secretaria

Ana Zulantay

Editorial

UN AÑO DURO

Hoy lamentamos alrededor de 65 millones de casos de COVID-19 en el mundo con 1,5 millones de fallecidos. Más de medio millón de casos en Chile con cerca de 20 mil fallecidos (incluyendo los casos probables). Esto significa que aproximadamente una de cada mil chilenos ya no están con nosotros hoy. Esta enfermedad ha puesto en evidencia la precariedad de nuestro sistema de salud. No todos accedieron a una salud eficiente y oportuna. Duelen especialmente los casos que tuvieron que esperar en servicios de urgencia o en ambulancias. Duelen todos aquellos que fallecieron fuera de una UCI.

Hemos debido adaptarnos a todo. Cambiar nuestro sistema de vida, nuestra forma de trabajo, cuidarnos y cuidar a nuestras familias. Hemos debido lamentar el fallecimiento de diecinueve colegas médicos contagiados por COVID en este año. Colegas jóvenes que han dado su vida cuidando la salud de los demás. Casos lamentables. Casos que duelen. Colegas jóvenes.

Sin necesidad de una relación con esta enfermedad, para la parasitología de Chile ha sido duro. Hemos tenido que despedir al Dr Hernán Reyes, al Dr César Náquira (gran colaborador de la parasitología chilena) y a dos queridos colaboradores, don Antonio Rojas y don Jorge Azocar.

Sin embargo, la vida sigue y nos adaptamos a las nuevas formas de trabajo y de desarrollar la academia. Seguimos investigando y reuniéndonos en torno a la Parasitología. Este diciembre rendimos tributo a los que no están, realizando nuestro Segundo Congreso Chileno de Parasitología, esta vez, “on-line”.

Mauricio Canals Lambarri (M.D., PhD.)
Editor
Parasitología Latinoamericana

Sr. Antonio Rojas

(Q.E.P.D.)

15 de mayo 1936 – 27 de febrero 2020



El Sr. Antonio Rojas fue un extraordinario colaborador en el área norte de la Facultad de Medicina de la Universidad de Chile. Durante más de 40 años se dedicó a la crianza y mantención del *T. infestans* en el tercer piso de Parasitología Norte. Aplicaba con mucho criterio una clave entomológica que era de su propiedad. Una de las actividades que más le agradaba, eran los viajes a terreno para realizar investigaciones sobre la enfermedad de Chagas. Acompañaba en estos viajes al Dr. Hugo Schenone (Q.E.P.D.), realizando encuestas epidemiológicas. Muchas veces estas actividades las realizaba solo, sin ayuda médica, junto a Sandro Navia, chofer de la Facultad de Medicina de la Universidad de Chile. Tuve la suerte de trabajar desde el año 2000 al 2019, con “don Antonio”, como le llamábamos en múltiples viajes a la IV Región, a las localidades de Illapel, Salamanca, Combarbalá, Caimanes, Los Vilos, etc., formando parte del equipo de investigadores de la enfermedad de Chagas en terreno, junto a los Doctores Arturo Arribada, Dra. Inés Zulantay y nuestro colaborador Sandro Navia. Él se encargaba de la obtención de las muestras de sangre y realizaba los ECG. Durante los 20 años que trabajó con nosotros y 20 años que colaboró con el Dr. Schenone, don Antonio demostró ser una persona muy responsable, de buen criterio y espíritu jovial. Cuando existía algún problema en las salidas a terreno, siempre trataba de llegar a alguna solución. La Parasitología chilena ha perdido a uno de sus colaboradores más ilustres. Damos nuestra sinceras condolencias a sus hijos y familiares.

Dr. Werner Apt Baruch

Sr. Jorge Azócar González
(Q.E.P.D.)

12 de marzo 1931 – 17 de julio 2020



El Sr. Jorge Azócar fue un gran colaborador nuestro, primero en la sede sur y luego en la Sede Norte cuando nos trasladamos. Trabajó más de 40 años con el suscrito, siempre como auxiliar técnico en la preparación de los exámenes parasitológicos de heces (PSH). Aunque jubilado, siguió trabajando, hasta mediados del 2019, habiendo cumplido más de 80 años.

Cuando el suscrito formó un laboratorio privado de Parasitología, el Sr. Jorge Azócar lo acompañó junto a la Srta. microscopista Gabriela Doren (Q.E.P.D.) por más de 25 años, fecha en que el laboratorio se disolvió. El Sr. Azócar fue un ejemplo de honradez, puntualidad y eficiencia en el trabajo, modesto y reservado en su quehacer. Se podía confiar plenamente en su labor.

Hemos perdido a un gran asistente, damos nuestras sinceras condolencias a esposa, hijos y familiares.

Dr. Werner Apt Baruch

Parasitología médica y/o veterinaria: investigación original

Identificación molecular de especies causantes de Leishmaniosis cutánea de cinco zonas endémicas de Costa Rica mediante la técnica de PCR-RFLP del gen Hsp70

Molecular identification of species causing cutaneous Leishmaniasis of five endemic areas of Costa Rica through PCR-RFLP technique of the Hsp70 gene

ERICK CAMPOS-FUENTES¹, ALFREDO CASTRO-CASTILLO², NIDIA CALVO-FONSECA¹,
CARLOS MATA-SOMARRIBAS¹, MÓNICA PRADO-PORRAS²

¹ Centro Nacional de Referencia en Parasitología, Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud. Contacto efcampos@inciensa.sa.cr

² Departamento de Parasitología, Universidad de Costa Rica

Autor de correspondencia: Erick Francisco Campos
E.mail: efcampos@inciensa.sa.cr

Recibido: 14.11.2020 Aceptado: 29.11.2020

Summary

In Costa Rica leishmaniasis is an endemic disease; Since the late 1990s there was no information on circulating species, at that time two species were identified: *L. panamensis* and *L. braziliensis*, as causes of cutaneous leishmaniasis.

In this study, 72 *Leishmania* strains from a strain bank of the National Center of Parasitology Reference (CNRP) from Costa Rican Institute of Research and Teaching in Nutrition and Health (INCIENSA) were analyzed using the Restriction fragment length Polymorphism (RFLP). The analysis performed showed the presence of three *Leishmania* species distributed in five endemic foci *L. panamensis* (43 strains), *L. braziliensis* (15 strains, which were considered atypical due to the electrophoretic profile) and *L. guyanensis* (2 strains). In addition, a total of 12 strains had a mixed pattern of *L. panamensis* and *L. guyanensis*, for which they were considered hybrid strains

Resumen

En Costa Rica la leishmaniosis es una enfermedad endémica; desde finales de los años noventa no se contaba con información de las especies circulantes, en ese momento se identificaron dos especies: *L. panamensis* y *L. braziliensis*, como causantes de la leishmaniosis cutánea.

En este estudio se analizaron, mediante la técnica de Polimorfismos en la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP), 72 aislamientos de *Leishmania* de un banco del Centro Nacional de Referencia en Parasitología (CNRP) del Instituto Costarricense de Investigación y Enseñanza en Nutrición y Salud (INCIENSA), el análisis realizado mostró la presencia de tres especies de *Leishmania* distribuidas en cinco focos endémicos *L. panamensis* (43 aislamientos), *L. braziliensis* (15 aislamientos, que por el perfil electroforético se consideraron atípicos) y *L. guyanensis* (2 aislamientos). Además un total de 12 presentaban un patrón mixto de *L. panamensis* y *L. guyanensis* por lo que se consideraron híbridos.

Palabras clave: ADN, HSP 70, PCR, RFLP, *Leishmania*, enzimas de restricción.

Introducción

La Leishmaniosis es un complejo de enfermedades causada por protozoos del género *Leishmania*, que se dividen en dos subgéneros *Leishmania* y *Viannia*. Las formas infectantes de *Leishmania* para el hospedero se transmiten por la picadura de la hembra del insecto vector flebótomo (1,2). Aproximadamente 20 especies de *Leishmania* se consideran patógenos para los seres humanos. El cuadro clínico se manifiesta en formas cutáneas, mucosas, mucocutáneas y viscerales. Esta enfermedad se presenta en 88 países de casi todas las latitudes y 368 millones de personas se encuentran en riesgo de contraerla (3). Desde finales de los años noventa se reportó la circulación de dos especies: *L. panamensis*, (la más frecuente) y *L. braziliensis*, como causantes de la leishmaniosis cutánea y muco-cutánea, respectivamente (4,5). En ese momento fueron identificadas con electroforesis de isoenzimas y de inmunofluorescencia indirecta con anticuerpos monoclonales. Aunque el análisis de isoenzimas continúa siendo la técnica de referencia para la tipificación, otros métodos, basados en la PCR y sus variantes, se han utilizado para discriminar entre las especies causantes de las lesiones cutáneas (6,7). La PCR asociada a polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción (PCR-RFLP) se ha utilizado para discriminar entre las especies de *Leishmania* en la región neotropical (8). La PCR-RFLP es un método que detecta la variación entre los patrones de fragmentos de ADN producidos por la digestión con enzimas de restricción visualizada mediante electroforesis en gel

La variación de longitud y la diferencia en los números y patrones de los fragmentos se pueden utilizar para la diferenciación de especies de *Leishmania* (9,10).

El gen de la proteína de choque térmico 70 (HSP70) ha sido ampliamente utilizado como blanco para estudios taxonómicos y filogenéticos de *Leishmania*. García y colaboradores (11) fueron los primeros en explotar la variabilidad del gen de la HSP70 para la discriminación de especies del subgénero *Viannia* de *Leishmania* con base al análisis de polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción RFLP. Montalvo *et al.*, incrementaron el número de enzimas de restricción para permitir la tipificación de todas las especies de *Leishmania* independientemente del origen o subgénero (12,13).

El objetivo de este estudio fue identificar las especies de *Leishmania sp.* de aislamientos provenientes de cinco zonas endémicas para la leishmaniosis cutánea en Costa Rica, por la técnica de PCR-RFLP

Materiales y métodos

La Leishmaniosis es un complejo de enfermedades causada por protozoos del género *Leishmania*, que se dividen en dos subgéneros *Leishmania* y *Viannia*. Las formas infectantes de *Leishmania* para el hospedero se transmiten por la picadura de la hembra del insecto vector flebótomo (1,2). Aproximadamente 20 especies de *Leishmania* se consideran patógenos para los seres humanos. El cuadro clínico se manifiesta en formas cutáneas, mucosas, mucocutáneas y viscerales. Esta

enfermedad se presenta en 88 países de casi todas las latitudes y 368 millones de personas se encuentran en riesgo de contraerla (3). Desde finales de los años noventa se reportó la circulación de dos especies: *L. panamensis*, (la más frecuente) y *L. braziliensis*, como causantes de la leishmaniosis cutánea y muco-cutánea, respectivamente (4,5). En ese momento fueron identificadas con electroforesis de isoenzimas y de inmunofluorescencia indirecta con anticuerpos monoclonales. Aunque el análisis de isoenzimas continúa siendo la técnica de referencia para la tipificación, otros métodos, basados en la PCR y sus variantes, se han utilizado para discriminar entre las especies causantes de las lesiones cutáneas (6,7). La PCR asociada a polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción (PCR-RFLP) se ha utilizado para discriminar entre las especies de *Leishmania* en la región neotropical (8). La PCR-RFLP es un método que detecta la variación entre los patrones de fragmentos de ADN producidos por la digestión con enzimas de restricción visualizada mediante electroforesis en gel. La variación de longitud y la diferencia en los números y patrones de los fragmentos se pueden utilizar para la diferenciación de especies de *Leishmania* (9,10).

El gen de la proteína de choque térmico 70 (HSP70) ha sido ampliamente utilizado como blanco para estudios taxonómicos y filogenéticos de *Leishmania*. García y colaboradores (11) fueron los primeros en explotar la variabilidad del gen de la HSP70 para la discriminación de especies del subgénero *Viannia* de *Leishmania* con base al análisis de polimorfismos de longitud de los fragmentos de restricción RFLP. Montalvo et al., incrementaron el número de enzimas de restricción para permitir la tipificación de todas las especies de *Leishmania* independientemente del origen o subgénero (12,13).

El objetivo de este estudio fue identificar las especies de *Leishmania sp.* de aislamientos provenientes de cinco zonas endémicas para la leishmaniosis cutánea en Costa Rica, por la técnica de PCR-RFLP

Resultados

Luego de la PCR de punto final con cebadores específicos para la proteína de choque térmico Hsp70 se obtuvieron los amplicones del tamaño esperado (1400 pb) que corresponden al género *Leishmania sp.* de todos los aislamientos clínicos analizados en este estudio.

Se estandarizó la caracterización de las especies de *Leishmania*, sometiendo el producto amplificado (1400 pb) de las cepas de referencia y las cepas en estudio al análisis de RFLP. En un primer ensayo se utilizó la enzima de restricción Hae III.

Los aislamientos que resultaran con un patrón similar a la cepa de referencia de *L. panamensis* y/o *L. guyanensis* se les realizaba una segunda digestión con la enzima BclI y los que presentaron patrones similares

L. braziliensis se les realizó otra restricción adicional al ADN amplificado, con la enzima Rsa I, según el protocolo propuesto por Montalvo et al., 2016 (14). Cada cepa de referencia produjo un patrón particular y característico que se comparó contra los aislamientos de estudio (Figura 1) para determinar las especies infectantes. Al realizar la primera restricción con Hae III, se observó que de las 72 aislamientos, 57 presentaban un perfil electroforético similar a las cepas control de *L. panamensis* y *L. guyanensis* y el resto un perfil similar a *L. braziliensis*, no obstante estas últimas presentaron una banda adicional de 265 pb que también contenían las cepas de *Leishmania panamensis* pero no así la cepa de referencia de *L. braziliensis* (Figura 1).

Luego del análisis con la enzima de restricción RsaI se observó que los aislamientos con patrón similar a *L. braziliensis* con la HaeIII presentaron un patrón idéntico que la cepa control de *L. braziliensis* con la RsaI (15 muestras en total) lo cual nos confirman que estas cepas corresponden a esta última especie.

Posteriormente se realizó una segunda digestión con la enzima BclI a los aislamientos del binomio *L. panamensis/L. guyanensis* que permitió diferenciar entre *L. panamensis* y *L. guyanensis*. Se logró identificar 43 especies correspondientes con los patrones del control de referencia de *L. panamensis* y dos especies presentaron el mismo patrón correspondiente a la cepa de referencia de *L. guyanensis* (Figura 2B), sin embargo un grupo de 12 aislamientos, tenían un patrón que no era consistente con ninguno de los patrones observados en las cepas de referencia de *L. panamensis* ni de *L. guyanensis*, pero que sí tenían la banda de aproximadamente 325 bp que presentaba el control de *L. guyanensis*. Estas cepas preliminarmente se consideraron como *L. guyanensis* atípicas (Figura 2A).

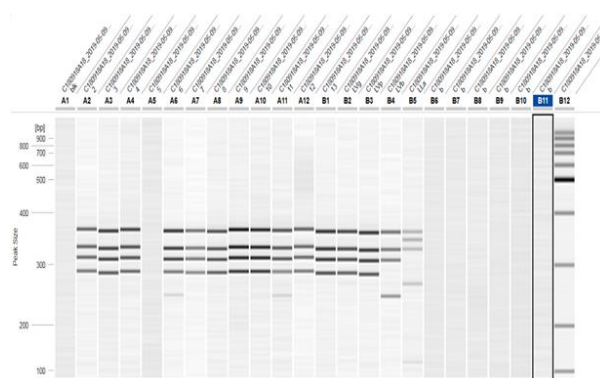


Figura 1 PCR-RFLP del gen de *hsp70* utilizando la enzima de restricción Hae III, para la identificación de especies de *Leishmania* en muestras clínicas de pacientes con LC, y los respectivos controles, visualizadas en electrophoresis capilar. *L. panamensis* (líneas A2-A4) (líneas A7-A10) (líneas A12-A13) y *L. braziliensis* (A6,A11), línea B2 cepa control referencia *L. guyanensis*, línea B3 cepa control referencia *L. panamensis*, línea B4 cepa control referencia *L. braziliensis*, B5 cepa control referencia *L. amazonensis*, los productos de las digestiones enzimáticas se realizaron utilizando el ADN genómico amplificado del gen Hsp70 tanto de las muestras como controles. Línea B12 marcador de peso molecular de 100-1000 pb.

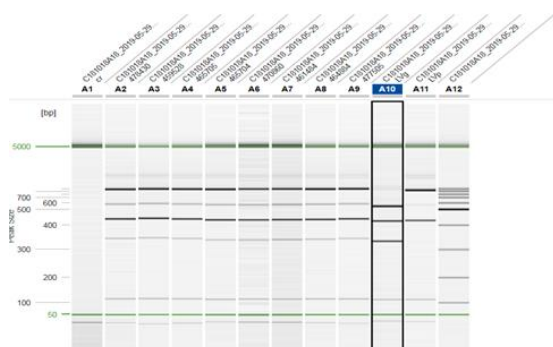


Figura 2A. PCR-RFLP del gen de *hsp70* utilizando la enzima de restricción *BclI*, para la identificación de especies de *Leishmania* en muestras clínicas de pacientes con Leishmaniosis cutánea, y los respectivos controles, visualizadas en electroforesis capilar, *L. panamensis/guyanensis* (líneas A2–A9), línea A10 cepa control referencia *L. guyanensis*, línea A11 cepa control referencia *L. panamensis*. Línea B12 marcador de peso molecular de 100-1000 pb.

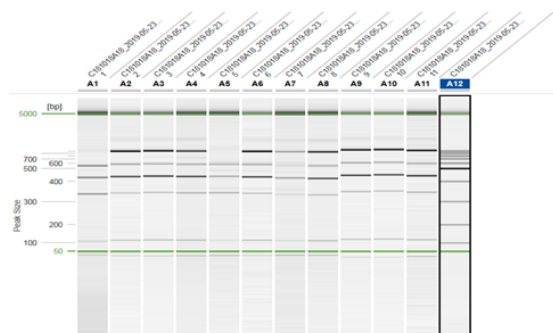


Figura 2B. Líneas A1 y A4 muestras clínicas con patrón similar a *L. guyanensis* el resto de las líneas presentan corresponden a muestras clínicas con un patrón similar a *L. V. panamensis*

Discusión

En años recientes el gen que codifica la proteína de choque térmico de 70 kDa se ha ubicado entre las dianas más utilizadas para la detección y la tipificación de *Leishmania* sp. Con el protocolo diseñado por García, et al. (11,12), se han reportado nuevas restricciones enzimáticas basadas en la misma PCR, que permitieron distinciones aún no registradas de especies o grupos de especies. El análisis de los aislamientos mediante el ensayo de restricción enzimática utilizando la enzima *Hae III*, permite observar un patrón de bandas idéntico al presentado por la cepa de referencia de *L. panamensis*, destacándose una banda de 265 bp, sin embargo otras cepas presentaron además de esta banda otra adicional de 225 bp que se asocia más a *L. braziliensis*. Esto sugiere que pueden ser cepas atípicas de *L. braziliensis* con una banda adicional. Algunos estudios identificaron un grupo de cepas de *L. braziliensis* que son genéticamente

distintos de los principales del complejo *braziliensis* donde se encuentra *L. braziliensis-L. peruviana*, grupo que comprende además parásitos de diferentes países (16,17). Este grupo ha recibido varios nombres, como "outlier *L. braziliensis*", "*L. braziliensis* atípica" o "*L. braziliensis* tipo 2" (18-20). Se necesita un estudio filogenético más detallado para dilucidar el estado taxonómico de los "outliers" de *L. braziliensis*, ya que algunos marcadores los colocan a la misma distancia de *L. braziliensis*, no así en complejos de otras especies (16).

Un total de 12 cepas compartían bandas en común entre *L. panamensis* y *L. guyanensis* no se pudieron clasificar como de una u otra especie, situación que requiere de estudios adicionales como la secuenciación de genoma completo para determinar si se trata de especies híbridas o especies atípicas de una misma especie. Desde el punto de vista filogenético, *L. panamensis* y *L. guyanensis* forman un complejo monofilético (21). Dentro de este complejo, ambas especies forman subgrupos monofiléticos, que muestran una clara separación. Sin embargo, otros autores sugieren por datos de la *hsp70* identificar todas las especies en el complejo como *L. guyanensis*, con la subespecie *L. guyanensis panamensis* y no como una especie monofilética (21).

En este estudio se demostró además la presencia de *L. V. guyanensis* (2 aislamientos en total) especie que no había sido reportada anteriormente en el país. Dado el constante flujo de especies, vectores y reservorios de *Leishmania*, entre países de Centro y Suramérica es necesario desde el punto de vista epidemiológico, determinar las especies de *Leishmania* circulantes. Adicionalmente se debe considerar el fenómeno de migraciones humanas entre los países de la región, como es el caso de indígenas panameños que se desplazan temporalmente a Costa Rica para realizar labores agrícolas, principalmente en la región Sur del país (donde se detectó la especie *L. guyanensis*), lo cual podría favorecer la introducción de nuevas especies.

En este estudio se observó que la utilización de la PCR RFLP del gen de la *hsp 70* permite discriminar claramente entre complejos dentro del subgénero *Viannia*. La PCR-RFLP utilizada puede ser una alternativa simple y precisa para detectar y caracterizar parásitos de *Leishmania*. Una ventaja adicional que se menciona en la literatura es la posibilidad de realizar esta técnica directamente de muestras clínicas como raspados de la lesión, reduciendo el tiempo y costo, evitando la opción laboriosa del cultivo masivo del parásito (22). El gen *hsp70* ha sido evaluado para casi todas las especies circulantes en el mundo, con resultados que demuestran su capacidad discriminatoria (23,24)

No obstante, ningún método basado en la PCR se considera hasta el momento de referencia en la tipificación de especies de *Leishmania*, la falta de consenso se puede deber a la carencia de reportes sobre la estandarización, controles de calidad y evaluaciones

multicéntricas de los protocolos que se aplican, casi siempre adecuados a las condiciones de un país o zona geográfica. (25,26).

En la actualidad ante los fenómenos de migraciones humanas y los cambios drásticos en el clima debido al calentamiento global, es importante disponer de herramientas que tengan un alcance global, aplicable a diversas situaciones epidemiológicas y donde el desarrollo tecnológico, permita beneficiar a personas sobre todo de áreas endémicas y que se encuentren en riesgo de padecer esta enfermedad desatendida y ligada sobre todo a personas pobres y marginadas en sus respectivos países (27).

La identificación de parásitos no debe sólo limitarse a la determinación de especies. Si bien las especies particulares pueden asociarse con ciertas formas de la enfermedad o pueden afectar el pronóstico y la cura, es importante realizar la tipificación cuando sea clínicamente relevante y permite adicionar un valor agregado al diagnóstico rutinario.

Condiciones Éticas

Este proyecto fue aprobado por el comité Ético científico de la Universidad de Costa Rica según consta en el oficio VI-9229-2017 del 18 de diciembre de 2017 así como la aprobación del Comité Ético Científico de INCIENSA según el oficio INCIENSA-CEC-of- 2018-042 del 22 de junio de 2018.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses.

Referencias

- Desjeux, P. 2001. The increase of risk factors for leishmaniasis worldwide. *Trans. R. Soc. Trop. Med. Hyg.* 95: 239-243.
- Desjeux, P. 2004. Leishmaniasis: current situation and new perspectives. *Comp. Immunol. Microbiol. Infect. Dis.* 27, 305-318.
- World Health Organization. Tropical disease research. Progress 1975-94, highlights 1993-94. 1995. Twelfth Programme Report of the UNDP/World Bank/ WHO Special Programme for Research and Training in Tropical Disease (TDR). Geneva: WHO; p.135-46.
- Jaramillo-Antillón O, Espinoza-Aguirre A, Lobo-Philp R. 2009. Estado actual de la leishmaniasis en Costa Rica. *Acta méd. costarric.* 51:158-164.
- Peraza J, Urbina A, Zeledón R. Zymodeme and Serodeme Characterisation of *Leishmania* Isolates Obtained from Costa Rican Patients. *Mem. Inst. Osvaldo Cruz. Río de Janeiro.* 1998; 93:283-287.
- Tavares CA, Fernandes AP, Melo MN. 2003. Molecular diagnosis of leishmaniasis. *Expert Rev Mol Diagn.* 3:657-67.
- Cupolillo E, Grimaldi G Jr, Momen H, Beverly SM. 1995. Intergenic region typing (IRT): a rapid molecular approach to the characterization and evolution of *Leishmania*. *Mol Biochem Parasitol.* 73:145-55.
- Montalvo AM, Monzote L, Fraga J, Ivón Montan, Carlos Muskus, Marcel Marín, Simonne de Doncker, Iván Darío Vélez, Jean Claude Dujardin. 2008 PCR-RFLP y RAPD para la tipificación de *Leishmania* neotropical. *Biomédica.* 28:597-606.
- Marfurt, J., Niederwieser, I., Makia, N.D., Beck, H.P., Felger, I., 2003. Diagnostic genotyping of old and new world leishmania species by PCR-RFLP. *Diagn. Microbiol. Infect. Dis.* 46, 115e124.
- Akhoundi, M., Hajjarian, H., Baghaei, A., Mohebbali, M., 2013. Geographical distribution of leishmania species of human cutaneous leishmaniasis in Fars province, southern Iran. *Iran. J. Parasitol.* 8, 85e91.
- García AL, Kindt A, Quispe-Tintaya KW, Bermúdez H, Llanos A, Arévalo J, et al. 2005. American tegumentary leishmaniasis: antigen gene polymorphism, taxonomy and clinical pleomorphism. *Inf Genet Evol.* 5:109-16.
- García L, Kindt A, Bermúdez H, Llanos-Cuentas A, De Doncker S, Arévalo J, Quispe Tintaya KW, Dujardin JC. 2004. Culture independent species typing of neotropical *Leishmania* for clinical validation of a PCR-based assay targeting heat shock protein 70 genes. *J Clin Microbiol* 42:2294–2297.
- Montalvo AM, Fraga J, Monzote L, Montano I, De Doncker S, Dujardin JC, Van der Auwera G. 2010. Heat-shock protein 70 PCR-RFLP: a universal simple tool for *Leishmania* species discrimination in the New and Old World. *Parasitology* 137:1159–1168.
- Van der Meide W, Guerra J, Schoone G, Farenhorst M, Coelho L, Faber W, Peekel I, Schallig H J 2008. Comparison between quantitative nucleic acid sequence-based amplification, real-time reverse transcriptase PCR, and real-time PCR for quantification of *Leishmania* parasites. *Clin Microbiol.* 46(1):73-78. Epub 2007 Oct 24.
- Montalvo AM, Fraga J, Montano I, Monzote L, Van der Auwera G, Marín M, Muskus C. 2016. Identificación molecular con base en el gen *hsp70* de aislamientos clínicos de *Leishmania spp.* en Colombia. *Biomédica* 36: 37-44.
- Van der Auwera G, Ravel C, Verweij JJ, Bart A, Schönian G, Felger I. 2014. Evaluation of four single-locus markers for *Leishmania* species discrimination by sequencing. *J Clin Microbiol* 52:1098–1104.

17. Fraga J, Montalvo AM, Maes L, Dujardin JC, Van der Auwera G. 2013 HindII and SduI digests of heat-shock protein 70 PCR for *Leishmania* typing. *Diagn Microbiol Infect Dis* 77:245–247
18. Tsukayama P, Lucas C, Bacon DJ. 2009. Typing of four genetic loci discriminates among closely related species of New World *Leishmania*. *Int J Parasitol* 39:355–362.
19. Rougeron V, De Meusaa T, Hide M, Waleckxa E, Bermúdez H, Arévalo J, et al., Extreme inbreeding in *Leishmania braziliensis*. *Proc Nat Acad Sci USA* 2009; 106 doi_10.1073pnas.0904420106.
20. Almeida M, Steurer F, Koru O, Herwaldt B, Pieniazek N, da Silva AJ 2011. Identification of *Leishmania* spp by molecular amplification and DNA sequencing analysis of a fragment of the rRNA internal transcribed spacer 2. *J Clin Microbiol* 49: 3143-3149.
21. Berzunza-Cruz M, Cabrera N, Crippa-Rossi M, Sosa Cabrea T, Pérez Montfort R, Becker I. Polymorphism analysis of the internal transcribed spacer and small subunit RNA genes of *Leishmania Mexicana*. *Parasitolo Res* 2002: 88:918-25.
22. Marsden PD, Mucosal Leishmaniasis (“espundia” Escomel, 1911) *Trans R Soc Trop Med Hyg* 1986: 80:859-76
23. Ovalle C, Díaz Y, Muvdi S. Polymerase chain reaction miniexon: A promising diagnostic method for mucosal leishmaniasis. *Int J Dermatol*. 2015; 57:295-9.
24. Montalvo AM, Fraga J, Monzote L, Montaña I, De Doncker S, Dujardin JC, et al. Heat-shock protein 70 PCR-RFLP: A universal simple tool for *Leishmania* species discrimination in the New and Old World. *Parasitology*. 2010; 137:1159-68
25. Volpini AC, Pasos VMA, Oliveira GC, Romanha AJ. PCR RFLP to identify *Leishmania* (*Viannia*) *braziliensis* and *L. (Leishmania) amazonensis* causing American cutaneous leishmaniasis. *Acta Trop* 2004;90:31-7
26. Gadisa E, Kuru T, Genet A, Engers H, Aseffa A, Gedamu L. donovani complex (Kinetoplastidae, Trypanosomatidae). Comparison of deoxyribonucleic acid-based techniques for typing isolates from Ethiopia, *Exp Parasitol* 2010;126:203-8
27. Montalvo et al., Identificación molecular con base en el gen *hsp70* de aislamientos clínicos de *Leishmania* spp. en Colombia *Biomédica* 2016;36(Supl.1):37-44

Parasitología médica y/o veterinaria: investigación original

Diagnóstico serológico y molecular aplicado a las parasitosis prevalentes y emergentes en Chile: Puesta al día

Serological and molecular diagnosis applied to the prevalents and emerging parasitosis in Chile: Update

DANIELA LIEMPI ^{1,2}, INES ZULANTAY ^{1,3}, WERNER APT ^{1,3}, MAURICIO CANALS ^{1,4},
FERNANDO FREDES ^{1,5}

¹ Curso Monografía en Parasitología 2020, Programa Magíster en Parasitología, Escuela de Postgrado, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

² Instituto de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile

³ Laboratorio de Parasitología Básico-Clínico, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

⁴ Instituto de Salud Poblacional, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

⁵ Unidad de Enfermedades Parasitarias, Departamento de Medicina Preventiva Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias. Universidad de Chile

Autoras Correspondientes:

Daniela Liempi daniela.liempi@gmail.com; Inés Zulantay izulanta@uchile.cl

Recibido: 02.12.2020 Aceptado: 02.12.2020

Abstract

In Chile, the laboratory diagnosis of parasitosis is usually carried out through parasite concentration methods that require the use of conventional microscopy for morphological identification. However, this direct demonstration is not always possible and it is necessary to apply other methodologies that involve the use of serological and/or molecular techniques in order to optimize the identification and characterization of the parasite and in this way confirm or rule out the diagnostic hypothesis. The objective of this review is to make known to academics and health professionals the main serological and molecular techniques currently applied to the diagnosis of the most prevalent parasites in Chile also including some non-endemic ones that, due to the migratory phenomenon and the global climate change are currently considered emerging or imported parasites. The parasitosis constitute an important challenge for laboratory professionals, regarding the knowledge, foundation, choice and application of the different methodologies that allow to contribute to the diagnosis and therefore to the effective clinical approach of the case. A bibliographic review based on different serological and molecular methods applied in the diagnosis of the most frequent enteroparasites and hemo-histoparasites was carried out. The search engines PubMed, ScienceDirect, Embase, Web of Science and Google Scholar were used. The eventual application of this information will be useful to complement and/or replace some conventional methods, granting greater speed, sensitivity and specificity in the diagnosis of parasitosis.

Keywords: parasitic infections, immunodiagnosis, applied molecular biology

Resumen

En Chile, el diagnóstico de laboratorio de las parasitosis se realiza habitualmente mediante métodos de concentración de parásitos que requieren el uso de microscopía convencional para su identificación morfológica. Sin embargo, esta demostración directa no siempre es posible, siendo necesario aplicar otras metodologías que involucran el uso de técnicas serológicas y/o moleculares a fin de optimizar la identificación y caracterización del parásito y, de esta forma, confirmar o descartar la hipótesis diagnóstica. El objetivo de esta revisión es dar a conocer a académicos y profesionales de la salud, las principales técnicas serológicas y moleculares aplicadas actualmente al diagnóstico de las parasitosis más prevalentes en Chile, incluyendo además, algunas no endémicas que, debido al fenómeno migratorio y al cambio climático global, se consideran actualmente parasitosis emergentes o importadas. Las parasitosis, constituyen un importante desafío para los profesionales de laboratorio, respecto del conocimiento, fundamento, elección y aplicación de las diferentes metodologías que permiten contribuir al diagnóstico, y por tanto, al eficaz abordaje clínico del caso. Se realizó una revisión bibliográfica basada en distintos métodos serológicos y moleculares aplicados en el diagnóstico de enteroparásitos y hemo-histoparásitos más frecuentes. Se utilizaron los buscadores PubMed, ScienceDirect, Embase, Web of Science y Google Scholar. La eventual aplicación de esta información, será útil para complementar y/o reemplazar algunos métodos convencionales, otorgando mayor rapidez, sensibilidad y especificidad en el diagnóstico de las parasitosis.

Palabras claves: infecciones parasitarias, inmunodiagnóstico, biología molecular aplicada

Introducción

Las enfermedades parasitarias son un importante problema de salud pública, siendo consideradas por la Organización Mundial de la Salud (OMS) como una de las principales causas de morbilidad a nivel mundial ⁽¹⁾. Durante mucho tiempo, estas infecciones se relacionaban principalmente con áreas tropicales o subtropicales y con países subdesarrollados de saneamiento deficiente. Sin embargo, hoy en día, los cambios climáticos y ecológicos de vectores, el aumento significativo de los viajes internacionales y la migración humana y animal, han influido en la transmisión de enfermedades parasitarias hacia países más desarrollados ⁽²⁾. Algunas parasitosis pueden tener carácter regional y muchas, son de carácter zoonótico ^(3,4). La presencia de vectores biológicos podría generar reemergencia de algunas parasitosis actualmente erradicadas en el país, como la malaria,

por lo que mantener la adecuada vigilancia vectorial y contar con diagnóstico oportuno tanto clínico como de laboratorio, es indispensable para mantener su control ⁽⁵⁾. Por otra parte, los parásitos tienen ciclos de vida complejos con diferentes etapas de evolución, hospederos intermediarios donde desarrollan etapas larvianas o inmaduras y hospederos definitivos, donde se desarrolla la forma madura o adulta. El ser humano puede actuar como hospedero definitivo, intermediario, accidental o paraténico de distintos parásitos, incluidos protozoos, helmintos, artrópodos ectoparásitos, entre otros ^(6,7). Por esta razón, el diagnóstico de las infecciones parasitarias implican un desafío para los equipos de salud, considerando que, en ocasiones, simulan o se confunden con infecciones producidas por otros agentes, con trastornos inflamatorios no infecciosos y con neoplasias; lo que conduce a que no se incluyan en el diagnóstico diferencial inicial. Además, algunas parasitosis pueden presentarse con sintomatología inespecífica o evadir la

respuesta inmunitaria del hospedero por largo tiempo, lo cual retrasa el diagnóstico y su eventual tratamiento⁽⁷⁾. Habitualmente, el diagnóstico parasitológico de laboratorio se basa en la observación macro o microscópica de parásitos o fragmentos de ellos, lo que denominamos “diagnóstico parasitológico directo”. Sin embargo, la identificación morfológica o la demostración directa no siempre son posibles, debido a falta de experticia del observador, características del ciclo de vida del parásito, etapa en la que se encuentre la infección (aguda o crónica) o sensibilidad y especificidad de los métodos utilizados. Por esto, es necesario aplicar técnicas serológicas y moleculares para confirmar o descartar la presencia del parásito, optimizando el diagnóstico⁽⁸⁾. Las herramientas de inmunodiagnóstico basadas en la búsqueda de anticuerpos como las pruebas de IF (Inmunofluorescencia), ELISA (Enzyme-Linked ImmunoSorbent Assay), Western Blot (electroinmunotransferencia) y pruebas de detección de antígenos, pueden presentar alta sensibilidad y especificidad, permitiendo de esta manera distinguir, entre infecciones pasadas, latentes y agudas. Por otro lado, la aplicación de técnicas de biología molecular como la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) en sus distintas modalidades, son cada vez más frecuentes; tienen alto potencial para efectuar diagnóstico y demuestran la presencia de parásitos en función de sus componentes antigénicos o fragmentos de ADN, siendo altamente sensibles y específicas, lo que asegura resultados confiables⁽⁹⁾. Sumado a ello, las muestras de ADN extraído se pueden almacenar y utilizar para caracterización genética y molecular, lo cual es útil para fines taxonómicos y epidemiológicos^(10,11). Puesto que el profesional del laboratorio de Parasitología debe conocer el rendimiento y las aplicaciones de los diferentes tipos de métodos aplicados al diagnóstico de las parasitosis, disciplina que no está ajena al desarrollo de técnicas que mejoran de manera considerable su abordaje⁽⁸⁾, el objetivo de esta revisión es realizar una puesta al día y difundir las principales técnicas serológicas y moleculares que pueden ser aplicadas al diagnóstico de parasitosis más prevalentes o endémicas en Chile, considerando también algunas no endémicas, que debido al fenómeno migratorio y a los efectos del cambio climático global, en la actualidad se pueden considerar como infecciones parasitarias emergentes o importadas.

Metodología

Se realizó revisión bibliográfica sobre aplicación de métodos inmunobiológicos y de biología molecular en las enteroparasitosis (16 temas) y hemohistoparasitosis (13 temas) más prevalentes en Chile y aquellas consideradas como emergentes o importadas. Se utilizó los buscadores PubMed, ScienceDirect, Embase, Web of Science y Google Scholar. La

búsqueda bibliográfica fue realizada entre Agosto y Noviembre del 2020, incluyendo, en su mayoría, bibliografía actualizada y artículos de los últimos 20 años, necesarios para la comprensión de algunas temáticas. En la Tabla 1, se presentan, según parasitosis, los principales métodos inmunobiológicos y moleculares aplicados para diagnóstico y/o investigación, así como algunos requerimientos y tipos de muestras biológicas. No se incluyeron, salvo excepciones, métodos inmunobiológicos que ya no son aplicados en nuestro país, no obstante, los autores reconocen la importante contribución que significó su aplicación en el diagnóstico, control y estudio de la epidemiología de las parasitosis. El artículo fue sometido a revisión de cuatro académicos básicos y clínicos, con amplia experiencia en el desarrollo de la Parasitología en nuestro país.

Enteroparásitos

Anquilostomas: La anquilostomiasis intestinal en humanos es causada por los nematodos *Ancylostoma duodenale*, *Ancylostoma ceylanicum* y *Necator americanus*⁽¹²⁾. La identificación microscópica de huevos en heces es el método más común para diagnosticar la anquilostomiasis intestinal, sin embargo, las similitudes morfológicas no permiten diferenciar especie^(12,13). No se dispone de métodos serológicos comerciales, sin embargo, se describen investigaciones que hacen evidente la respuesta inmune contra estos helmintos, como la respuesta de IgG4 sérica a antígenos excretores-secretorios (ES) de adultos de *Ancylostoma* spp., detectada mediante ensayos de ELISA^(14,15). Además, estudios recientes, describen que los niveles de proteína catiónica de eosinófilos (ECP) en suero, se relacionan con la infección por anquilostomas, indicando que puede ser un buen biomarcador de intensidad e infección, justificando futuras investigaciones a fin de mejorar el diagnóstico actual⁽¹⁶⁾. Los métodos moleculares, han demostrado aumentar discretamente la falta de sensibilidad de la microscopía, no obstante, son técnicas *in house* y sólo están disponibles en algunos laboratorios de referencia⁽¹³⁾. La utilización de marcadores específicos de especie, como genes mitocondriales y ribosomales, ha permitido la identificación y caracterización de anquilostomas. Es así que la PCR convencional se aplica para estudios epidemiológicos, mientras que PCR específicas de género amplifican preferentemente las especies más comunes (*A. duodenale/N. americanus*). La desventaja es que podría generar subdiagnóstico de las especies menos frecuentes^(11,17). Se han reportado estudios en muestras de heces humanas y de perros, empleando PCR semi-anidada dirigida a regiones ITS (espaciador transcrito interno), como ITS1, ITS2 y 5,8S del genoma de anquilostomas y posterior aplicación de PCR-RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism) para análisis de los fragmentos obtenidos⁽¹⁸⁾. Se ha aplicado PCR en tiempo real

seguido de análisis de HRM (fusión de alta resolución) dirigida a secuencias ITS2 para identificar especies de *N. americanus*, *A. duodenale*, *A. ceylanicum* y *A. caninum*, siendo más sensible a la detección de *N. americanus* que la PCR anidada^(11,19,20). Se ha descrito también, PCR multiplex en tiempo real utilizando sondas de hidrólisis (TaqMan) o perlas Luminex, para detección y cuantificación simultánea de varios helmintos, como *A. lumbricoides*, *N. americanus*, *A. duodenale* y *S. stercoralis*. Además, recientemente, el uso de tecnología LAMP (Loop mediated amplification) ha sido evaluada para uso potencial de detección de *N. americanus* y otros helmintos⁽²¹⁾. En la mayoría de los estudios, se ha demostrado la mayor sensibilidad y especificidad de los métodos moleculares en comparación con la microscopía, sin embargo, algunos plantean, que muestras informadas como positivas por microscopía y negativas al PCR, podría deberse a aislamiento o extracción de ADN deficiente o identificación morfológica errónea del observador, debido a que los huevos de anquilostomas pueden confundirse con huevos de la familia Trichostrongylidae^(11,22).

***Ascaris lumbricoides*:** Es el geohelminto nematodo más grande que parasita el intestino humano. Afecta a millones de personas en el mundo, más comúnmente a niños y adolescentes^(23, 24, 25, 26). La identificación morfológica mediante microscopía, sigue siendo la base de la identificación, junto a la cuantificación de huevos realizada mediante técnicas como Kato-Katz^(24,26, 27). Sin embargo, estos métodos están limitados por la variabilidad de la cantidad de huevos eliminados en las heces, especialmente en infecciones de baja intensidad o post-tratamiento; sumado a la posibilidad de que no sean detectados en las heces durante meses después de la exposición o inicio de los síntomas⁽²⁶⁾. Los métodos inmunológicos son útiles en éstos casos⁽²⁴⁾ o también durante la fase de migración pulmonar⁽²⁸⁾. La respuesta de IgG específica es útil durante infecciones activas y algunos kits de ELISA que detectan anticuerpos IgG e IgM contra *A. lumbricoides* se encuentran disponibles comercialmente^(24,29), aunque la mayoría de ellos utilizan antígenos somáticos del parásito, los que con frecuencia reaccionan de forma cruzada con otros helmintos⁽²⁴⁾. Felizmente, se describen algunos ensayos para detección de IgG que presentan sensibilidad mayor al 95% y, en algunos casos, del 100%, con especificidad sobre el 95%^(30,31, 32). Habitualmente, se utilizan antígenos de extracto total de larvas infectantes, pero estudios más recientes han evaluado extractos de huevos de *A. lumbricoides*, logrando estimular la respuesta de tipo IgA⁽²⁵⁾, inmunoglobulina generada en la mucosa intestinal. Los niveles de IgA han sido evaluados mediante ELISA en sueros de pacientes con resultados coprológicos previos y, mediante Western Blot, se ha identificado las proteínas inmunogénicas obtenidas de extractos del parásito, logrando demostrar la

reactividad serológica frente a éstas, proponiendo así, enfoques para nuevos diseños de pruebas diagnósticas, detección en el medio ambiente o en individuos expuestos al parásito⁽²³⁾. *A. lumbricoides* también induce una potente respuesta humoral con producción de IgE total e IgE específica, observándose que, individuos con títulos elevados de IgE específica presentan bajo número de huevos por gramo de heces con respecto a individuos con baja respuesta de anticuerpos, observación sugerente de inducción inmune para controlar la infección^(25,33). Por otro lado, en fase pulmonar de ascariosis, además de ELISA⁽²⁸⁾, se han utilizado reacciones serológicas de precipitación y hemaglutinación con resultados variables⁽³⁴⁾. El uso de coproantígenos no ha sido muy desarrollado en helmintos⁽³⁵⁾, pero recientemente, estudios han demostrado que ABA1, uno de los productos de excreción-secreción de *A. lumbricoides* se puede utilizar como marcador de coproantígeno para la infección por este parásito. Mediante desarrollo de anticuerpos policlonales y ELISA de coproantígeno, se determinó que ABA-1 en heces detectaba la infección con una sensibilidad del 91,5% y una especificidad del 95,3%, además de demostrar que existe una correlación entre los niveles de ABA1 y el ADN de *A. lumbricoides* detectado en heces⁽³⁶⁾. En general, la detección de anticuerpos puede representar tanto infección o exposición pasada, como infección actual, mientras que la detección de antígenos representa infecciones actuales⁽²⁴⁾. Los métodos moleculares se utilizan cada vez más en investigación para la detección de ADN de huevos y gusanos adultos en heces humanas, a menudo como ensayos multiplex para éste y otros helmintos. La PCR puede indicar la presencia de infección en muestras de pacientes, utilizando blancos como la región ITS1 y el gen del citocromo b, los cuales también, han permitido detectar y genotipar ADN de *A. lumbricoides* a partir de coprolitos. Se describen ensayos de PCR en tiempo real y multiplex usando sondas TaqMan o perlas Luminex para detección y cuantificación^(11,24, 27). Estas técnicas, son altamente sensibles sobre todo para huevos, ya que al detectar pequeñas cantidades de ADN incluso antiguo, mejora la sensibilidad en infecciones de baja carga parasitaria. La PCR en tiempo real es más sensible que la prueba Kato-Katz, sin embargo, la sensibilidad significativamente mayor sobre la microscopía de heces como se observa en otros parásitos, no siempre ocurre con *A. lumbricoides*, debido a la alta producción de huevos y a los desafíos técnicos relacionados con el aislamiento de ADN de éstos (pared resistente formada por cuatro capas)⁽²⁴⁾. Finalmente, estudios recientes sugieren que *Ascaris suum* (nematodo del cerdo) puede ser una causa relativamente común de infección en humanos, desconociéndose cuántas personas están infectadas^(24,27), por lo tanto, se requieren herramientas para diagnóstico especie-específicas, pues se ha observado que pese a que la PCR puede detectar un solo huevo de *Ascaris*, no parece discriminar entre estas dos

especies, por lo que es necesario la optimización de dichas técnicas ⁽²⁴⁾.

Balantidium coli: Único protozoo ciliado conocido capaz de parasitar humanos. Sus reservorios más importantes son el cerdo doméstico y el jabalí ⁽³⁷⁾. Otros hospederos potencialmente importantes incluyen roedores, ovejas, cabras, camellos, caballos, entre otros. Su diagnóstico es realizado comúnmente por microscopía, basado en la observación de trofozoitos y/o quistes en deposición, o en tejido recolectado por endoscopia ^(37,38). Se han realizado pocos estudios sobre la respuesta inmune del hospedero frente a *B. coli*, que además, no han resultado satisfactorios, por lo que no se describen métodos serológicos disponibles para uso diagnóstico. Sin embargo, algunos autores señalan el interés por demostrar una respuesta humoral en pacientes con balantidiasis, mediante una prueba indirecta de anticuerpos fluorescentes ⁽³⁹⁾. En cambio, los análisis moleculares recientes sugieren la revisión taxonómica y, es así, como en recientes publicaciones, se le denomina *Neobalantidium coli* o *Balantioides coli*, nomenclatura no resuelta ni adoptada ampliamente en la comunidad científica ^(37,38). Se ha detectado ADN de *B. coli* mediante PCR en muestras fecales de diversos hospederos y humanos, e incluso, en muestras humanas provenientes de lavado broncoalveolar, descrito en algunas infecciones extraintestinales ^(37,40). Existen pocas secuencias reportadas en Genbank y, la mayoría de las PCR se dirigen a genes ribosomales como ADNr SSU (subunidad pequeña del ADN ribosomal) o a ITS de *B. coli* ^(11,37,41).

***Blastocystis* sp**: Protista entérico más frecuentemente observado en Chile y el mundo ^(42,43). Coloniza frecuentemente el intestino grueso humano, así como el de una amplia gama de animales ⁽¹¹⁾. Su potencial patógeno es poco claro y sigue siendo relativamente poco estudiado. Sobre la base de datos moleculares, se ha clasificado como *Stramenopila* y exhibe una notable diversidad genética. En humanos, se han encontrado 9 linajes genéticamente distintos, llamados subtipos (ST) (posiblemente especies) de los cuales ST1 a ST4 representan más del 90% de los portadores de *Blastocystis* sp. ^(11,44,45). Se ha planteado que diferentes ST podrían afectar de manera diferencial la gravedad del cuadro clínico de la enfermedad digestiva en pacientes con síndrome de intestino irritable (SII), no obstante, los autores consideran que faltan estudios para confirmar dicha hipótesis ⁽⁴³⁾. Su diagnóstico, se realiza frecuentemente mediante la identificación de su forma vacuolar en la observación microscópica de heces ⁽⁴⁵⁾. Con respecto a métodos inmunológicos, no es común su uso para el diagnóstico, debido a que aún se considera la microscopía como la técnica de elección. Sin embargo, se describen ensayos de ELISA para detectar coproantígenos en muestras de pacientes con síntomas gastrointestinales, obteniendo un 83% y un 94% de

sensibilidad y especificidad, respectivamente ⁽⁴⁶⁾. Otros estudios en cambio, mencionan que la respuesta inmune del hospedero contra la infección por *Blastocystis* sp. aún no se ha definido ⁽⁴⁷⁾. Con respecto a métodos moleculares, se han aplicado ensayos de PCR en concentrados de heces humanas, como métodos complementarios a la microscopía y en otros casos como sustitutos, sin embargo, actualmente los métodos moleculares sólo se utilizan con fines de investigación ^(11,45). No obstante, se han validado algunas PCR convencionales y en tiempo real utilizando sondas de hidrólisis y SYBR Green, frente a algunos subtipos más comunes, basándose en el gen ARNr SSU y, posterior subtipificación ⁽¹¹⁾. La especificidad de estas técnicas puede variar entre un 95% y 100%, mientras que la sensibilidad, puede ser menor debido al producto de PCR relativamente grande (320 a 342 pb, dependiendo del subtipo) ^(11,48).

Cyclospora cayetanensis: Coccidio que parasita humanos y varias especies de animales. A la fecha, se han identificado 22 especies del género, siendo *C. cayetanensis* la única especie documentada que infecta a humanos, y probablemente sea específica de hospedero ^(11,49, 50, 51). Actualmente, se considera un patógeno emergente y una enfermedad transmitida por alimentos (ETA), involucrado en importantes brotes a nivel mundial, principalmente en Estados Unidos ^(52,53). El diagnóstico se realiza comúnmente mediante la observación de ooquistes en deposiciones, utilizando métodos de concentración y tinciones ácido-resistentes (tinción Ziehl Neelsen), no obstante, la confirmación también se puede realizar mediante análisis molecular ^(51,53, 54). Se ha descrito el desarrollo de técnicas inmunológicas como ELISA para detección de anticuerpos específicos IgG e IgM en individuos con ooquistes en deposición, pero no se ha logrado un diagnóstico específico de infección a nivel de paciente ⁽⁵¹⁾, por lo que actualmente, no se dispone de ensayos serológicos comerciales para detección de *C. cayetanensis* en humanos ⁽⁵³⁾. Con respecto a los métodos moleculares, se han desarrollado varias modalidades de PCR: convencional, en tiempo real, anidada, multiplex y PCR-RFLP, las cuáles son aplicadas en la detección de *C. cayetanensis* en heces humanas ^(50,51). Se ha informado además de paneles comerciales altamente sensibles y aprobados por la FDA (Food and Drug Administration, USA), que también incluyen detección de otros patógenos entéricos ⁽⁵⁰⁾, tales como el Panel Gastrointestinal (GI) FILMARRAY, que corresponde a un método rápido y automatizado, capaz de detectar hasta 22 patógenos gastrointestinales causantes de diarrea infecciosa, incluidos bacterias, virus y parásitos, con alta especificidad ^(51,55,56, 57). Generalmente, los ensayos de PCR se dirigen al gen ARNr SSU y a la región ITS, aunque ITS ofrece mayor resolución y, por tanto, se aplica para fines epidemiológicos ⁽¹¹⁾. La PCR anidada puede utilizar partidores específicos para ambas regiones, obteniendo un límite de detección entre 1-10

ooquistes ⁽⁵¹⁾. El uso de sondas (TaqMan, SYBR Green) y tecnología Luminex, han permitido integrar *Cyclospora* en ensayos multiplex para detección y diferenciación simultánea de varios géneros y especies de Apicomplexa y Microsporidios, con una sensibilidad notablemente mayor en comparación con la microscopía, siendo de utilidad sobre todo en análisis de muestras clínicas en áreas no endémicas ^(11,55, 56). Estos métodos moleculares son útiles para detección directa, confirmación de resultados obtenidos por microscopía o diagnóstico de infección en pacientes con baja carga parasitaria ^(11,51,56).

***Cryptosporidium* spp:** *Cryptosporidium* es un género de protistas tradicionalmente considerado un coccidio, sin embargo, estudios recientes indican su mayor relación genética con las gregarinas, requiriendo su revisión taxonómica ⁽⁵⁸⁾. Este agente de infecciones diarreicas en todo el mundo, es responsable de importantes brotes zoonóticos o transmitidos por agua recreativa y potable y asociado a Medicina del Viajero. Además, afecta principalmente a niños e inmunodeprimidos ^(59,60,61,62). De las 39 especies validadas actualmente, se han identificado más de 20 especies y genotipos en humanos, que causan enfermedad gastrointestinal asintomática o leve a grave, siendo *C. parvum* y *C. hominis* los que causan la mayoría de las infecciones ⁽⁶³⁾. Varias especies no son específicas de hospedero y pueden infectar a una amplia gama de especies, como bovinos, terneros, ovejas y cabras, entre otros ^(63,64). Los métodos de tinción ácido-resistentes como Ziehl Neelsen, con o sin concentración de heces, se utilizan con frecuencia en los laboratorios clínicos, identificando morfológicamente al parásito hasta nivel de género ⁽⁶⁵⁾. En países donde las infecciones por *Cryptosporidium* no son de notificación obligatoria, los métodos diagnósticos están poco estandarizados, mientras que en los demás, los sistemas de vigilancia incluyen sub y genotipado de casos confirmados por laboratorio, útil para estudios epidemiológicos y de brotes ⁽¹¹⁾. Con respecto a métodos inmunobiológicos, se han desarrollado técnicas como Inmunofluorescencia directa (IFD), ELISA y pruebas rápidas inmunocromatográficas (IC) de flujo lateral, mostrando especificidad y sensibilidad en el rango del 93% al 100%, superiores a la observación microscópica ^(35,62). Los métodos basados en detección de antígenos son útiles para el diagnóstico de infección aguda, mientras que aquellos que detectan anticuerpos son útiles en estudios seroepidemiológicos ^(61,62). La técnica de ELISA para determinación cualitativa de antígenos de *Cryptosporidium* en heces humanas, ha mostrado una sensibilidad comparable a los exámenes microscópicos, es simple de realizar y no requiere la observación de elementos parasitarios intactos, pero se deben considerar ciertas limitaciones, como la obtención de resultados menos precisos en muestras fecales muy concentradas ^(35,66,67). Las pruebas de diagnóstico rápido o "RDT" (Rapid

Diagnostic Test), basados en inmunocromatografía, requieren menor tiempo de análisis, son fáciles de ejecutar y pueden detectar cualitativamente antígenos específicos tanto de *Cryptosporidium* como de otros protozoarios presentes en deposiciones, tales como *Giardia lamblia* y *Entamoeba histolytica/Entamoeba dispar*, simultáneamente ^(35,61, 68, 69). Sin embargo, otros estudios, reportan que este tipo de pruebas son menos sensibles que la microscopía, pero podrían ser un complemento útil, aunque no un sustituto de los métodos microscópicos ⁽⁶⁹⁾ y menos, constituir la técnica de elección, debido a que no existe una prueba ideal y única para el diagnóstico de criptosporidiasis y además, un porcentaje significativo de infecciones podría no detectarse si alguno de los ensayos mencionados ha sido el único método utilizado ^(61,66,70). El Centro de Control y Prevención de Enfermedades de Estados Unidos (CDC) destaca al ensayo de IFD como el método serológico con mayor sensibilidad y especificidad, seguido de ELISA para tamizaje. Éstos, junto con los tests IC están disponibles comercialmente, pero se recomienda que los laboratorios que los utilicen conozcan las limitaciones e interpreten los resultados con precaución ⁽⁶⁵⁾. Se describen ensayos de ELISA para detección serológica de anticuerpos IgG contra esporozoítos de *Cryptosporidium* spp, que pueden persistir durante varios meses en pacientes adultos, demostrando ser marcadores fiables de exposición. ELISA y Western Blot se utilizan principalmente en estudios de investigación y en menor medida, en laboratorios de rutina, debido al costo elevado de su implementación ⁽⁶¹⁾. En relación a métodos moleculares, la PCR está ganando aceptación como método de elección en la detección de *Cryptosporidium*, debido a su mayor sensibilidad en comparación a otros métodos, y el ensayo específico de género puede ser el método diagnóstico más apropiado para diferenciar entre especies ^(11,61), utilizando diferentes dianas, tales como ARNr 18S, gen de la proteína de la pared del ooquiste (COWP) y Hsp70, entre otros ⁽⁶²⁾. Se dispone de ensayos como PCR convencional, en tiempo real, multiplex, anidada y PCR-RFLP ^(11,51,58). La PCR en tiempo real es útil para diferenciar especies y detección simultánea de otros protozoarios, incorporándose sondas TaqMan en ensayos para diferenciación entre especies que infectan humanos y ganado. La PCR anidada es muy utilizada y validada en numerosos laboratorios a nivel mundial y junto con PCR-RFLP han identificado la mayoría de las especies de *Cryptosporidium*, incluso en muestras con baja cantidad de ooquistes (<100) ⁽⁶²⁾. En concentrados fecales, PCR multiplex ha sido notablemente más sensible que la tinción Ziehl-Neelsen, mientras que otros estudios, informan sensibilidades comparativamente altas para microscopía de auramina-fenol, IF e inmunoensayos enzimáticos. Los estudios evidencian que la PCR aumenta la detección del parásito en comparación con la microscopía convencional y las pruebas rápidas; y junto a análisis

de secuenciación, es útil para análisis filogenético e investigaciones epidemiológicas y de brotes ^(11,71). Por otro lado, el Panel (GI) FILMARRAY incluye la identificación de *Cryptosporidium*, facilitando su diagnóstico en laboratorios de rutina ⁽⁵⁷⁾. Finalmente, LAMP, una tecnología emergente, se reconoce como herramienta útil para diagnóstico de este parásito, con importantes ventajas en muestras con bajas concentraciones, aplicación propuesta para estudios ambientales ⁽⁶¹⁾.

Cystoisospora belli (anteriormente *Isoospora belli*): Coccidio que afecta principalmente a individuos inmunodeprimidos, incluidos pacientes con VIH/SIDA y trastornos linfoproliferativos, en quienes las infecciones a menudo son crónicas y graves ^(11,72). También puede afectar a pacientes inmunocompetentes produciendo diarrea autolimitada no sanguinolenta de 2 a 3 semanas de duración ⁽⁷²⁾. En estudios recientes, se ha detectado a *Cystoisospora belli* en muestras de colecistectomía de pacientes inmunocompetentes en un estado latente en la vesícula biliar, actuando más bien como comensal ⁽⁷³⁾. Los ooquistes de *C. belli* son morfológicamente fáciles de diagnosticar por microscopía mediante examen de muestras de deposición si se encuentran en gran número. Sin embargo, los ooquistes se excretan irregularmente y en cantidades reducidas o, están ausentes durante la infección aguda ⁽⁷⁴⁾. Para el diagnóstico parasitológico, se puede utilizar tinción ácido alcohol resistente (Ziehl Neelsen), auraminarodamina, autofluorescencia, entre otras y, además, métodos moleculares ^(54,74). Sin embargo, no se describen métodos serológicos comerciales disponibles ⁽⁷⁴⁾. Con respecto a métodos moleculares, se describe la aplicación de PCR anidada, PCR multiplex, PCR multiplex basada en tecnología Luminex y el uso de plataformas automatizadas de detección simultánea ^(11,51,55,56,72). Los ensayos se dirigen a los blancos ARNr SSU, ITS1, ARNr 5.8S o ITS2 de *C. belli* ^(54,74). Estas técnicas moleculares son de utilidad sobre todo en el diagnóstico de cystoisosporidiasis en pacientes VIH. Un estudio realizado en pacientes con esta infección viral, evidenció mediante PCR-RFLP, diferentes perfiles genéticos de *C. belli*, incluso en un mismo paciente, lo que sugiere la posibilidad de infección con varios genotipos simultáneamente. Se ha hipotetizado que el polimorfismo genético podría explicar diferentes presentaciones clínicas, incluyendo manifestaciones extra-intestinales, lo que requiere estudios adicionales ⁽⁵⁴⁾.

Diphyllobothrium spp.: Cestodos con ciclos de vida marinos y de agua dulce, que causan la infección zoonótica denominada difilobotriasis. La transmisión se produce a través de la ingestión de pescado crudo, ahumado o poco cocido ^(75,76,77). Esta ETA ha comenzado a atraer cada vez más la atención debido al aumento reciente de casos en humanos ⁽⁷⁷⁾.

Investigaciones recientes que incorporan datos morfológicos y moleculares han llevado a la reclasificación y cambio de nombre de la mayoría de los difilobotriidos que infectan humanos, así por ejemplo, *Diphyllobothrium latum* es sinónimo de *Dibothriocephalus latus* ^(76,78). El análisis morfológico de huevos en heces de pacientes no es criterio suficiente para el diagnóstico a nivel de especie, dado las similitudes de sus dimensiones ^(75,76), por lo que el hallazgo de gusanos adultos o trozos de estróbilo con sus respectivas proglótidas, en ocasiones, hace posible esta diferenciación ⁽⁷⁵⁾. No se han descrito técnicas serológicas aplicadas al diagnóstico de difilobotriasis humana y los métodos moleculares representan la herramienta más confiable para identificar las diferentes especies de estos parásitos en muestras clínicas, ya sea a partir de huevos o proglótidas ^(76,77,79). Para la amplificación específica de ADN de gusanos adultos, larvas plerocercoides y huevos de *D. latum*, *D. dendriticum*, *D. pacificum* y *D. nihonkaiense*, se ha utilizado PCR multiplex dirigida a la secuencia cox1 (citocromo oxidasa 1) ⁽¹¹⁾. También se describen ensayos de PCR-RFLP ⁽⁷⁷⁾. Sin embargo, estos métodos están disponibles solo en laboratorios de investigación o referencia ^(76,79).

Entamoeba histolytica: Ameba patógena asociada a infecciones intestinales y extraintestinales ^(80,81,82). Es morfológicamente idéntica a *Entamoeba dispar*, protozoo comensal que también puede encontrarse en heces ^(11,80,83). Adicionalmente, se ha identificado en humanos *Entamoeba moshkovskii* y *Entamoeba bangladeshi*, dos especies de amebas que también producen quistes tetranucleados, las cuales, no se han asociado a enfermedad y su potencial rol patógeno está en estudio ^(11,81). Por esta razón, la diferenciación morfológica entre amebas patógenas y no patógenas en deposición, es compleja ⁽⁸¹⁾. La mayoría de las infecciones por *E. histolytica* están restringidas al lumen del intestino ("amebiasis luminal") y son asintomáticas, pero cuando la mucosa es invadida, genera colitis amebiana o amebiasis intestinal invasora ^(80,81). El diagnóstico de laboratorio de la amebiasis intestinal en países en desarrollo aún se basa en métodos poco sensibles y laboriosos que implican tinción de muestras de heces y microscopía de inmersión. Los métodos más recientes y sensibles incluyen una variedad de ELISA para detección de antígenos y pruebas inmunocromatográficas; sin embargo, su sensibilidad y especificidad diagnóstica varía según los diferentes estudios y, algunos ensayos, no distinguen entre especies de *Entamoeba* ⁽⁸²⁾. En cambio, los métodos para detectar anticuerpos, son útiles en pacientes con enfermedad extraintestinal sin hallazgo microscópico de parásitos en el examen de deposiciones ⁽⁸¹⁾ (ver *E. histolytica* en sección Hemo-Histoparásitos) o en estudios clínicos y epidemiológicos, especialmente cuando los ensayos moleculares no son prácticos o no están disponibles ⁽⁸²⁾. La prueba de ELISA sándwich, detecta antígenos

en deposición (coproantígenos) y tiene la ventaja de ser sencilla, de fácil ejecución y poseer mayor sensibilidad que la microscopía^(35,80,84,85). Sin embargo, su utilidad es limitada en muestras congeladas o con fijador y en casos de post-tratamiento. Estudios recientes indican una sensibilidad y especificidad mejoradas de los ensayos de antígenos fecales con el uso de anticuerpos monoclonales y se dispone de al menos un kit comercial que detecta únicamente la infección por *E. histolytica* en heces, mientras que la mayoría si bien detectan antígenos de *E. histolytica*, no excluyen infecciones por *E. dispar*^(80,81,84,85). También, se dispone de tests inmunocromatográficos para la detección cualitativa de antígenos en heces, con obtención rápida de resultados y fácil ejecución, que además, vienen en plataformas combinadas para detección de otros parásitos como *Cryptosporidium* y *Giardia*^(35,61,68). Con respecto a métodos moleculares, normalmente, se utiliza PCR para detectar y diferenciar *E. histolytica* de *E. dispar* en muestras de heces, otorgando resultados confiables, altamente sensibles y específicos^(11,81,83). Estos ensayos, han identificado otras amebas, como *E. bangladeshi*, en muestras fecales de niños con y sin diarrea positivas por microscopía para quistes tetranucleados, pero PCR negativas para *E. histolytica*, *E. dispar* y *E. moshkovskii*^(11,86). Mediante PCR anidada, se ha detectado con frecuencia *E. moshkovskii* en infecciones mixtas con *E. histolytica* y/o *E. dispar*⁽¹¹⁾. Se ha utilizado una amplia variedad de dianas en PCR convencional, anidada y en tiempo real, como el gen ARNr SSU, que ha resultado ser un buen blanco diagnóstico en sensibilidad y especificidad. Para diferenciación de especies, también se describen métodos basados en tecnología Luminex, uso de sondas Taqman o SYBER Green y LAMP; estas últimas, a nivel de investigación^(11,81,83). Cabe mencionar, que la técnica de PCR, también facilita la identificación de *E. histolytica* en muestras distintas a las heces⁽¹¹⁾ (ver *E. histolytica* en sección Hemohistoparásitos). Finalmente, el Panel GI FILMARRAY que, como se mencionó anteriormente, detecta algunos parásitos que causan diarrea infecciosa, entre ellos, *E. histolytica*⁽⁵⁷⁾. La detección específica de especies de amebas intestinales es necesaria para tomar decisiones de tratamiento adecuadas, así como para comprender su epidemiología y patogenicidad^(11,83).

Giardia lamblia (Sin.: *Giardia duodenalis* y *Giardia intestinalis*): Protozoo flagelado que constituye uno de los parásitos intestinales más frecuentes en humanos. Se transmite por alimentos y agua y, a nivel mundial, se ha notificado con frecuencia como causa de brotes asociados a ETA^(11,87). El diagnóstico de laboratorio se basa principalmente en la observación microscópica de concentrados fecales, para identificación de trofozoitos y/o quistes, pero también, se encuentran disponibles varios ensayos inmunológicos y moleculares^(11,35,87,88). Los métodos de

inmunodiagnóstico, involucran ensayos de detección de antígenos en muestras fecales, tales como IFD, ELISA y test inmunocromatográficos, disponibles comercialmente para uso en laboratorios de rutina^(35,68,87,89). La IFD mediante uso de anticuerpos monoclonales con marcados fluorescentes, ayuda a la detección de *G. lamblia* en muestras de heces, la cual ofrece una combinación de alta sensibilidad y especificidad, por lo que muchos laboratorios la consideran estándar de oro⁽⁸⁷⁾. Además, esta prueba puede incluir la detección de *Cryptosporidium* spp., analizando ambas infecciones simultáneamente^(35,87). Los ensayos de ELISA son útiles para la detección de antígenos de *G. lamblia* en muestras fecales y, al igual que otros kits de coproantígenos, son técnicas de sencilla y rápida ejecución. Algunos poseen alta sensibilidad y especificidad, incluso en muestras de deposiciones frescas o congeladas, con fijadores o almacenadas en medios de transporte, mientras que otros, no son compatibles con muestras conservadas en fijador^(35,89,90). El CDC recomienda que, resultados positivos para ELISA en el límite de detección (cut-off) y negativos dudosos, deben ser confirmados adicionalmente por IFD si se dispone de ella⁽⁸⁷⁾. Los test inmunocromatográficos detectan cualitativamente antígenos tanto en muestras de heces frescas como conservadas en fijador. Son rápidos, fáciles de realizar y vienen en plataforma combinada con otros parásitos^(61,68,69,87,88). Sin embargo, el inmunodiagnóstico de giardiasis todavía tiene un rol complementario a la microscopía convencional. Por otro lado, se ha evidenciado que *G. lamblia* induce una fuerte producción de anticuerpos IgA en infecciones humanas y animales, detectándose en muestras de saliva y en líquido duodenal de personas infectadas, por lo que durante la giardiasis activa, su detección y seguimiento podría ser una herramienta muy útil para el inmunodiagnóstico⁽⁸⁸⁾. En cuanto a métodos moleculares, los ensayos de PCR para *G. lamblia* poseen una sensibilidad y especificidad excelentes en comparación con la microscopía y detección de antígenos⁽¹¹⁾. La PCR convencional y en tiempo real, se dirigen generalmente a los blancos ADNr, β -giardina, triosafosfato isomerasa (TPI) y espaciador intergénico (IGS) de subunidad pequeña^(11,88). Además, los productos amplificados pueden ser analizados por PCR-RFLP⁽¹¹⁾. Recientemente, se ha descrito el uso de PCR anidada^(88,91). Sin embargo, estos métodos, no se utilizan de rutina en los laboratorios de diagnóstico y, a menudo, están restringidos a laboratorios de investigación⁽⁸⁸⁾. Pese a esto, un avance importante es la detección de ADN específico de *G. lamblia* mediante plataformas multiplex, como en el Panel GI FILMARRAY^(11,57), disponible en algunos centros asistenciales de Chile.

***Microsporidium* spp:** El grupo Microsporidia incluye organismos intracelulares obligados que afectan varios hospederos vertebrados e invertebrados^(11,92). Su posición taxonómica ha sido intensamente debatida

⁽⁹³⁾. Se caracterizan por la producción de esporas resistentes que varían en tamaño y, se han identificado como patógenos humanos al menos 15 especies; donde la mayoría de los casos son causados por *Enterocytozoon bieneusi*, seguido de algunas especies de *Encephalitozoon* (*Encephalitozoon intestinalis*) ^(92,93). Son de mayor importancia en pacientes inmunocomprometidos, comportándose como oportunistas, asociados a diarrea persistente y pérdida de peso. Algunas especies también pueden causar rinosinusitis, queratoconjuntivitis, nefritis, hepatitis e infecciones sistémicas ^(11,92). Su diferenciación a nivel de especie es clínicamente importante, debido a que las opciones de tratamiento son diferentes según el Género ^(11,94). El diagnóstico se basa en la observación microscópica directa de esporas en muestras fecales utilizando tinciones especiales y ensayos de IFD, o detección de ADN por métodos moleculares ^(93,95). La tinción Cromotropo 2R o sus modificaciones, no diferencia entre especies y requiere de personal entrenado, debido a que la observación morfológica es compleja. La microscopía electrónica de transmisión (MET) se considera el estándar de oro y es útil para la identificación de especies, sin embargo es costosa, la cantidad de muestra analizada es pequeña (disminuyendo su sensibilidad), requiere mucho tiempo y no es factible para el diagnóstico de rutina ^(11,93). Respecto a los métodos inmunológicos, actualmente se dispone de ensayos de IFD para muestras de heces, los que utilizan anticuerpos monoclonales y/o policlonales para las especies más comunes (*E. bieneusi* y *E. intestinalis*) ^(93,95). Estos anticuerpos están dirigidos a la pared de esporas o al tubo polar de los microsporidios, pero algunos muestran reactividad cruzada entre especies ⁽⁹⁶⁾ y, además, los estudios sobre su rendimiento son limitados ^(92,94). Se cree que las pruebas de IFD son menos sensibles que los métodos moleculares ⁽⁹⁶⁾. Sin embargo, un estudio realizado recientemente para evaluar el ensayo de IFD para detección de *E. bieneusi* y *E. intestinalis*, en muestras de heces de pacientes inmunodeprimidos, frente al uso de PCR-RFLP y, considerando a la PCR como estándar de oro, la sensibilidad y especificidad del ensayo IFD fue del 95,2% y de 100%, respectivamente, por lo que se le consideró como una técnica altamente sensible y específica para detectar e identificar estas especies en pacientes inmunodeprimidos ⁽⁹⁴⁾. Los métodos moleculares son también una valiosa técnica para el diagnóstico de estos microsporidios, donde la PCR convencional y PCR en tiempo real, detectan e identifican diferentes especies ^(11,55). Algunos laboratorios como el CDC, ofrecen identificación de *E. bieneusi*, *E. intestinalis*, *Encephalitozoon hellem* y *Encephalitozoon cuniculi*, utilizando ensayos PCR especie-específicos ⁽⁹³⁾. Como se mencionó anteriormente, se ha descrito una PCR multiplex útil para detección de coccidios y microsporidios, evaluada en muestras diarreicas, analizadas previamente por microscopía ⁽⁵⁵⁾. Finalmente, se

considera que el análisis de la región ITS puede resultar valioso para una mayor exploración de la compleja epidemiología de los microsporidios ⁽¹¹⁾. En Chile, se aplican tinciones especiales, IFD y PCR ⁽⁹⁷⁾.

***Sarcocystis* spp.:** Parásitos coccidios zoonóticos, transmitidos a humanos a través del consumo de carne insuficientemente cocida de vacuno o cerdo contaminados con sarcocistos de *Sarcocystis hominis* y *Sarcocystis suihominis* respectivamente, generando sarcocistosis intestinal o también, ubicándose en músculos luego de la ingestión accidental de ooquistes ^(11,98,99). Existe una alta prevalencia de infección por *Sarcocystis* en bovinos, cerdos y ovinos tanto en países en desarrollo como industrializados, los cuales pueden ser infectados tanto por especies zoonóticas de *Sarcocystis* como no zoonóticas, provenientes de otros animales como perros ^(99,100), produciendo importantes pérdidas económicas en industrias ganaderas ⁽⁹⁹⁾. Recientemente, se ha informado la contaminación por *Sarcocystis* spp. en muestras de carne cruda industrial y hamburguesas de carne de res, provenientes de carnicerías y tiendas minoristas en Irán, con una prevalencia altamente considerable de *Sarcocystis* spp. ⁽⁹⁹⁾. El diagnóstico en humanos se establece mediante la observación de ooquistes o esporoquistes en heces, sólo a nivel de género, y que pueden ser subdiagnosticados debido a su morfología y porque a menudo se eliminan en pequeñas cantidades ⁽⁹⁸⁾. En cuanto a métodos inmunológicos, los ensayos de ELISA, IF y otras pruebas serológicas para detectar anticuerpos contra *Sarcocystis* spp. que utilizan bradizoítos como antígeno, no están estandarizadas, están limitados a laboratorios especializados y no están disponibles. También se ha descrito la aplicación de Western Blot para el diagnóstico de sarcocistosis muscular ^(100,101). Por otra parte, se encuentra disponible un ELISA sándwich para diagnóstico en humanos, aplicado en muestras de suero, plasma, orina, tejidos homogeneizados y sobrenadantes de cultivos celulares, sin embargo, estos kits no se utilizan de rutina en los laboratorios clínicos ⁽¹⁰²⁾. En cuanto a métodos moleculares, la confirmación basada en ADN está pendiente. Se describen algunos estudios de PCR-RFLP para detectar y distinguir especies como *S. hominis*, *Sarcocystis fusiformis* y *Sarcocystis cruzi*. Esta última especie se incluyó en un ensayo de PCR tiempo real dirigido a varios coccidios de importancia zoonótica y salud animal ⁽¹¹⁾. Actualmente, los genes del ARNr SSU, *cox1* e ITS se utilizan para la identificación de especies. Recientemente, a partir de muestras de biopsia de músculo humano, se logró secuenciar e identificar *Sarcocystis nesbitti*, sugiriendo la utilidad de estos métodos ⁽¹⁰⁰⁾.

***Strongyloides stercoralis*:** Nematodo causante de la strongiloidiasis en humanos y endémico de regiones tropicales y subtropicales, afectando a millones de personas en el mundo ^(103,104). La seroprevalencia en

algunos países de América Latina y África supera el 20%, mientras que en algunos lugares del sudeste asiático es superior al 40% ⁽¹⁰⁵⁾. Otras especies menos frecuentes de *Strongyloides* que pueden infectar a humanos son *Strongyloides fuelleborni* (*fülleborni*) subsp. *fuelleborni* y *S. fuelleborni* subsp. *kellyi* ^(103, 106). El diagnóstico de laboratorio se basa principalmente en la serología ^(107, 108) y detección de larvas de *S. stercoralis* (rabditiformes y ocasionalmente filariformes) en heces, líquido duodenal y/o muestras de biopsia y, posiblemente esputo en infecciones diseminadas. El examen de deposiciones es necesario, pero no siempre es suficiente, porque la carga parasitaria suele ser baja, la producción de larvas es mínima en infecciones no complicadas y el examen microscópico tiene baja sensibilidad ^(11, 103). El método de cultivo en agar Koga (método de cultivo de larvas en placas de Petri con medio de agar simple o sangre), en la mayoría de los estudios se reconoce como el método coprológico más sensible para detección de larvas de *Strongyloides*. Por otra parte, las pruebas serológicas están indicadas cuando se sospecha de la infección y/o el parásito no se detecta mediante aspiración duodenal o en el examen de deposiciones ⁽¹⁰³⁾. En el diagnóstico serológico de estrombiloidiasis, se describe la utilización de antígenos tanto crudos como recombinantes ⁽¹⁰⁹⁾. La mayoría de los ensayos emplean antígenos derivados de *S. stercoralis* (o de *Strongyloides ratti* o *Strongyloides venezuelensis*, estrechamente relacionados) de larvas filariformes, pero, cada vez es más frecuente la utilización de antígenos recombinantes disponibles comercialmente ^(103, 104, 110, 111, 112). Pese a que se dispone de técnicas como IFI, hemaglutinación indirecta (HAI) y de microesferas magnéticas y fluorescentes ligadas a antígenos, se recomienda el ensayo de ELISA para detección de anticuerpos en suero o plasma, debido a su mayor sensibilidad ^(103, 109, 110, 111). Recientemente, se han empleado dos antígenos recombinantes para pruebas serológicas en ensayos de ELISA y de inmunoprecipitación de luciferasa (LIPS). La sensibilidad y especificidad informadas varían según el método, los tipos de antígenos, los puntos de corte, las poblaciones de estudio y los métodos de referencia empleados ⁽¹⁰⁹⁾. Personas inmunodeprimidas con estrombiloidiasis diseminada poseen anticuerpos IgG detectables a pesar de su inmunosupresión, no obstante, pueden observarse falsos negativos, y por otro lado, producirse reacciones cruzadas en pacientes con filariasis, esquistosomiasis y ascariasis, según el antígeno utilizado en la prueba ^(103, 112). Además, la serología positiva no diferencia entre una infección pasada y una actual, puesto que la reversión serológica de anticuerpos es inusual en la mayoría de los pacientes, aunque los niveles disminuyen notablemente a los 6 meses post-tratamiento; por tanto, la monitorización serológica puede resultar útil en el seguimiento de pacientes tratados ⁽¹⁰³⁾. Con respecto a los métodos moleculares, las técnicas de PCR y LAMP se han aplicado en la detección de *S.*

stercoralis en muestras de heces frescas, congeladas o no fijadas con formalina, con sensibilidad y especificidad que varían según la prueba utilizada ^(103, 109). Ensayos de PCR en tiempo real con uso de sondas se hidrólisis, dirigidos a los blancos ADNr SSU o a 28S y también en formato multiplex, son útiles para detección de *S. stercoralis* y otros geohelminths. Por tanto, el diagnóstico molecular parece ser un método alternativo de utilidad ⁽¹¹⁾. En Chile, se realiza identificación morfológica de larvas y ELISA IgG ⁽⁹⁷⁾.

Taenia spp.: Infección parasitaria causada por los cestodos *Taenia saginata* (tenia bovina), *Taenia solium* (tenia porcina) y *Taenia asiatica* (tenia asiática). La infección humana ocurre al consumir carne de res (*T. saginata*) o de cerdo (*T. solium* y *T. asiatica*), cruda o mal cocida. Por lo general, no se presentan síntomas o éstos son leves, por lo que muchas veces se ignora el curso de la infección. El diagnóstico de teniasis se realiza a través del estudio de muestras de deposición mediante la observación microscópica de huevos, a partir de segmentos o proglótidas de tenia o, eventualmente, del escólex post-tratamiento ⁽¹¹³⁾. La especificidad de la observación microscópica está limitada a nivel de género porque los huevos son indistinguibles entre las especies, motivo por el cual es importante conocer la especie involucrada, dados los riesgos asociados a neurocisticercosis por *T. solium* ⁽¹¹⁴⁾ (Ver sección Hemo-Histoparásitos). Estudios relativamente recientes estiman y comparan el rendimiento de microscopía, ELISA coproantígenos y PCR multiplex en tiempo real para la detección de portadores de *Taenia* mediante el uso de muestras de heces recolectadas en dos comunidades de Zambia, donde la infección es endémica. Las especificidades observadas fueron de 99,9%, 92,0% y 99,0% y las sensibilidades de 82,5%, 84,5% y 82,7% para microscopía, ELISA y PCR, respectivamente ⁽¹¹⁾. Respecto a métodos inmunodiagnósticos, se han desarrollado varios ensayos que detectan coproantígenos de *Taenia* en diferentes formatos, pero todos en forma de ELISA de captura, utilizando anticuerpos policlonales obtenidos de conejos hiperinmunizados con productos somáticos o excretorios-secretorios de gusanos adultos. Estos ensayos son específicos de género y no son detectables después del tratamiento lo que hace que la prueba sea útil para la detección temprana y evaluación de la eficacia del tratamiento antiparasitario ^(35, 114). Si bien, no han ocurrido reacciones cruzadas con otras infecciones por *Hymenolepis* spp., *A. lumbricoides*, *Trichuris trichiura*, anquilostomas y protozoos parásitos, la mayoría no distingue entre *T. solium* y *T. saginata* ⁽³⁵⁾. Algunos investigadores, han combinado ambos anticuerpos policlonales contra todo el extracto de adulto de *T. solium* y proteínas de excreción-secretión en un formato ELISA sándwich híbrido para lograr la especificidad de especie, logrando una especificidad del 100% y una sensibilidad del 95% en

la detección de portadores de *T. solium* ⁽¹¹⁴⁾. De esta manera, se ha evidenciado que la detección de coproantígenos tiene mejor sensibilidad diagnóstica que las demás técnicas ^(11,115). En estudios epidemiológicos, se informa que ELISA Copro-Ag detecta alrededor de 2,5 veces más casos de teniasis que la microscopía básica ⁽¹¹⁴⁾. Estas pruebas de coproantígenos de *Taenia* en heces se utilizan principalmente en estudios epidemiológicos y no están disponibles comercialmente ^(11,35). De todos modos, ELISA coproantígeno y la observación microscópica, son complementarios para el diagnóstico ⁽¹¹⁵⁾. En cuanto a métodos moleculares, éstos se utilizan principalmente para diferenciar especies. PCR convencional, multiplex y PCR-RFLP, están diseñados en base a distintos blancos (HDPI, HDP2, ADN_r mitocondrial 12S, *cox1*, repetición pTsol9 y Tso31) y son utilizados para discriminar especies especies a partir de proglótidas. Sin embargo, estos estudios se han realizado en un pequeño número de muestras de deposiciones positivas y negativas. Finalmente, en un estudio comparativo, aplicado en muestras fecales positivas, LAMP resultó ser más sensible que PCR multiplex basada en la secuencia *cox1* ⁽¹¹⁾.

***Trichuris trichiura*:** Nematodo causante de la tricocefalosis y cuyo diagnóstico se basa principalmente en observación microscópica de huevos en muestras de heces, a partir de métodos coproparasitológicos de sensibilidad dependiente de la carga parasitaria. El diagnóstico más preciso de la infección se logra mediante métodos cuantitativos, como Kato-Katz, McMaster, técnicas FLOTAC y métodos moleculares. En cuanto a los métodos inmunobiológicos, la detección de coproantígenos se ha evaluado en medicina veterinaria, no así para diagnóstico humano. Es así, como ensayos de ELISA realizados en muestras fecales infectadas experimentalmente con huevos de *Trichuris vulpis* dieron buenos resultados en comparación con métodos de flotación. La especificidad y sensibilidad fueron aceptables en comparación con otros ensayos ELISA de uso en el diagnóstico de infecciones intestinales, no obstante se requieren más estudios para determinar su real utilidad en el diagnóstico de *T. trichiura* ⁽¹¹⁶⁾. Con respecto a métodos moleculares, existe poca evidencia bibliográfica sobre uso de PCR para detectar ADN específico de *T. trichiura* con fines diagnósticos, lo cual podría deberse a las dificultades en el aislamiento de ADN parasitario, posiblemente por el robusto material que conforma el huevo ⁽¹¹⁾ o, porque el ensayo de PCR no sería necesario para el diagnóstico, debido a la forma peculiar del huevo, fácilmente distinguibles microscópicamente de otros nematodos ⁽¹¹⁶⁾. Para fines de investigación, se han utilizado algunos ensayos de PCR dirigidos a los blancos ARN_r SSU o a ITS1 y ensayos de PCR tiempo real con uso de sondas TaqMan. Los estudios muestran una correlación significativa entre el recuento de huevos

por el método de Kato-Katz y la carga de ADN específica de *T. trichiura* cuantificada por PCR tiempo real ⁽¹¹⁾. Se concluye que los métodos moleculares permiten una detección más sensible del parásito, especialmente cuando existe baja carga parasitaria y, además, permiten diferenciar entre especies con huevos de morfología similar. Por tal razón, estos métodos podrían ser útiles en casos de baja prevalencia donde el objetivo es la eliminación de la infección ⁽¹¹⁶⁾.

***Trichostrongylus* spp:** Nematodos zoonóticos considerados como unos de los principales causantes de pérdidas económicas que llevan a disminución de la producción de carne, lana y leche, así como a la pérdida de peso y al aumento de las tasas de mortalidad del ganado ⁽¹¹⁷⁾. Se ha demostrado que la infección es altamente prevalente y patógena en herbívoros domésticos y salvajes y, se sabe que varias especies infectan a humanos, como *Trichostrongylus colubriformis*, *Trichostrongylus axei*, entre otras. El examen de muestras de deposición con la observación morfológica de huevos, es actualmente el método de laboratorio de rutina para la detección de *Trichostrongylus* spp. ^(117,118). Sin embargo, el examen microscópico se enfrenta a una variedad de desafíos, incluida la dificultad para identificar entre especies, debido a su similitud, y a la posibilidad de confundirlos con huevos de otros nemátodos como anquilostomas ⁽¹¹⁸⁾. No se describen ensayos de inmunodiagnóstico en humanos y, en cuanto a métodos moleculares, se han identificado diferentes especies utilizando análisis de PCR dirigidos a ITS-2, un marcador genético confiable para la detección de una amplia gama de nematodos ^(117,119). Se han evaluado PCR convencional, PCR en tiempo real, y PCR tiempo real seguida de análisis de fusión de alta resolución (HRM), pero principalmente en muestras de heces de origen animal ⁽¹¹⁷⁾. En muestras de heces humanas, se han realizado ensayos de PCR anidada junto a detección de otros nemátodos como anquilostomas, y dirigidos a regiones ITS1, ITS2 y 5,8, principalmente para confirmar hallazgos microscópicos ^(11,120).

Hemo-Histoparásitos

Amebas de vida libre (AVL): *Naegleria fowleri*, *Acanthamoeba* spp., *Balamuthia mandrillaris* y *Sappinia* sp., son amebas de vida libre potencialmente patógenas. La infección por AVL requiere de diagnóstico rápido, fundamental para el tratamiento temprano del caso. En los laboratorios clínicos, se realiza el diagnóstico directo mediante examen microscópico y cultivo de muestras de biopsias, líquido cefalorraquídeo (LCR) y raspados corneales, entre otros ^(121,122). En cuanto a los métodos de inmunodiagnóstico, se ha identificado anticuerpos contra *Naegleria* spp en individuos sanos, pero dado que la meningoencefalitis amebiana primaria (MAP) enfermedad de curso rápido, las pruebas

serológicas que evalúan si existe aumento en el título de anticuerpos no siempre son útiles, porque generalmente, éste no es observado. Por otro lado, se han desarrollado anticuerpos monoclonales específicos de especie para utilizarlos como herramienta de diagnóstico y estudios epidemiológicos. Estos anticuerpos monoclonales reconocen algunas especies de *Acanthamoeba*, reaccionando con tejidos infectados fijados con formalina e incluidos en parafina, reconociendo etapas de trofozoito y quiste. Un aumento en el título de anticuerpos puede ser indicación de infección. Para esta evaluación, se recomienda solicitar IFI. Los individuos infectados por *Acanthamoeba* spp. Poseen altos títulos de anticuerpos (entre 1:256 y 1:1024) en suero, mientras que los individuos sanos que han estado expuestos a la ameba en el medio ambiente tienen títulos de anticuerpos bajos, normalmente no superiores a 1:80. Por tanto, la IFI puede ser una herramienta útil para confirmar la infección en pacientes con esta sospecha. También, se ha utilizado Western Blot para demostrar la presencia de anticuerpos contra *Acanthamoeba* en suero humano y, se describe el desarrollo de un método de ELISA que utiliza trofozoitos fijos completos en lugar de extractos amebianos como fuente de antígeno, demostrándose que es una herramienta eficaz para identificar anticuerpos en el laboratorio ⁽¹²¹⁾. En el caso de *B. mandrillaris*, una de las características de la infección, es la alta concentración de anticuerpos contra las amebas en el suero del hospedero, la que puede ser determinada mediante ELISA. Se ha observado que estos anticuerpos no reaccionan de forma cruzada con otras amebas ^(121,123). Para *Sappinia* sp. sólo se han descrito métodos directos y moleculares. Respecto a métodos moleculares, se ha descrito un número creciente de técnicas de PCR convencional y en tiempo real que son sensibles y específicas para la detección e identificación de AVL en muestras clínicas y ambientales ^(121,122). Es así como se ha desarrollado un ensayo de PCR en tiempo real altamente específico para la identificación de *Acanthamoeba* spp., *N. fowleri* y *B. mandrillaris* en muestras clínicas, dirigido a secuencias de genes de ARNr de subunidades pequeñas 18S, utiliza cebadores distintos y sondas TaqMan para la identificación y diferenciación simultánea de estos tres parásitos ^(121,122,124). En este ensayo, también se puede incorporar la determinación de *Sappinia* sp. ⁽¹²¹⁾. Sin embargo, estos métodos generalmente no están disponibles en los laboratorios clínicos, pero si pueden estar disponibles en laboratorios de diagnóstico de referencia ⁽¹²²⁾. En Chile, el diagnóstico de AVL se realiza mediante métodos de cultivo y PCR, principalmente de *Acanthamoeba* spp. ^(97,125), género del cual se ha logrado identificar diversos genotipos circulantes en el país, provenientes de pacientes con queratitis ⁽¹²⁶⁾.

***Echinococcus granulosus*:** Céstodo del perro y otros cánidos, causante de la hidatidosis humana, infección

larval adquirida a través de la ingestión de huevos del parásito, y que constituye una zoonosis de especial interés en salud pública en países endémicos como Chile ⁽¹²⁷⁾. El diagnóstico de hidatidosis se basa principalmente en los hallazgos ecográficos y/u otras técnicas imagenológicas respaldadas por pruebas serológicas positivas ⁽¹²⁹⁾. Los métodos inmunobiológicos detectan los anticuerpos mediante diferentes pruebas serológicas ^(129,130) como HAI, Western Blot y ensayos de ELISA. Las tasas de sensibilidad varían dependiendo de las características de las técnicas y antígenos utilizados ^(129,131, 132). Actualmente, para el diagnóstico serológico de la hidatidosis se recomienda el uso combinado de pruebas. Se puede utilizar ELISA o HAI para la detección y, si las reacciones resultan positivas, deben confirmarse mediante un ensayo de Western Blot ⁽¹²⁹⁾. Estas técnicas permiten detectar anticuerpos específicos contra antígenos del parásito y son de utilidad si se desea estudiar casos sospechosos. ELISA es utilizado para screening (detección de IgG) y Western Blot polivalente (detección de IgG, IgM e IgA) como técnica de confirmación en pacientes adultos. En los casos pediátricos, el Western Blot presenta mayor utilidad para el screening por ser más sensible en esta población. En todos los casos, la negatividad de una prueba serológica no descarta la presencia del o los quistes hidatídicos, tanto en portadores asintomáticos como en pacientes sintomáticos ⁽¹³⁰⁾, debido a que algunos portadores de quistes no tienen anticuerpos detectables, porque éstos dependen de la localización, integridad y vitalidad del quiste larvario ⁽¹²⁹⁾. Algunos kits de ELISA para *E. granulosus* y *Echinococcus multilocularis*, utilizan antígenos crudos de líquido hidatídico ^(133, 134), antígenos somáticos o antígenos excretores-secretorios (ES-Ag) obtenidos de protoescolices extraídos mediante punción aséptica de quistes de ovejas ⁽¹³²⁾. La sensibilidad varía entre un 96% y 89% en pacientes con quistes hidatídicos y equinococosis alveolar respectivamente, y la especificidad aproximada es de 97% ⁽¹³⁴⁾. Con uso de antígenos crudos, puede existir reactividad cruzada principalmente en pacientes con triquinosis, fasciolosis, filariosis, leishmaniosis y cisticercosis ^(133,134), por eso es importante la correlación con el historial epidemiológico ⁽¹²⁹⁾. Se ha descrito que, al comparar la reactividad serológica del antígeno Em2 con la de antígenos que contienen componentes tanto de *E. multilocularis* como de *E. granulosus*, es posible discriminar a los pacientes con enfermedad alveolar de aquellos con enfermedad quística ^(129,135). En la actualidad, se comercializan tests inmunocromatográficos de diagnóstico ⁽¹³⁶⁾. Con respecto a métodos moleculares para el diagnóstico de la equinococosis quística humana (EC), no se ha establecido su recomendación, debido a que el ADN del parásito deben ser obtenido a partir de los quistes extraídos quirúrgicamente. Al respecto, la detección de ADN parasitario ha sido descrito en muestras de suero de pacientes confirmados quirúrgicamente con

EC que presentan quistes rotos, mientras que en la mayoría de los casos en que tenían un quiste intacto, no se detectó ADN de *E. granulosus* en suero⁽¹³⁷⁾. En Chile, el diagnóstico y confirmación serológica se realiza mediante ELISA IgG y Western Blot polivalente⁽⁹⁷⁾.

***Entamoeba histolytica* (Amebiasis extraintestinal):** La detección de anticuerpos tiene mayor utilidad en pacientes con enfermedad extraintestinal cuando, generalmente, no se encuentran parásitos en el examen de deposición⁽⁸¹⁾. En los métodos de inmunodiagnóstico, la detección de anticuerpos tiene un valor limitado en pacientes de áreas altamente endémicas, puesto que probablemente han tenido exposición previa y seroconversión, permaneciendo positivos varios años luego de una infección, dificultando la distinción entre infección reciente y previa^(80,81,82). Por esta razón, es de mayor utilidad en pacientes procedentes de áreas no endémicas⁽⁸¹⁾, aunque de todos modos, una serología fuertemente positiva es altamente sugerente de compromiso invasivo actual⁽⁸⁰⁾. La prueba de HAI ha sido reemplazada por ensayos de ELISA disponibles comercialmente para el inmunodiagnóstico de rutina de la amebiasis^(81,138,139). Los antígenos utilizados en ELISA consisten en un extracto soluble crudo de parásitos cultivados axénicamente. El ensayo detecta anticuerpos específicos para *E. histolytica* en aproximadamente el 95% de los pacientes con amebiasis extraintestinal y el 70% de los pacientes con infección intestinal activa. Si los anticuerpos no son detectables en pacientes con una presentación aguda de sospecha clínica de absceso hepático amebiano, se debe extraer una segunda muestra 7-10 días después. Si esta segunda muestra no presenta seroconversión, se debe considerar el estudio de otros agentes⁽⁸¹⁾. Además, está disponible la técnica de IFI, altamente específica y útil en pacientes sintomáticos con y sin infección por VIH⁽¹⁴⁰⁾. Con respecto a los métodos moleculares, los ensayos de PCR (como los descritos en la sección Enteroparásitos), también pueden facilitar la identificación de *E. histolytica* en muestras distintas de las heces, como por ejemplo, en aspirados de abscesos hepáticos, LCR y orina⁽¹¹⁾. En Chile, el diagnóstico serológico de amebiasis se realiza mediante IFI y ELISA IgG^(87,97).

***Fasciola hepatica*:** Único trematodo presente en Chile que parasita humanos. Es de amplia distribución en el país y el mundo, afectando de manera importante a animales de abasto y silvestres⁽¹⁴¹⁾. Además, constituye una importante zoonosis asociada a ETA⁽¹⁴²⁾. Para apoyar el diagnóstico clínico de la fasciolosis en humanos, se aplican técnicas inmunológicas, lo que se fundamenta por la baja sensibilidad de los exámenes coproparasitológicos^(143,144). Las pruebas serológicas pueden ser útiles en la fase aguda de la infección debido a que los anticuerpos específicos contra *Fasciola* se vuelven detectables de 2 a 4

semanas después de la infección; mientras que la producción de huevos (periodo prepatente) por lo general no comienza en el humano hasta al menos 1 mes o más después de la infección^(144,145). También pueden ser valiosas para casos de infección crónica en pacientes con baja o esporádica eliminación de huevos, así como en pacientes con infección ectópica y, por otro lado, pueden ayudar a descartar la pseudofasciolosis asociada a la ingestión de huevos del parásito mediante consumo de hígado infectado de oveja o de res⁽¹⁴⁵⁾. El inmunodiagnóstico de elección es el ensayo de ELISA con antígenos recombinantes o antígenos excretados-secretados de *Fasciola hepatica* (AgFhE/S) y la técnica de Western Blot para confirmar muestras positivas a ELISA, debido a su alta especificidad^(143,145). Otro ensayo utilizado con menor frecuencia es HAI^(143,146). Si bien, como se señaló anteriormente, el ensayo de ELISA es una de las pruebas más aplicadas en la actualidad por su alta sensibilidad, presenta alta inespecificidad, debido fundamentalmente, a la calidad de los antígenos utilizados. Es así como los AgFhE/S de las formas adultas son considerados potentes inductores de la respuesta inmune humoral, superando a los antígenos somáticos; sin embargo, cuando estos antígenos se utilizan en la prueba de ELISA se observan falsos positivos hasta en un 30 % de los casos⁽¹⁴³⁾. Se han evaluado diferentes ensayos de ELISA con distintos antígenos, tales como FHTA ELISA (antígeno tegumentario de *F. hepatica*), FhFerritina ELISA, Cathepsin L-ELISA, GST ELISA (antígeno glutatión S transferasa), Saposin-like -2 ELISA (antígeno saposin-like 2) y Fas2 ELISA⁽¹⁴⁶⁾. También se han utilizado AgFhE/S en ensayos de Western Blot⁽¹⁴³⁾. Una de las desventajas de los ensayos de detección de anticuerpos son la falta de sensibilidad y especificidad, y la incapacidad de diferenciar entre infecciones pasadas y presentes⁽¹⁴⁴⁾. Por último, se han realizado algunos ensayos para detección de coproantígenos en muestras de heces mediante ELISA sándwich y Western Blot, utilizando suero hiperinmune obtenido frente a AgFhE/S de adultos de *F. hepatica*, evaluados con heces humanas y animales, pero aún es necesario estandarizar y verificar la utilidad de estas técnicas en muestras humanas^(144,147). En cuanto a métodos moleculares, se ha descrito la aplicación de PCR convencional, PCR en tiempo real, PCR multiplex y RFLP, entre otras, para detección, diferenciación y caracterización genética de *Fasciola* spp. Los enfoques moleculares basados en las dianas ITS1, ITS2, nad1 y cox1 se han utilizado principalmente para la diferenciación de trematodos adultos de *F. hepatica*, *F. gigantica* y la nueva "*Fasciola intermedia*" (forma híbrida entre *F. hepatica* y *Fasciola gigantica*)⁽¹⁴⁸⁾ y, para detectar la variación genética entre *Fasciola* spp., pero éstos ensayos aún no se han validado completamente en la población o para diagnóstico de pacientes^(11,148). En Chile, el diagnóstico serológico se realiza mediante ELISA y Western Blot⁽⁹⁷⁾.

Tabla 1. Técnicas serológicas y moleculares aplicadas en el diagnóstico o investigación de parasitosis

Parasitosis	Técnicas utilizadas	Tipo de Muestra
ENTEROPARASITOSIS		
<i>Anquilostomas</i>	PCR, LAMP	Heces
<i>Ascaris lumbricoides</i>	ELISA, Western Blot	Suero o plasma
	ELISA coproantígeno, PCR	Heces
<i>Balantidium coli</i>	PCR	Heces, tejidos
<i>Blastocystis sp</i>	PCR	Heces
<i>Cyclospora cayetanensis</i>	PCR, FilmArray	Heces
<i>Cryptosporidium spp</i>	Test inmunocromatográfico, ELISA coproAg, IFD, Western Blot, PCR, FilmArray, LAMP	Heces
<i>Cystoisospora belli</i>	PCR	Heces
<i>Diphyllobothrium spp</i>	PCR	Heces, proglótidas
<i>Entamoeba histolytica</i>	Test inmunocromatográfico, ELISA coproantígeno, PCR, FilmArray, LAMP	Heces
<i>Giardia lamblia</i>	Test inmunocromatográfico, ELISA, IFD, PCR, FilmArray	Heces
<i>Microsporidium</i>	IDF	Heces
	PCR	Heces, sangre, orina, tejido, lavado broncoalveolar
<i>Sarcocystis sp</i>	ELISA coproAg, PCR	Heces
<i>Strongyloides stercoralis</i>	ELISA, IFI, Western Blot, HAI, inmunoprecipitación de luciferasa	Suero o plasma
	PCR, LAMP	Heces
<i>Taenia sp</i>	ELISA coproAg	Heces
	PCR, LAMP	Heces, proglótidas
<i>Trichuris trichiura</i>	PCR	Heces
<i>Trichostrongylus spp</i>	PCR	Heces
HEMO-HISTOPARASITOSIS		
Amebas de Vida Libre (<i>Acanthamoeba</i> , <i>Naegleria</i> , <i>Balamuthia</i>)	PCR	<i>Acanthamoeba spp</i> : raspado ocular, biopsia corneal, aspirado corneal, lente de contacto, solución de lavado, estuche, tejido cerebral, LCR. <i>N. fowleri</i> , <i>B. mandrillaris</i> : LCR, tejido cerebral
	ELISA, IFI, Western Blot	Suero o plasma
<i>Echinococcus granulosus</i>	ELISA, Western Blot, Test inmunocromatográfico, HAI	Suero o plasma
	PCR	Quistes rotos
<i>Entamoeba histolytica</i>	ELISA, IFI	Suero o plasma
	HAI	Suero
	PCR	Orina, saliva, pus, tejido, heces
<i>Fasciola hepatica</i>	ELISA, Western Blot	Suero o plasma
	HAI	Suero
	PCR	Heces
Filarias	Test inmunocromatografico	Sangre total, suero o plasma (<i>W.bancrofti</i>), orina y lágrimas (<i>O.volvulus</i>)
	ELISA, Western Blot	Suero o plasma
	Inmunoprecipitación de luciferasa	Gotas de sangre obtenidas con papel filtro
	PCR	Sangre total o raspado de piel
	LAMP	Sangre capilar
<i>Leishmania spp</i>	ELISA, Western Blot, IFI, Test inmunocromatográfico	Suero o plasma
	Aglutinación en látex	Orina
	PCR	Tejido, sangre y secreciones
<i>Plasmodium spp</i>	IFI, ELISA	Suero o plasma
	Test inmunocromatográfico, PCR, LAMP	Sangre total en EDTA
<i>Taenia solium</i> cisticercosis	ELISA	Suero, plasma
	Western Blot	Suero, plasma o LCR
	PCR	LCR
<i>Toxocara canis/Toxocara cati/Toxascaris leonina</i>	ELISA	Suero o plasma
	Western Blot	Suero, LCR o humor acuoso
	PCR	Tejido
<i>Toxoplasma gondii</i>	ELISA, ELFA	Suero o plasma
	IFI	Suero, plasma, LCR
	HAI	Suero sanguíneo inactivado 56 °C 30 minutos
	PCR	Sangre total con EDTA, sangre de cordón umbilical, placenta, líquido amniótico, LCR, humor vítreo
<i>Trichinella spiralis</i>	ELISA, Western Blot	Suero o plasma
	PCR	Larvas de músculo
<i>Trypanosoma cruzi</i>	IFI, ELISA, Western Blot	Suero o plasma
	HAI	Suero
	PCR-LAMP	Sangre total con EDTA o Guanidina (1:1), LCR
	Test inmunocromatográfico	Suero, plasma o sangre
<i>Schistosoma spp</i>	ELISA, IFI, Western Blot, HAI, Pp. circumoval	Suero
	Test inmunocromatográfico	Orina
	PCR	Orina, heces, plasma, lavado vaginal, plasma
	LAMP	Plasma

Tabla 1. Resumen pruebas inmunobiológicas y biología molecular de mayor aplicación en el diagnóstico parasitológico o limitadas a investigación parasitológica. Se excluyeron técnicas menos frecuentes o no validadas. **PCR:** convencional, tiempo real, anidada, múltiple y otras. **Referencias:** texto

Filarias: Nematodos no endémicos en Chile, no obstante, de interés en viajeros ⁽¹⁴⁹⁾. Es considerada una enfermedad olvidada ⁽¹⁵⁰⁾. El método estándar para diagnosticar una infección activa es la visualización de microfilarias mediante microscopía, en un frotis sanguíneo o en un corte de piel, permitiendo la identificación de distintas especies ^(151,152,153). Imágenes ecográficas o de ultrasonido, también permiten observar los parásitos adultos con movimientos giratorios (danza filarial) en canales linfáticos y tejidos subcutáneos ^(154,155). Los métodos de inmunodiagnóstico, proporcionan una alternativa a la detección microscópica. Los pacientes con infección activa por filarias poseen niveles elevados de IgG4 antifilarias en sangre ⁽¹⁵²⁾. Para filariasis linfáticas (*Wuchereria bancrofti*, *Brugia* sp.), el método de elección es la detección antigénica, ya que debido a su alta sensibilidad y especificidad, permite identificar infecciones latentes ⁽¹⁵¹⁾. Para este fin, se han diseñado pruebas rápidas inmunocromatográficas en tarjeta y ELISA, que solo detectan antígenos de *W.bancrofti* ^(156,157). Los ensayos se basan en la detección de un antígeno circulante específico que circula en sangre periférica con sensibilidad cercana al 100% y especificidad para detección de infección activa. Sin embargo, un ensayo negativo, no excluye *W. bancrofti* como causa de linfedema crónico o elefantiasis, porque las manifestaciones crónicas pueden persistir en ausencia de infección activa ⁽¹⁵⁶⁾. El antígeno Og4C3, se correlaciona con la intensidad de la carga parasitaria y la respuesta a tratamiento ^(151,157,158,159). La búsqueda de anticuerpos IgG e IgG4 (específica) frente a un extracto de parásito adulto del antígeno crudo de *Brugia malayi* es la prueba serológica disponible más utilizada ⁽¹⁵³⁾. Sin embargo, la mayoría de las pruebas de anticuerpos filariales están limitadas por la incapacidad de diferenciar entre infección activa, infección pasada y exposición a la infección. Además, al utilizarse extractos crudos, no es posible diferenciar especies. Habitualmente, se observa reactividad cruzada de IgG con otras infecciones por nematodos como *S. stercoralis*, la cual puede ser reducida con ensayos de IgG4. En general, tanto para filariasis linfáticas como subcutáneas (*Onchocerca volvulus*, *Loa loa*, *Mansonella* sp.), se han desarrollado pruebas de anticuerpos específicas de especie basadas en antígenos recombinantes (BmR1 y Ov16), presentadas en tiras reactivas inmunocromatográficas; pero la mayoría de ellas, no está disponible comercialmente ⁽¹⁵⁶⁾. Si bien, las pruebas de IgG son positivas en oncocercosis (*O. volvulus*) y en infecciones por otras filarias, presentan falta de especificidad y de valor predictivo positivo. Para diagnóstico de oncocercosis, se ha descrito el uso combinado de varios antígenos recombinantes en ELISA, con sensibilidad y especificidad cercana al 100% y, en una prueba rápida de inmunoprecipitación de luciferasa de alto rendimiento, diferenciando esta infección de otras filarias. El antígeno Ov-16 puede actuar como biomarcador temprano de infección, y es

utilizado en una prueba rápida comercial, con alta especificidad y, sensibilidad cercana al 80%, la cual se utiliza principalmente como herramienta de vigilancia para certificar la eliminación de oncocercosis en áreas endémicas, pero también, es útil para confirmar el diagnóstico en pacientes con sospecha. Igualmente, presenta limitaciones, como la seronegatividad descrita hasta en 20% de viajeros, reactividad cruzada ocasional con *S. stercoralis* y dificultad para distinguir *O. volvulus* de otras filarias o coinfecciones ⁽¹⁵³⁾. Además, se ha evaluado un ensayo de tira reactiva para detección de antígenos específicos en orina y lágrimas, con sensibilidad del 100% y 92% respectivamente, y una especificidad del 100% en pacientes de países no endémicos y sin reacciones cruzadas con otros parásitos ^(151, 160). Para *Loa loa* se han desarrollado ensayos de ELISA, Western Blot e inmunoprecipitación de luciferasa ⁽¹⁵¹⁾. Un ELISA IgG disponible comercialmente, ofrece detección de casos sospechosos y serología de rutina de filariasis linfáticas y subcutáneas, utilizando antígenos somáticos de *Acanthocheilonema viteae*, un parásito nematodo filarial de roedores ⁽¹⁶¹⁾. En cuanto a métodos moleculares, en laboratorios de investigación, para detección de ADN oncocercal, se utiliza la secuencia repetida O-150 en muestras de piel, los que han demostrado ser altamente sensibles y específicos ⁽¹⁵³⁾. Un ensayo de PCR en tiempo real aplicada en muestras de sangre y piel, ha demostrado ser igualmente sensible que el filtrado de sangre para la detección de microfitemia por *W. bancrofti* y *L. loa* y, superior al examen de piel utilizando microscopía para detección de *O. volvulus*. Las técnicas moleculares requieren menor cantidad de muestra para análisis que las pruebas convencionales, facilitando el diagnóstico en zonas no endémicas. Además, se describe una PCR anidada capaz de diferenciar varias especies de filarias (*O. volvulus*, *Mansonella ozzardi* y *Mansonella perstans*), siendo altamente sensible y específica y, muy útil en casos de baja carga parasitaria y en coinfecciones ⁽¹⁵¹⁾. Adicionalmente, LAMP representa una nueva herramienta de diagnóstico molecular que se puede aplicar en el punto de atención, para la detección y cuantificación de microfilarias de *L. loa* en países con recursos limitados y donde la infección es endémica ^(150,162). En Chile, los métodos utilizados son ELISA IgG, prueba rápida inmunocromatográfica y visualización microscópica en frotis y gota gruesa ⁽⁹⁷⁾.

Leishmania spp.: Grupo de protozoos zoonóticos, causantes de la leishmaniasis, descrita en 98 países, la mayoría de ellos en vías de desarrollo y ubicados en regiones tropicales y templadas, donde la distribución de la enfermedad se corresponde con la distribución de los vectores flebótomos ^(163,164). El diagnóstico de leishmaniasis cutánea (LC), se confirma cuando los análisis parasitológicos corroboran las manifestaciones clínicas, mientras que el diagnóstico de leishmaniasis visceral (LV) se realiza mediante la combinación del

examen clínico y pruebas parasitológicas o serológicas. Para la leishmaniasis mucocutánea (LMC), la biopsia de las lesiones es fundamental para identificar los parásitos, debido a que la detección por microscopía es reducida, a menos que se utilicen técnicas de PCR ⁽¹⁶³⁾. En relación a los métodos de inmunodiagnóstico, se utilizan diversas técnicas serológicas para detectar anticuerpos contra *Leishmania*, tales como ELISA, IFI, Western Blot, prueba de aglutinación directa, prueba cutánea e inmunocromatográficas que detectan anticuerpos contra el antígeno recombinante rK39, derivado de una región conservada (39 aminoácidos) de la quinesina de *L. infantum* ^(163,165,166). Las pruebas serológicas son útiles principalmente en casos de LV, pero tienen valor limitado en LC y LMC ^(163,165,167). La LV se acompaña de respuesta inmune humoral con aparición de títulos elevados de anticuerpos séricos, que sin embargo, pueden ser deficientes en personas inmunodeprimidas. La limitante serológica, son los anticuerpos séricos que siguen siendo detectables varios años después de una infección, no diferenciando fácilmente infección reciente de infección antigua. Por otra parte, las reacciones cruzadas son posibles con otros parásitos (tripanosomas, *Plasmodium*) ⁽¹⁶⁷⁾. Para la detección antigénica de *Leishmania*, se ha descrito el desarrollo de una prueba en orina, que corresponde a una aglutinación en látex que detecta antígenos solo en pacientes con enfermedad activa y la cual se revierte en forma rápida a negativa después del tratamiento exitoso, pero su sensibilidad es muy variable (47%-87%), requiere orina hervida y la lectura es subjetiva ⁽¹⁶⁶⁾. Podemos señalar, que actualmente, la metodología más sensible y específica para detección de *Leishmania* en muestras clínicas, es la PCR. Esta técnica, además de facilitar la detección del parásito en muestras con baja carga parasitaria, permite identificar la especie involucrada; determinación importante para definir el tratamiento farmacológico específico ⁽¹⁶³⁾. El método se basa en la utilización de cebadores genéricos que amplifican segmentos como kDNA, gp63, hsp70, ITS1, ITS2, entre otros, de múltiples especies de *Leishmania* ^(165, 166). En Chile, se aplica ELISA y Western Blot IgG cuya fuente de antígenos es obtenida a partir de extractos crudos de cepas de *Leishmania*, además de métodos moleculares como PCR convencional para género y posterior secuenciación genética complementaria para especie ⁽¹⁶³⁾.

***Plasmodium spp.*:** La malaria o paludismo, es una parasitosis cuyos agentes etiológicos son protozoos del género *Plasmodium*, transmitidos por mosquitos del género *Anopheles*. El diagnóstico de laboratorio, debe ser rápido y preciso, para un tratamiento oportuno y eficaz ⁽¹⁶⁸⁾, especialmente en infecciones por *P. falciparum* (terciana maligna) ⁽³⁾. Consideración especial merecen los casos importados y de viajeros a zonas endémicas ^(169,170). El impacto global de esta

enfermedad ha estimulado el interés por desarrollar estrategias de diagnóstico efectivas no solo para áreas con recursos limitados donde la malaria es una carga importante, sino también en países desarrollados o donde la infección no es endémica, debido a que a menudo, se carece de experiencia en el diagnóstico. Esto implica la identificación de los parásitos o de sus antígenos y productos en la sangre del paciente ⁽¹⁷¹⁾. El análisis morfológico mediante microscopía sigue siendo el "estándar de oro" para el diagnóstico de malaria, sin embargo, la falta de expertiz y las dificultades para diferenciar entre las distintas especies, puede conducir a errores y complicar el diagnóstico. Existen varios métodos inmunodiagnósticos y moleculares que pueden complementar y confirmar el diagnóstico ⁽¹⁶⁸⁾. Los métodos de inmunodiagnóstico, como IFI y ELISA, son útiles para cuantificar la intensidad de transmisión en estudios epidemiológicos o donantes de sangre, pero no son útiles para diagnosticar la infección aguda, ya que los anticuerpos no se generan inmediatamente después de la primoinfección ^(172,173). Como antígenos, se utilizan esquizontes en estadio sanguíneo pudiendo ocurrir reacciones cruzadas entre especies de *Plasmodium* y *Babesia*. Las pruebas rápidas inmunocromatográficas, detectan antígenos específicos o enzimas propias del parásito como el antígeno (proteína 2 rica en histidina, HRP-2) asociado con *P. falciparum*, detección de una aldolasa específica de *Plasmodium* o detección de lactato deshidrogenasa asociada a *Plasmodium* (pLDH) ^(5,168). Desde que la OMS reconoció la necesidad urgente de pruebas de diagnóstico nuevas, simples, rápidas, precisas y rentables para determinar la presencia de parásitos de la malaria para superar las deficiencias de la microscopía, hubo un importante desarrollo de técnicas de diagnóstico y así, actualmente, hay disponibilidad de variados kits comerciales ⁽¹⁷¹⁾. También, las especies de *Plasmodium* se pueden identificar mediante pruebas de diagnóstico molecular confirmatorias. Además, la PCR puede detectar parásitos en muestras con baja carga parasitaria y, en casos de sospecha de infecciones mixtas, la PCR anidada, posee una resolución mejorada en comparación con el ensayo de PCR tiempo real ⁽¹⁶⁸⁾. El ISPCCh dentro de su algoritmo diagnóstico para malaria importada, incluye la identificación microscópica, pruebas rápidas inmunocromatográficas y PCR en tiempo real ^(5,97). Recientemente, se describe la caracterización epidemiológica y molecular de casos de malaria importados en Chile ⁽¹⁷⁴⁾.

***Taenia solium (cisticercosis)*:** Infección zoonótica causada por el estado larval de *T. solium*. El diagnóstico de neurocisticercosis, el cuadro más grave de esta parasitosis, implica la revisión del historial clínico, examen físico, estudios de imagen como resonancia magnética y tomografía computarizada, además de pruebas serológicas. Se recomienda que a los pacientes con fuerte sospecha de

cisticercosis o neurocisticercosis se les indique estudio serológico mediante Western Blot, el cual, junto al ensayo de ELISA, constituyen las pruebas inmunodiagnósticas más recomendadas. No obstante, Western Blot, es el método de elección para confirmar un diagnóstico presuntivo clínico y radiológico de cisticercosis, el cual se basa en la utilización de antígenos de *T. solium* y se puede aplicar en el binomio suero-LCR⁽¹⁷⁵⁾. La especificidad del Western Blot al emplear glucoproteínas purificadas con lectina de lenteja es superior al 99% y, su sensibilidad es alta. Sin embargo, los pacientes con una sola lesión intracraneal o con calcificaciones pueden ser seronegativos. Su sensibilidad diagnóstica es mayor en las muestras de suero en comparación con LCR⁽¹⁷⁶⁾. Sin embargo, estas pruebas presentan ciertas limitaciones, como no discriminar entre infecciones activas o pasadas, por tanto, su utilidad clínica se restringe a confirmación etiológica; aunque, títulos altos de anticuerpos sugieren infecciones graves y, a diferencia de IgG total, la detección de IgG4 puede asociarse con infección activa, además de ser un buen marcador de seguimiento. Se ha observado que el uso de antígeno vesicular del cisticerco ha ayudado a aumentar su sensibilidad y especificidad, pero pueden ocurrir reacciones cruzadas con equinococosis⁽¹⁷⁷⁾. El CDC señala que están disponibles pruebas de detección de antígenos para casos específicos de neurocisticercosis⁽¹⁷⁵⁾. En cuanto a métodos moleculares aplicados al diagnóstico de neurocisticercosis, si bien existen varios informes iniciales donde se ha logrado identificar ADN de *T. solium* en LCR, aún no se ha demostrado su utilidad en muestras clínicas, debido que al compararlos con técnicas serológicas, PCR tiene mejor sensibilidad pero su especificidad alcanza sólo al 80%⁽¹⁷⁷⁾. En Chile, se realiza diagnóstico y confirmación serológica de esta parasitosis mediante ELISA y Western Blot IgG⁽⁹⁷⁾.

***Toxocara canis/Toxocara cati*:** Nemátodos del perro y gato, respectivamente, causantes de la toxocariosis humana, infección larval adquirida a través de la ingestión de huevos del parásito. Establecer el diagnóstico clínico de esta zoonosis en humanos es complejo, debido al polimorfismo de los síndromes (variedad de órganos que pueden infectarse) y a la ausencia de signos clínicos específicos⁽¹⁷⁸⁾. Actualmente, el diagnóstico inmunológico de la toxocariasis se basa principalmente en la aplicación de pruebas serológicas, ya que las larvas quedan atrapadas en los tejidos y no es fácil detectarlas morfológicamente. Si bien la visualización de larvas en cortes histológicos proporciona un diagnóstico de certeza, no se recomienda, debido a que el procedimiento es altamente invasivo y la probabilidad de capturar una larva en una pequeña muestra de biopsia es muy baja, dependiendo de la carga larvaria y del estadio de infección^(178,179). Actualmente, las pruebas serológicas recomendadas son ELISA y

Western Blot^(179,180). ELISA detecta anticuerpos de tipo IgG dirigidos contra antígenos excretados-secretados de *Toxocara canis*. Se comercializan diferentes kits con sensibilidad superior al 90% y especificidad entre 90% al 95%. Sin embargo, se ha informado de reacciones cruzadas con sueros de pacientes con estrongiloidiasis o triquinosis. Western Blot también utiliza antígenos excretados-secretados y es más específico que ELISA. Pese a que existen fracciones específicas de antígenos excretados-secretados de *T. cati*, existe una gran similitud con *T. canis*, por lo que se producen reacciones cruzadas entre ambas especies, por tanto, el Western Blot que utiliza este tipo de antígenos no diferencia entre las dos infecciones. Hasta la fecha, no existe una prueba específica para *T. cati*⁽¹⁷⁸⁾. Por otra parte, un título serológico alto no indica necesariamente infección clínica actual por *Toxocara*, por lo que debe correlacionarse con la sintomatología clínica⁽¹⁷⁹⁾. Recientemente, se describe la evaluación de una prueba rápida de flujo lateral para toxocariasis humana utilizando tres antígenos recombinantes de *T. canis*, evidenciando buena concordancia con algunos kits de ELISA. Es promisorio, rápida y de fácil ejecución, pero requiere validación⁽¹⁸¹⁾. Los métodos moleculares que utilizan suero, no han demostrado ser útiles para el diagnóstico clínico de la toxocariasis, sin embargo, la aplicación de PCR puede ser valiosa en la detección de ADN de *Toxocara* en muestras de biopsias humanas (considerando que es una técnica invasiva y sólo indicada bajo criterio médico). Estos ensayos, amplifican secuencias de las regiones ITS1 e ITS2 de ADNr, que pueden diferenciar *T. canis* y *T. cati*, y se han utilizado para identificar los parásitos en tejidos animales, lavado bronco-alveolar y fluidos oculares⁽¹⁸²⁾. En Chile, se realiza diagnóstico serológico mediante las técnicas de ELISA y Western Blot IgG⁽⁹⁷⁾.

***Toxoplasma gondii*:** Protozoo causante de la toxoplasmosis, parasitosis zoonótica de importancia médica a nivel global. En cuanto al diagnóstico de laboratorio, la observación directa de parásitos tiene bajo rendimiento, razón por la cual las técnicas serológicas son el método diagnóstico de elección^(183,184). Es posible realizar detección de material genético de *T. gondii* mediante PCR, especialmente en infecciones congénitas “in útero” con muestras biológicas obtenidas mediante amniocentesis⁽¹⁸⁴⁾. La detección de anticuerpos específicos anti-*Toxoplasma* es el principal método diagnóstico para confirmar la infección, es así que numerosos laboratorios realizan pruebas de detección de anticuerpos con diversos kits comerciales actualmente disponibles. Las pruebas más utilizadas para detección de anticuerpos IgG e IgM son ELISA, IFI y ELFA (Enzyme-Linked Fluorescent Assay)^(184, 185, 186). La IFI pasó a reemplazar a la técnica de Sabin y Felman, técnica considerada el estándar de oro, que sugiere toxoplasmosis activa cuando los títulos obtenidos son muy elevados. Ambas pruebas

poseen idéntica sensibilidad y especificidad, con la excepción y ventaja de la IFI, que no utiliza factores accesorios ni parásitos vivos, siendo un ensayo más seguro y accesible. Otras técnicas que se utilizan con menos frecuencia son HAI y Reacción de Fijación del Complemento⁽¹⁸⁵⁾. La interpretación clínica de los valores de anticuerpos en la toxoplasmosis humana debe realizarse criteriosamente. Un título de IgG positivo indica que la infección por *T. gondii* ocurrió en algún momento, pero si se quiere conocer el momento más preciso de la infección, adicional a la determinación de IgG, se debe determinar IgM. Una IgM negativa excluye una infección reciente, pero una IgM positiva es difícil de interpretar debido a que los anticuerpos IgM específicos anti-*Toxoplasma* pueden ser detectados por ELISA hasta 18 meses después de la infección aguda adquirida, por tanto, la determinación de IgM carece de especificidad. En las embarazadas con IgG/IgM positiva, se debe realizar un test de Avidéz de IgG. Un resultado de alta avidéz en las primeras 12 a 16 semanas de embarazo (dependiendo del kit comercial) descarta una infección adquirida durante la gestación; mientras que una baja avidéz no debe interpretarse como una infección reciente, debido a que algunas personas poseen baja avidéz de IgG que persiste durante varios meses post infección. Si un paciente tiene una enfermedad clínica compatible con toxoplasmosis, pero el título de IgG es bajo, un título de seguimiento dos o tres semanas después debería mostrar un aumento de anticuerpos si corresponde a toxoplasmosis aguda⁽¹⁸⁴⁾. En sospecha de toxoplasmosis congénita, se debe determinar IgM, IgA e IgE en los recién nacidos. Estas inmunoglobulinas no atraviesan la placenta, por tanto, su detección indica producción fetal. Actualmente, se consideran marcadores serológicos de infección congénita. La IgG atraviesa la placenta y en niños no infectados, los títulos serológicos de origen materno descienden hasta su desaparición total, no así en niños infectados, donde los títulos se mantienen o aumentan, siendo un elemento diagnóstico fundamental. Algunos autores indican, que la técnica más sensible para estas determinaciones es la técnica Immunosorbent Agglutination Assay (ISAGA). El estudio serológico simultáneo de sangre materna y del recién nacido ofrece utilidad diagnóstica comparativa, y además, éste debe ser complementado con métodos moleculares como PCR⁽¹⁸⁷⁾. Los niveles de anticuerpos IgG específicos de *T. gondii* en pacientes con SIDA, los cuales presentan deficiencias severas en su sistema inmune, a menudo son de bajos a moderados, y en ocasiones, no es posible detectar anticuerpos. Las pruebas de IgM generalmente son negativas⁽¹⁸⁴⁾. Estudios recientes, reportan que la técnica de Western Blot permite evidenciar proteínas antigénicas como marcadores de infección, así como ciertos perfiles proteicos como posibles indicadores de las fases aguda o crónica de infección y que, posteriormente, podrían ser utilizados como métodos confirmatorios⁽¹⁸⁸⁾. Con respecto a la aplicación de

métodos moleculares, se estima que el estudio serológico de toxoplasmosis congénita debe ser complementado con métodos directos y moleculares como PCR en muestras de placenta, sangre de cordón y/o sangre del recién nacido⁽¹⁸⁷⁾. Se han diseñado varias técnicas de PCR que aportan al diagnóstico, como PCR en tiempo real y PCR anidada, demostrándose su utilidad en muestras de sangre para diagnóstico temprano de infección congénita en mujeres gestantes seronegativas para ELFA⁽¹⁸⁶⁾ y también, en el diagnóstico de toxoplasmosis en inmunosuprimidos⁽¹⁸⁹⁾. En Chile, el diagnóstico y confirmación de la toxoplasmosis se realiza mediante IFI IgG, ELFA IgG, ELFA IgM, ELFA IgG avidity y/o PCR⁽⁹⁷⁾.

***Trichinella spiralis*:** Nematodo causante de la triquinosis humana, zoonosis ampliamente distribuida en el mundo e importante ETA parasitaria asociada a brotes^(142,190,191,192). A la fecha, se han identificado 9 especies de *Trichinella* y 12 genotipos, siendo 7 especies las que causan infección en humanos⁽¹⁹²⁾. Esta parasitosis es endémica en Chile, siendo *T. spiralis* la única especie del género reportada hasta el momento en el país⁽¹⁹¹⁾. La sospecha de triquinosis en el ser humano, se basa en la historia clínica, datos epidemiológicos y de laboratorio (como eosinofilia elevada)^(191,192,193). El diagnóstico se puede confirmar mediante pruebas específicas, que incluyen detección de anticuerpos, biopsia muscular (muy excepcional) y microscopía⁽¹⁹³⁾. En cuanto a métodos de inmunodiagnóstico, se recomienda el uso combinado de ELISA y Western Blot, debido a que ambos poseen alta sensibilidad⁽¹⁹¹⁾. La detección de IgG anti-*Trichinella* mediante ELISA utilizando antígenos excretados-secretados (ES) de larvas de *T. spiralis* es el método serológico más utilizado para el diagnóstico de triquinosis, pero la principal desventaja la constituyen los falsos negativos durante la etapa aguda, debido a que existe un período de ventana entre la infección y la evidencia de positividad de anticuerpos⁽¹⁹⁴⁾. Los anticuerpos a menudo no son detectables hasta 3 a 5 semanas post-infección, es decir, mucho después del inicio de las manifestaciones clínicas, y su desarrollo también se ve afectado por la dosis infectante de las larvas: cuanto mayor sea la dosis infectante, más rápido se desarrollará la respuesta de anticuerpos⁽¹⁹³⁾. La técnica de ELISA se utiliza para la detección de IgG, aunque éstos pueden persistir por muchos años posteriores a la infección, mientras que el Western Blot discrimina de forma eficiente a pacientes infectados por *Trichinella* spp. de los infectados por otros helmintos, por tanto, se utiliza como técnica de confirmación de la técnica de ELISA^(191,195). Existen varios kits comerciales disponibles que han demostrado buen rendimiento⁽¹⁹⁶⁾. Otros métodos diagnósticos menos utilizados corresponden a IFI, examen histopatológico y PCR⁽¹⁹¹⁾. Los métodos moleculares aplicados al estudio de triquinosis, permiten la identificación específica del parásito de

acuerdo a la especie/genotipo, pero sólo pueden efectuarse a partir de larvas recolectadas tras digestión artificial o en biopsias de músculo que albergan al menos una larva. Estas pruebas basadas en ADN del parásito se aplican en laboratorios de investigación como técnicas *in house*, reportándose una PCR multiplex sensible, económica y rápida ⁽¹⁹⁵⁾. Actualmente en Chile, se aplican las técnicas de ELISA y Western Blot para diagnóstico y confirmación serológica de triquinosis ^(97,191).

***Trypanosoma cruzi*:** Protozoo flagelado agente etiológico de la Enfermedad de Chagas (ECh), endémica en 21 países de América Latina, incluido Chile ^(197,198) y que actualmente, es considerada una zoonosis de importancia para la salud pública global, debido especialmente a la migración de latinoamericanos a países europeos no endémicos donde no existe el vector biológico ^(3,199). Recientes estudios, informan del número reproductivo y de las zonas de riesgo de la ECh en Chile en el contexto del cambio climático global, sugiriendo la importancia de mantener o incrementar los esfuerzos de control ^(200,201,202). En la etapa aguda de la ECh, el diagnóstico se puede realizar mediante pesquisa de tripomastigotes en sangre o LCR. Durante la etapa crónica, los tripomastigotes generalmente no se encuentran circulando en sangre, por lo que se recomienda el uso de pruebas serológicas tales como HAI, IFI, ELISA y/o Western Blot ^(203,204,205). La sensibilidad y especificidad de estos métodos, algunos disponibles comercialmente como kits estandarizados, varía entre los diferentes proveedores ⁽²⁰⁵⁾. Debido a que actualmente no existe una única prueba estándar de referencia, la OMS recomienda que para el diagnóstico de ECh se utilicen dos pruebas convencionales basadas en diferentes principios y que detecten diferentes antígenos, las que generalmente son ELISA e IFI. En el caso de resultados ambiguos o discordantes, se debe utilizar una tercera técnica, que habitualmente es Western Blot ⁽²⁰⁶⁾. También se han desarrollado pruebas rápidas inmunocromatográficas, basadas en una combinación especial de antígenos recombinantes capaces de detectar la presencia cualitativa de anticuerpos anti-*T.cruzi* en suero, plasma y sangre total ^(206,207). Importantes avances han sido logrados mediante la aplicación de métodos moleculares. Las técnicas de PCR han permitido optimizar el diagnóstico parasitológico de *T. cruzi* amplificando DNA desde regiones altamente repetidas del genoma. El diagnóstico molecular de la ECh tiene múltiples aplicaciones, entre ellas, casos de sospecha de infección aguda (incluida la transmisión por transfusión o trasplante), ECh congénita, ECh accidental; evaluación de eficacia quimioterapéutica en casos crónicos o estudios de la infección humana a través del vector biológico ^(208,209). Las técnicas más aplicadas son PCR convencional y PCR tiempo real ^(205,210,211,212,213,214, 215). Al respecto, numerosos estudios han evidenciado que PCR en muestras de sangre de

individuos infectados, posee mayor sensibilidad en relación con otras técnicas de diagnóstico parasitológico tanto en la etapa aguda como crónica ^(216,217). Además, PCR en tiempo real ha evidenciado ser útil para caracterizar las cepas circulantes de *T. cruzi* en pacientes infectados ⁽²¹⁸⁾. Recientemente, se ha desarrollado un prototipo de kit con tecnología LAMP, que posee la sensibilidad analítica adecuada para el diagnóstico parasitológico de pacientes con ECh y potencialmente útil para monitorear la respuesta al tratamiento ⁽²¹⁹⁾.

Schistosoma spp. Trematodos zoonóticos no presentes en Chile, con excepción de reportes de casos importados en viajeros infectados en zonas endémicas con *S. haematobium* ^(220,221). La esquistosomiasis corresponde a una parasitosis predominante en países con climas tropicales, y ha sido considerada endémica en África, Oriente Medio, Asia y algunos países de Latinoamérica, constituyendo un problema de salud pública importante ^(220,222). Las especies de mayor trascendencia en infecciones humanas son *Schistosoma mansoni*, *S. haematobium*, *S. japonicum*, *S. mekongi* y *S. intercalatum* ⁽²²⁰⁾. Los métodos disponibles para su diagnóstico comprenden la observación microscópica de huevos característicos de especies en muestras de heces, orina o tejidos, métodos inmunológicos y moleculares ⁽²²²⁾. Los métodos de inmunodiagnóstico detectan antígenos o anticuerpos asociados con la infección por *Schistosoma* spp. ^(222,223). Las técnicas más ampliamente utilizadas y validadas incluyen ELISA, Western Blot, prueba de precipitina circumoval (COPT), HAI, IFI e intradermoreacción ^(222,224). La sensibilidad y especificidad de las pruebas serológicas varían ampliamente, y dependen tanto del tipo de antígeno utilizado (crudo, purificado, gusano adulto, huevo, cercarial) como del procedimiento de la prueba ⁽²²⁵⁾. Se describen ELISA coproantígeno, que poseen alta especificidad y baja sensibilidad en pacientes con escasa carga parasitaria. También, ELISA para detección de anticuerpos es la técnica más utilizada para la detección serológica de esquistosomiasis, y puede detectar IgG, IgM e IgA. Esta última es más frecuente en forma aguda, al igual que anti-KLH (Keylimphet haemocianine); antígeno encontrado en moluscos marinos ⁽²²²⁾. Recientemente, se desarrolló un ensayo inmunocromatográfico de látex que utiliza antígenos para detección de anticuerpos anti-*Schistosoma japonicum* en suero humano ⁽²²⁴⁾. La intradermoreacción fue abandonada en estudios epidemiológicos, debido al número de falsos positivos en adultos y falsos negativos en niños. En cuanto a métodos moleculares, estos presentan alta sensibilidad y especificidad, detectando cantidades mínimas de ADN en huevos de *S. mansoni* en heces ⁽²²²⁾. Se ha reportado PCR convencional, tiempo real, multiplex y anidada para detectar ADN específico de *Schistosoma* en muestras de heces, orina y suero, dirigidas a ADNr SSU, 28S e ITS y genes

mitocondriales. Estos métodos han demostrado, que la detección de ADN específico de *Schistosoma* es más sensible para el diagnóstico de esquistosomiasis aguda que la serología ⁽¹¹⁾.

Discusión

En pleno siglo XXI, las parasitosis continúan siendo un problema de salud pública a nivel global ^(226,227,228) y, los equipos de salud, deben estar preparados para enfrentar los múltiples desafíos de su diagnóstico a fin de contribuir a su control y mejorar la calidad de vida del hospedero infectado. El campo del parasitismo es amplio, abarcando relaciones entre organismos donde uno se beneficia a expensas de otro. Esta amplitud de la Parasitología, ha ido acompañada de la variedad de formas en que se estudian los parásitos, basándose en conocimientos biológicos, químicos, moleculares, epidemiológicos y de otro tipo ⁽²²⁹⁾. Debido al bajo rendimiento de algunos exámenes como la microscopía de heces y la eliminación intermitente de parásitos, se han desarrollado métodos de diagnóstico con semejante o superior sensibilidad a la microscopía, con la ventaja que son simples de realizar y no requieren la observación de parásitos completos o intactos. Los estudios serológicos son recomendados en el diagnóstico de la fase prepatente de las helmintiasis con pasaje tisular y de las histoparasitosis, pero la complejidad antigénica de los parásitos limita la obtención de preparados antigénicos purificados y, en consecuencia, en ocasiones, se utilizan antígenos crudos que reducen la sensibilidad y la especificidad de las técnicas serológicas ⁽¹⁰⁾. La detección de anticuerpos o antígenos puede proporcionar un diagnóstico más simple y rápido de la infección por diversos parásitos; sin embargo, actualmente, aún no existen herramientas serológicas para algunos parásitos protozoos y/o helmintos. Por esto, es necesario realizar esfuerzos para aislar y caracterizar antígenos en diferentes etapas parasitarias, los que pueden conducir a la identificación de proteínas específicas con un potencial antigénico prometedor. Esta información, junto a datos genómicos y proteómicos, puede proporcionar una base sólida para un mayor desarrollo de herramientas serológicas ⁽²³⁰⁾. Sin duda, existen ciertas desventajas asociadas al uso de estas metodologías, como es su valor limitado en pacientes inmunodeprimidos y recién nacidos; su mayor costo; el requerimiento de equipos como lectores de ELISA; microscopio de fluorescencia y kits de pruebas diagnósticas disponibles comercialmente. Por otra parte, los métodos de biología molecular están ganando terreno en los laboratorios de Parasitología siendo el enfoque principal la aplicación de cebadores/sondas genéricas utilizados solos o multiplexados en ensayos dirigidos a parásitos relevantes ⁽¹¹⁾. Algunas pruebas de PCR y uso de tecnologías como LAMP muestran resultados prometedores, pero requieren validación y adaptación para su aplicación en campo clínico. Los diagnósticos

basados en ADN sin duda, ofrecen una sensibilidad diagnóstica mejorada. Tienen la capacidad de identificar varios microorganismos a la vez con el uso de plataformas multiplex y detectarlos rápidamente con alta sensibilidad, superando así algunas limitaciones propias del diagnóstico basado en la microscopía convencional ^(51,53). Además, la detección simultánea de agentes infecciosos en un solo ensayo proporciona ahorros sustanciales en costo y tiempo, y no requiere determinación visual o unión de anticuerpos, lo que permite el inicio temprano y apropiado de la terapia de manera oportuna y efectiva ⁽⁶¹⁾. Esto cobra especial importancia en pacientes inmunodeprimidos, quienes pueden desarrollar desenlaces potencialmente mortales, por lo que estas herramientas pueden ser útiles para obtener diagnóstico y tratamiento precoz. Es posible que su implementación presente dificultades en países en vías de desarrollo, debido a su mayor costo; considerando que se requiere de infraestructura y equipos especializados, además de personal altamente capacitado. Pero los métodos de diagnóstico molecular ya comienzan a extenderse en los laboratorios clínicos y compiten con éxito, con los métodos clásicos ⁽¹⁰⁾. Por otra parte, la OMS ha promovido el concepto de *Una Salud* (One Health) basado en un enfoque concebido para diseñar y aplicar programas, políticas, leyes e investigaciones en el que múltiples sectores se comunican y colaboran para lograr mejores resultados de salud pública, entre ellos, la inocuidad de los alimentos y el control de las zoonosis (enfermedades transmisibles entre animales y humanos) ⁽²³¹⁾. *Una Salud* hace referencia al enfoque interdisciplinario para minimizar los daños y maximizar los beneficios de la gestión conjunta de las personas, los animales y la salud ambiental. Este enfoque busca desarrollar estrategias más eficientes y eficaces para hacer frente a los problemas de salud de la interfaz ser humano - animal - medio ambiente. Aunque sigue siendo tentadoramente difícil la idea de involucrar a muchas partes relevantes ⁽²²⁹⁾. A fin de identificar las causas de los problemas intersectoriales, el enfoque *Una Salud* requiere los aportes y la intervención de equipos multidisciplinarios. La complejidad del tema exige la colaboración entre profesionales de múltiples disciplinas para diseñar intervenciones eficaces, incluido el diagnóstico innovado. De acuerdo a lo señalado, los autores estiman que el diagnóstico serológico y molecular de las parasitosis en Chile es factible de ser mejorado.

Los autores proponen algunas acciones tales como:

- Fortalecimiento de la docencia de Parasitología en las carreras de pregrado, no obstante la integración con otras disciplinas infectológicas
- Formación de capital humano avanzado a través de programas de postgrado
- Promoción de la integración Universidad-Red de Salud Pública (docencia, investigación, vinculación con el medio)

-Conformación de equipos multidisciplinarios para el desarrollo y aplicación integral del concepto *Una Salud*, según problemáticas específicas

-Establecimiento de líneas de investigación en inmunodiagnóstico y biología molecular aplicada al diagnóstico de las parasitosis, especialmente para patógenos emergentes de importancia médica, por su potencial riesgo de brotes. Se suman a este objetivo, las parasitosis de notificación obligatoria.

-Creación de centros regionales con profesionales capacitados e infraestructura común para el diagnóstico de agentes infecciosos (virus, bacterias, parásitos, hongos) a fin de estimular la implementación de técnicas de diagnóstico serológico y molecular.

Conclusiones

El uso de técnicas serológicas y moleculares aplicadas al diagnóstico de las parasitosis, permiten la identificación rápida del agente etiológico, sobre todo en infecciones asintomáticas, con sintomatología inespecífica o baja carga parasitaria. Los métodos moleculares y la secuenciación genómica, son herramientas prometedoras no solo para fines diagnósticos, sino también para estudios epidemiológicos y taxonómicos, seguimiento de respuesta a tratamiento y detección de resistencias, jugando un rol importante dentro del sistema de vigilancia. Es necesario realizar mayores esfuerzos por implementar nuevas herramientas de diagnóstico, que sean prácticas, simples, efectivas, económicas y con la correspondiente validación, a fin de que sean aplicadas en los laboratorios clínicos del área de Parasitología. La mirada integral al enfrentar una hipótesis diagnóstica, considera en cada caso clínico, no sólo los resultados de los exámenes parasitológicos, sino también situación epidemiológica, historia clínica, sintomatología, imagenología, procedimientos y exámenes complementarios, lo que permite hacer más eficaz el rol profesional que le cabe a cada miembro del equipo de salud. Como contribución a este propósito, pensamos que esta revisión será útil para actualizar la información sobre las técnicas inmunodiagnósticas y de biología molecular que están siendo aplicadas en el diagnóstico de las parasitosis, contribuyendo de esta manera a su control a nivel país.

Referencias

- Santana AJ, Cabrera JC, Muro A, Pérez JL. Manejo general y extrahospitalario del paciente con parasitosis. *Medicine*. 2010; 10(55):3757-3766.
- Momčilović S, Cantacessi C, Arsić-Arsenijević V, Otranto D, Tasić-Otašević S. Rapid diagnosis of parasitic diseases: current scenario and future needs. *Clin Microbiol Infect*. 2019; 25(3):290-309.
- Apt W. Infecciones por parásitos más frecuentes y su manejo. *Rev Med Clin Condes*. 2014; 25(3): 485-528
- Nguyen T, Waseem M. Chagas Disease. 2020. Aug 10. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2020.
- Instituto de Salud Pública de Chile. Boletín Vigilancia de Laboratorio. Vigilancia de laboratorio de Malaria. Chile. 2019; 9 (7):2011-2018.
- Apt W. 2013. Generalidades. En Apt W. *Parasitología humana (Cap.2: 3-5)*. McGraw-Hill Interamericana Editores.
- Rodríguez P, Hernández P, Martín-Garre S, García A, Del Campo L. Unexpected hosts: imaging parasitic diseases. *Insights Imaging*. 2017. 8:101–125.
- Zulantay I. 2013. Diagnóstico de laboratorio de las parasitosis. En Apt W. *Parasitología humana (Cap.92: 737-738)*. McGraw-Hill Interamericana Editores.
- Tavares RG, Staggemeier R, Borges ALP, Rodrigues MT, Castelan LA, Vasconcelos J, Anschau ME, Spalding SM. Molecular techniques for the study and diagnosis of parasite infection. *J Venom Ani. Toxins Incl Trop Dis*. 2011; 17 (3): 239-248.
- Borrás R, Cuenca-Estrella M, Domínguez M, Gadea I. El diagnóstico molecular en las infecciones parasitarias y fúngicas. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2008; 26 (Supl 9):50-57.
- Verweij J, Stensvold C. Molecular Testing for Clinical Diagnosis and Epidemiological Investigations of Intestinal Parasitic Infections. *Clin Microbiol Rev*. 2014; 27(2): 371–418.
- Center for Disease Control and Prevention. CDC. Hookworm (Internet) <https://www.cdc.gov/dpdx/hookworm/index.html> Último acceso 27 de Octubre de 2020.
- Fernández-Rivas G, Rivaya B, Romaní N, Wang J, Alcaide M, Matas L. Diagnóstico de las infecciones por geohelminetos. Un problema sin resolver en la era de las ómicas. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2019; 37 (1):20-25.
- Mahmoud MS, Abou Gamra MM, Elkhayat MM. *Ancylostoma duodenale* infection: a study of serum immunoglobulin G4 response to the excretory secretory antigen of adult worm. *J Egypt Soc Parasitol*. 2005; 35(1):1-17.
- Humphries D, Mosites E, Otchere J, et al. Epidemiology of hookworm infection in Kintampo North Municipality, Ghana: patterns of malaria coinfection, anemia, and albendazole treatment failure. *Am J Trop Med Hyg*. 2011; 84(5):792-800.
- Amoani B, Adu B, Frempong MT, et al. Levels of serum eosinophil cationic protein are associated with hookworm infection and

- intensity in endemic communities in Ghana. *PLoS One*. 2019; 14(9):e0222382.
17. Gamar TA, Musa HH, Altayb HN *et al*. Molecular characterization of hookworm spp. isolated from food handlers, Khartoum, Sudan: A cross-sectional study. *F1000Research* 2018, 7:662.
 18. George S, Levecke B, Kattula D, *et al*. Molecular Identification of Hookworm Isolates in Humans, Dogs and Soil in a Tribal Area in Tamil Nadu, India. *PLoS Negl Trop Dis*. 2016; 10(8):e0004891.
 19. Ngui R, Lim Y, Chua K. Rapid Detection and Identification of Human Hookworm Infections through High Resolution Melting (HRM) Analysis. *PLoS One*. 2012; 7(7): e41996.
 20. Ayana M, Cools P, Mekonnen Z, Biruksew A, Dana D, Rashwan N, Prichard R, Vlamincq J, Verweij JJ, Levecke B. Comparison of four DNA extraction and three preservation protocols for the molecular detection and quantification of soil-transmitted helminths in stool. *PLoS Negl Trop Dis*. 2019; 13(10):e0007778.
 21. Rashwan N, Diawara A, Scott M.E. *et al*. Isothermal diagnostic assays for the detection of soil-transmitted helminths based on the SmartAmp2 method. *Parasites Vectors*. 2017; 10:496.
 22. Schär F, Odermatt P, Khieu V, Panning M, Duong S, Muth S, Marti H, Kramme S. Evaluation of real-time PCR for *Strongyloides stercoralis* and hookworm as diagnostic tool in asymptomatic schoolchildren in Cambodia. *Acta Trop*. 2013; 126(2):89-92.
 23. Cabrera J, Jiménez J, Nuñez L, Pocaterra L, Rojas E, Hernán A. Evaluación inmunológica de extractos de *Ascaris lumbricoides* para las inmunoglobulinas IgA en el suero de individuos infectados. *Revista GEN (Gastroenterología Nacional)* 2014; 68(2):48-52.
 24. Lamberton P, Jourdan P. Human Ascariasis: Diagnostics Update. *Current Tropical Medicine Reports*. 2015; 2: 189–200.
 25. Mayora S, Hernán A, Jiménez J, Pocaterra L, Rojas E, Aldazoro V, Nuñez L. Producción de anticuerpos IgA contra componentes proteicos del huevo de *Ascaris lumbricoides* en el suero de niños infectados. *Salus*. 2016; 20 (2): 7-12.
 26. Jourdan P, Lamberton P, Fenwick A, Addiss D. Soil-transmitted helminth infections. *Lancet*. 2018; 391: 252–265.
 27. Center for Disease Control and Prevention. CDC. Ascariasis (Internet) <https://www.cdc.gov/dpdx/ascariasis/index.html> Último acceso 29 de Octubre de 2020.
 28. Małafiej E, Spiewak E. Serological investigation in children infected with *Ascaris lumbricoides*. *Wiad Parazytol*. 2001;47(4):585-590.
 29. CD Creative diagnostic. *Ascaris lumbricoides* IgM ELISA Kit. (Internet) <http://img.creative-diagnostics.com/pdf/DEIA1101,lumbricoides.pdf> Último acceso 29 de Octubre de 2020.
 30. Diagnostic Automation/Cortez Diagnostics Inc. Elisa kit IgG *Ascaris*. (Internet) <http://www.rapidtest.com/index.php?i=Ascaris-IgG-ELISA-kit-&id=751&cat=17> Último acceso 29 de Octubre de 2020.
 31. Abcam®. Anti-*Ascaris lumbricoides* IgG Human ELISA Kit (Internet) <https://www.abcam.com/human-ascaris-lumbricoides-igg-elisa-kit-ab108707.html> Último acceso 29 de Octubre de 2020.
 32. Novatec Immundiagnostica GMBH. *Ascaris lumbricoides* IgG-ELISA. En: <http://www.scdiagnostics.com.au/wp-content/uploads/2012/12/Ascaris-lumbricoides-IgG-PI.pdf> Último acceso 29 de Octubre de 2020
 33. Fitzsimmons CM, Falcone FH, Dunne DW. Helminth Allergens, Parasite-Specific IgE, and Its Protective Role in Human Immunity. *Front Immunol*. 2014; 14 5(61).
 34. Apt W. 2013. Ascariasis. En Apt W. *Parasitología humana* (Cap.30: 214-220). McGraw-Hill Interamericana Editores.
 35. Fuentes I, Gutiérrez M, Gárate T. Diagnóstico de las parasitosis intestinales mediante detección de coproantígenos. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2010; 28(1):33-39.
 36. Lagatie O, Verheyen A, Van Hoof K, *et al*. Detection of *Ascaris lumbricoides* infection by ABA-1 coproantigen ELISA. *PLoS Negl Trop Dis*. 2020; 14(10):e0008807.
 37. Ponce-Gordo, F., Pomajbíková, K. 2017. *Balantidium coli*. En: JB Rose y B. Jiménez-Cisneros, (eds) *Global Water Pathogen Project*.
 38. Center for Disease Control and Prevention. CDC. Balantidiasis (Internet) <https://www.cdc.gov/dpdx/balantidiasis/index.html> Último acceso 30 de Octubre de 2020.
 39. Schuster FL, Ramirez-Avila L. Current world status of *Balantidium coli*. *Clin Microbiol Rev*. 2008;21(4):626-638
 40. Sharma S, Harding G. Necrotizing lung infection caused by the protozoan *Balantidium coli*. *Can J Infect Dis*. 2003; 14(3): 163–166.
 41. Pomajbíková K, Oborník M, Horák A, Petrzeková KJ, Grim JN, *et al*. Novel Insights into the Genetic Diversity of *Balantidium* and *Balantidium*-like Cyst-forming Ciliates. *PLoS Negl Trop Dis*. 2013; 7(3): e2140.
 42. Jiménez, P, Jaimes J, Ramírez J. A summary of *Blastocystis* subtypes in north and South America. *Parasit Vectors*. 2019; 12 (376): 1-9.
 43. Peña S, Carrasco G, Rojas P, Castillo D, Ozaki L, Mercado R. Determination of subtypes of *Blastocystis* sp. in Chilean patients with and without inflammatory bowel syndrome. *A*

- preliminary report. *Paras Epid & Control*. 2020. Volume 8, e00125
44. Stensvold C. Laboratory diagnosis of *Blastocystis* spp. *Trop Parasitol*. 2015; 5(1): 3–5.
 45. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. *Blastocystis* sp. (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/blastocystis/index.html> Último acceso 30 de Octubre de 2020.
 46. Savyon® Diagnostic Ltda. CoproELISATM *Blastocystis*. https://www.savyondiagnosics.com/wp-content/uploads/2017/05/CoproELISA_Blastocystis_714-01E.V06-11.2013-1.pdf Último acceso 30 de Octubre de 2020.
 47. Abdel-Hafeez E.H, Ahmad A.K, Abdelgelil N.H, *et al*. Immunopathological assessments of human *Blastocystis* spp. in experimentally infected immunocompetent and immunosuppressed mice. *Parasitol Res*. 2016;115: 2061–2071.
 48. Sari I, Benung M, Wahdini S, Kurniawan A. Diagnosis and Identification of *Blastocystis* Subtypes in Primary School Children in Jakarta. *J Trop Ped*. 2018; 64, 208–214.
 49. Weitzel T, Vollrath V, Porte L. *Cyclospora cayetanensis*. *Rev Chil Infectol*. 2017; 34(1):45–46.
 50. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Cyclosporiasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/cyclosporiasis/index.html> Último acceso 2 de Noviembre de 2020
 51. Li J, Cui Z, Qi M, Zhang L. Advances in Cyclosporiasis Diagnosis and Therapeutic Intervention. *Front Cell Infect Microbiol*. 2020; 10: 43.
 52. Bastidas-Pacheco G, Antoima ML, Bastidas-Delgado D, Rosales-Delgado M. Una mirada actual sobre *Cyclospora* spp. y ciclosporiasis. *Rev Biosalud*. 2018; 17(2): 91-101.
 53. Almeria S, Cinar H, Dubey J. *Cyclospora cayetanensis* and Cyclosporiasis: An Update. *Microorganisms*. 2019; 7(9): 317.
 54. Legua P, Seas C. 2013. *Cystoisospora* and *Cyclospora*. *Curr Opin Infect Dis* 2013, 26:479–483.
 55. Taniuchi M, Verweij JJ, Sethabutr O, *et al*. Multiplex polymerase chain reaction method to detect *Cyclospora*, *Cystoisospora*, and Microsporidia in stool samples. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 2011; 71(4):386–390.
 56. Qvarnstrom Y, Benedict T, Marcet P, Wiegand R, Herwaldt B, Da Silva A. Molecular Detection of *Cyclospora cayetanensis* in Human Stool Specimens using UNEX-based DNA extraction and real-time PCR. *Parasitology*. 2018; 145(7): 865–870.
 57. Biomerieux. Panel GI FILMARRAY™ (Internet). <https://www.biomerieuxchile.cl/diagnostico-clinico/productos/panel-gi-filmarraytm> Último acceso 2 de Noviembre de 2020.
 58. Betancourt W. 2019. *Cryptosporidium* spp. In: J.B. Rose and B. Jiménez-Cisneros, (eds) *Global Water Pathogen Project*. <http://www.waterpathogens.org> (R. Fayer and W. Jakubowski, (eds) Part 3 Protists) <http://www.waterpathogens.org/book/cryptosporidium> Michigan State University, E. Lansing, MI, UNESCO.
 59. Weitzel T, Wichmann O, Mühlberger N, Reuter B, Hoof HD, Jelinek T. Epidemiological and clinical features of travel-associated cryptosporidiosis. *Clin Microbiol Infect*. 2006;12(9):921-924
 60. Díaz-Lee A, Mercado R, Onuoha EO, Ozaki LS, Muñoz P, Muñoz V, Martínez FJ, Fredes F. *Cryptosporidium parvum* in diarrheic calves detected by microscopy and identified by immunochromatographic and molecular methods. *Vet Parasitol*. 2011;176(2-3):139-144.
 61. Destura, R., Cena, R.B., Galarion, M.J.H. *et al*. Advancing *Cryptosporidium* Diagnostics from Bench to Bedside. *Curr Trop Med Rep*. 2015; 2:150–160
 62. Khurana S, Chaudhary P. Laboratory diagnosis of cryptosporidiosis. *Trop Parasitol* 2018; 8:2-7
 63. Firoozi, Z., Sazmand, A., Zahedi, A. *et al*. Prevalence and genotyping identification of *Cryptosporidium* in adult ruminants in central Irán. *Parasit Vectors*. 2019; 12, 510.
 64. Zahedi A, Papparini A, Jian F, Robertson I, Ryan U. Public health significance of zoonotic *Cryptosporidium* species in wildlife: Critical insights into better drinking water management. *Int J Parasitol: Parasites and Wildlife*. 2016; 5 (1): 88-109.
 65. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Cryptosporidiosis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/cryptosporidiosis/index.html> Último acceso 2 de Noviembre de 2020.
 66. Diagnostic automation/Cortez Diagnostic INC. *Cryptosporidium* 2nd Generation (Fecal). (Internet) [http://www.rapidtest.com/pdf/Cryptosporidium_8301-3_ELISA\(08-02-2013\).pdf](http://www.rapidtest.com/pdf/Cryptosporidium_8301-3_ELISA(08-02-2013).pdf) Último acceso 2 de Noviembre de 2020.
 67. Diagnostic automation/Cortez Diagnostic INC. *Crypto/Giardia* Ag Combo (Fecal) ELISA. (Internet). [https://www.rapidtest.com/pdf/Crypto-Giardia_ELISA_8310-3%20\(09-24-2015\).pdf](https://www.rapidtest.com/pdf/Crypto-Giardia_ELISA_8310-3%20(09-24-2015).pdf) Último acceso 2 de Noviembre de 2020.
 68. RIDA®QUICK Parasite Combi Control <https://clinical.r-biopharm.com/products/ridaquick-parasite-combi-control/> Último acceso 2 de Noviembre de 2020.
 69. Weitzel T, Dittrich S, Möhl I, Adusu E, Jelinek T. Evaluation of seven commercial antigen detection tests for *Giardia* and *Cryptosporidium* in stool samples. *Clin Microbiol Infect*. 2006; 12 (7): 656–659.

70. Mohamed A, Ahmed M, Zagloul D, Ahmed S. Molecular evaluation of conventional microscopic method versus fecal antigen capture enzyme-linked immunosorbent assay and rapid immunochromatographic assay for diagnosis of *Cryptosporidium* infection. *Infect Dis Clin Pract.* 2015; 23(1):26–31.
71. Mercado R, Peña S, Ozaki LS, Fredes F, Godoy J. Multiple *Cryptosporidium parvum* subtypes detected in a unique isolate of a Chilean neonatal calf with diarrhea. *Parasitol Res.* 2015;114(5):1985–1988.
72. Murphy SC, Hoogestraat DR, Sengupta DJ, Prentice J, Chakrapani A, Cookson BT. Molecular diagnosis of cystoisosporiasis using extended-range PCR screening. *J Mol Diagn.* 2011; 13(3):359–362.
73. Noor M, Katzman P, Huber A, Findeis-Hosey J, Whitney-Miller C, Gonzalez R, Zhou Z, N'kodia H, Skonick K, Abell R, Saubermann L, Lamps L, Drage M. Unexpectedly High Prevalence of *Cystoisospora belli* Infection in Acalculous Gallbladders of Immunocompetent Patients. *American Journal of Clinical Pathology.* 2019; 151 (1): 100–107.
74. Dubey JP, Almeria S. *Cystoisospora belli* infections in humans- the past 100 years. 2019; 146(12):1490-1527
75. Torres P. 2013. Difilobotriasis. En *Apt W. Parasitología humana* (Cap. 29: 202-213). McGraw-Hill Interamericana Editores.
76. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Diphyllobothriasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/diphyllobothriasis/index.html> Último acceso 5 de Noviembre de 2020).
77. Durrani MI, Basit H, Blazar E. *Diphyllobothrium Latum* (Diphyllobothriasis). In: *StatPearls*. StatPearls Publishing, Treasure Island (FL); 2019.
78. Torres P, Yera H. 2018. Diphyllobothriidae. In: J.B. Rose and B. Jiménez-Cisneros, (eds) *Global Water Pathogen Project*. <http://www.waterpathogens.org> (Robertson, L (eds) Part 4 Helminths) <http://www.waterpathogens.org/book/diphyllobothriidae> Michigan State University, E. Lansing, MI, UNESCO.
79. Mega J, Galdos-Cardenas G, Gilman R. Tapeworm Infections. En *Hunter's Tropical Medicine and Emerging Infectious Disease* (Ninth Edition). 2013: 895-902.
80. Domínguez M. Amebiasis intestinal y hepática. *Gastroenterol Latinoam.* 2018; 29 (1): S 49-S 52.
81. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Amebiasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/amebiasis/index.html> Último acceso 5 de Noviembre de 2020.
82. Saidin S, Othman N, Noordin R. Update on laboratory diagnosis of amoebiasis. *Eur J Clin Microbiol Inf Dis.* 2019; 38:15–38.
83. Ali I. Intestinal Amebae. *Clin Lab Med* 2015; 393–422.
84. Diagnostic automation/Cortez Diagnostic INC. *E. histolytica/dispar*. (Internet) [https://www.rapidtest.com/pdf/E%20histolytica%20dispar%20%20%208307-3%20\(2016-07-31\).pdf](https://www.rapidtest.com/pdf/E%20histolytica%20dispar%20%20%208307-3%20(2016-07-31).pdf) Último acceso 5 de Noviembre de 2020.
85. SavyonDiagnostics. CoproELISA™ *Entamoeba*. (Internet) <https://www.savyondiagnosics.com/product/coproelisa-entamoeba/> Último acceso 5 de Noviembre de 2020.
86. Royer TL, Gilchrist C, Kabir M, et al. *Entamoeba bangladeshi* nov. sp., Bangladesh. *Emerg Infect Dis.* 2012;18(9):1543-1545.
87. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Giardiasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/giardiasis/index.html> Último acceso 5 de Noviembre de 2020.
88. Hooshyar H, Rostamkhani P, Arbabi M, Delavari M. *Giardia lamblia* infection: review of current diagnostic strategies. *Gastroenterol Hepatol Bed Bench.* 2019; 12(1): 3–12.
89. Diagnostic automation/Cortez Diagnostic INC. AccuDiag™ *Giardia* 2nd Generation ELISA Kit. (Internet) [http://www.rapidtest.com/pdf/Giardia%20%20%208304-3%20\(09-24-2015\).pdf](http://www.rapidtest.com/pdf/Giardia%20%20%208304-3%20(09-24-2015).pdf) Último acceso 5 de Noviembre de 2020
90. SavyonDiagnostics Ltd. CoproELISA *Giardia*. (Internet). <https://www.savyondiagnosics.com/product/coproelisa-giardia/> Último acceso 5 de Noviembre de 2020.
91. Hijjawi N, Yang R, Hatmal M, Yassin Y, Mharib T, Mukbel R, et al. Comparison of ELISA, nested PCR and sequencing and a novel qPCR for detection of giardia isolates from Jordan. *Exp Parasitol.* 2018; 185:23-28.
92. Eligio-García L, Cano-Estrada A, Cortés-Campos A, Medina-Sansón A, Jiménez-Cardoso E. Identification of *Microsporidium* spp in patients with acute lymphoblastic leukemia. *Bol Med Hosp Infant Mex.* 2013; 70(1):26-30.
93. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Microsporidiosis. (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/microsporidiosis/index.html> Último acceso 6 de Noviembre de 2020.
94. Ghoshal U, Khanduja S, Pant P, Ghoshal UC. Evaluation of Immunofluorescence antibody assay for the detection of *Enterocytozoon bieneusi* and *Encephalitozoon intestinalis*. *Parasitol Res.* 2016. 115(10): 3709-3713.
95. Bordier Affinity Products SA. Anticorps monoclonaux anti-*Enterocytozoon bieneusi* et *Encephalitozoon intestinalis*. (Internet) <http://www.bordier.ch/8100%20microsporidia/> Último acceso 6 de Noviembre de 2020.

96. Ghosh K, Weiss L. Molecular Diagnostic Tests or Microsporidia. *Interdiscip Perspect Infect Dis.* 2009; 2009: 13 pag.
97. Instituto de Salud Pública de Chile. Parasitología (Internet). <http://www.ispch.cl/documento/13913> Último acceso 20 de Noviembre de 2020.
98. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Sarcocystosis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/sarcocystosis/index.html> Último acceso 6 de Noviembre de 2020.
99. Ayazian Mavi S, Teimouri A, Mohebbali M, *et al.* *Sarcocystis* infection in beef and industrial raw beef burgers from butcheries and retail stores: A molecular microscopic study. *Heliyon.* 2020;6(6):e04171.
100. Poulsen CS, Stensvold CR. Current status of epidemiology and diagnosis of human sarcocystosis. *J Clin Microbiol.* 2014; 52 (10): 3524-3530.
101. Fayer R, Esposito D, Dubey J. Human Infections with *Sarcocystis* Species. *Clinical Microbiology Reviews.* 2015; 28(2): 295-311.
102. AFG Bioscience. Human *Sarcocystis* Elisa Kit. (Internet) <https://www.afgsci.com/product/human-sarcocystis-elisa-kit/> Último acceso 6 de Noviembre de 2020.
103. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Strongyloidiasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/strongyloidiasis/index.html> Último acceso 6 de noviembre de 2020.
104. Toledo B, Corral M, Meisel DM, Gottardi M, Costa SF, Abdala E, *et al.* Screening of *Strongyloides* infection using an ELISA test in transplant candidates. *Clinics.* 2019;74:e698
105. Page W, Judd J, Bradbury R. The Unique Life Cycle of *Strongyloides stercoralis* and Implications for Public Health Action. *Trop Med Infect Dis.* 2018; 3(2): 53.
106. Arifin N, Hanafiah K, Ahmad H, Noordin R. Serodiagnosis and early detection of *Strongyloides stercoralis* infection. *J Microbiol Immunol Inf.* 2019; 52(3):371-378.
107. Mercado R, Jercic MI, Torres P, Alcayaga S, Martins de Paula F, Costa-Cruz JM, Ueta MT. Inmunodiagnóstico de las infecciones por *Strongyloides stercoralis* en Chile utilizando la prueba de ELISA. *Rev Med Chil.* 2002;130(12):1358-1364.
108. Mercado R, Jercic MI, Alcayaga S, de Paula FM, Ueta MT, Costa-Cruz JM. Seroepidemiological aspects of human *Strongyloides stercoralis* infections in Chile. *Rev Inst Med Trop Sao Paulo.* 2007;49(4):247-249.
109. Watts M, Robertson G, Bradbury R. The laboratory diagnosis of *Strongyloides stercoralis* *Microbiology Australia.* 2016; 37 (1), pp.4-9.
110. Diagnostic automation/Cortez Diagnostic INC. AccuDiag™ *Strongyloides* ELISA Kit. (Internet) [http://www.rapidtest.com/pdf/Strongyloides_8319-35\(10-22-2013\).pdf](http://www.rapidtest.com/pdf/Strongyloides_8319-35(10-22-2013).pdf) Último acceso 6 de Noviembre de 2020.
111. Bordier Affinity Products SA. Elisa kit for the diagnosis of strongyloidiasis in humans. *Strongyloides ratti* ELISA. (Internet) <http://www.bordier.ch/9450%20Strongylo%20AFdes%20ratti/index.htm> Último acceso 6 de Noviembre de 2020.
112. Fradejas I, Herrero-Martínez J.M, Lizasoain M, Rodríguez E, Pérez-Ayala A. Comparative study of two commercial tests for *Strongyloides stercoralis* serologic diagnosis. *Trans Royal Soc Trop Med Hyg* 2018;112 (12): 561-567.
113. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Taeniasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/taeniasis/index.html> Último acceso 7 de Noviembre de 2020.
114. Mwape K, Gabriël S. The Parasitological, Immunological, and Molecular Diagnosis of Human Taeniasis with Special Emphasis on *Taenia solium* Taeniasis. *Curr Trop Med Rep.* 2014; 1:173-180.
115. Quispe E, Quispe D. Diagnóstico de teniasis humana mediante Elisa Coproantígeno y Microscopía Tradicional en poblaciones rurales de Puno-Perú. *Rev Inv Altoandín.* 2015; 17 (3): 477-486.
116. Barda, B.D., Keiser, J, Albonico, M. Human Trichuriasis: Diagnostics Update. *Curr Trop Med Rep.* 2015; 2:201-208.
117. Arbabi M, Hooshyar H, Lotfinia M, Bakhshi M. Molecular detection of *Trichostrongylus* species through PCR followed by high resolution melt analysis of ITS-2 rDNA sequences. *Mol Bioch Parasitol.* 2020; 236, 111260.
118. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Trichostrongylosis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/trichostrongylosis/index.html> Último acceso 7 de Noviembre de 2020.
119. Waghorn TS, Knight JS, Leathwick DM. The distribution and anthelmintic resistance status of *Trichostrongylus colubriformis*, *T. vitrinus* and *T. axei* in lambs in New Zealand. *New Zealand Vet J.* 2014. 62:3,152-159.
120. Sato M, Sanguankiat S, Yoonuana T, Pongvongsac T, Keomoungkhoun M, *et al.* Copro-molecular identification of infections with hookworm eggs in rural Lao PDR. *Trans Royal Soc Trop Med Hyg.* 2010; 104 (9): 617-622.
121. Da Rocha-Azevedo B, Tanowitz HB, Marciano-Cabral F. Diagnosis of Infections Caused by Pathogenic Free-Living Amoebae. *Inter Persp Inf Dis.* 2009. 2009:251406. 14 pp.
122. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Free Living Amebic Infections (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/freelivingamebic/index.html> Último acceso 11 de Noviembre 2020.

123. Lares-Jiménez L, Borquez-Román M, Alfaro-Sifuentes R, Meza-Montenegro M, Casillas-Hernández R, Lares-Villa F. Detection of serum antibodies in children and adolescents against *alamuthia mandrillaris*, *Naegleria fowleri* and *Acanthamoeba* T4. *Exp Parasitol.* 2018; 189: 28-33.
124. Qvarnstrom Y, Visvesvara G, Sriram R, da Silva A. Multiplex Real-Time PCR Assay for Simultaneous Detection of *Acanthamoeba* spp., *Balamuthia mandrillaris*, and *Naegleria fowleri*. *J Clin Microbiol.* 2006: 3589–3595.
125. Muiño L, Rodrigo D, Villegas R, Romero P, Peredo De, Vargas RA, Liempi D, Osuna A, Jercic MI. Effectiveness of sampling methods employed for *Acanthamoeba* keratitis diagnosis by culture. *Int Ophthalmol.* 2019; 39(7):1451-1458.
126. Jercic, M.I., Aguayo, C., Saldarriaga-Córdoba, M. *et al.* Genotypic diversity of *Acanthamoeba* strains isolated from Chilean patients with *Acanthamoeba* keratitis. *Parasit Vectors.* 2019; 12, 58.
127. Medina N, Riquelme N, Rodríguez J, Aguirre O, Ayala S, Canals M. Distribution and risk factors of hydatidosis in an administrative region of Chile between 2010 and 2016. *Rev Chil Infectol.* 2019; 36(5):591-598.
128. Reyes R, Yohannessen K, Ayala S, Canals M. Estimates of the spatial distribution of the relative risk of mortality of the main zoonoses in Chile: Chagas disease, hydatidosis, Hantavirus cardiopulmonary syndrome and leptospirosis. *Rev Chil Infectol.* 2019; 36(5):599-606.
129. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Echinococcosis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/echinococcosis/index.html> Último acceso 11 de Noviembre de 2020
130. Pinto P. Diagnóstico, tratamiento y seguimiento de la hidatidosis. *Rev Chil Cir.* 2017; 69(1):94-98.
131. OPS/OMS/PANAFTOSA. Guía Prevención y control de la Hidatidosis en el nivel local. Iniciativa sudamericana para el control y vigilancia de la equinococosis quística/hidatidosis (Serie de Manuales técnicos, 18). 2017. 56p. ISSN 0101-6970.
132. Fotoohi S, Hashemi Tabar G.R, Borji H. Serodiagnosis of human hydatidosis with an ELISA developed based on antigens derived from sheep hydatid cysts and comparison with a commercial human ELISA kit. *Asian Pac J Trop Med.* 2013: 723-727.
133. Bordier Affinity products SA. ELISA *Echinococcus granulosus*. (Internet) <http://www.bordier.ch/Products.htm> Último acceso 11 de Noviembre de 2020.
134. Diagnostic automation/Cortez Diagnostic INC. AccuDiag™ *Echinococcus* IgG ELISA. (Internet) <http://www.rapidtest.com/index.php?i=Echinococcus-ELISA-kit&id=176&cat=17> Último acceso 11 de Noviembre de 2020.
135. Deepak S, Singla LD. Immunodiagnosis Tools for Parasitic Diseases. *J Microb Biochem Technol.* 2016, 8:6.
136. Tamer GS, DüNDAR D, Uzuner H, Baydemir C. Evaluation of immunochromatographic test for the detection of antibodies against *Echinococcus granulosus*. *Med Sci Monit.* 2015; 21:1219-1222.
137. Chaya D, Parija SC. Performance of polymerase chain reaction for the diagnosis of cystic echinococcosis using serum, urine, and cyst fluid samples. *Trop Parasitol.* 2014; 4(1):43-46.
138. Beyls N, Cognet O, Stahl JP, Rogeaux O, Pelloux H. Serodiagnosis of Extraintestinal Amebiasis: Retrospective Evaluation of the Diagnostic Performance of the Bordier® ELISA Kit. *Korean J Parasitol.* 2018; 56 (19): 71-74.
139. Diagnostic Automation/Cortez Diagnostic INC. *E. histolytica* IgG (Amebiasis) Elisa. (Internet) [http://www.rapidtest.com/pdf/E.Histolytica%20IgG%20Amebiasis%20_8201-35\(09-04-2015\).pdf](http://www.rapidtest.com/pdf/E.Histolytica%20IgG%20Amebiasis%20_8201-35(09-04-2015).pdf) Último acceso 11 de Noviembre de 2020
140. Nagata N, Shimbo T, Akiyama J, Niikura R, Watanabe K, Oka S, Uemura N. Diagnostic accuracy of indirect immunofluorescence assay for intestinal invasive amebiasis and impact of HIV infection in a non-endemic country. *Diag Microbiol Inf Dis.* 2012; 74: 374–378.
141. Fredes F. Fasciolosis. En Retamal P, Ábalos P, Fredes F. Enfermedades animales producidas por agentes biológicos. Editorial Universitaria. 1ª Ed. 2010. 386 p.
142. Instituto de Salud Pública de Chile. Boletín Vigilancia de Laboratorio. Agentes parasitarios transmitidos por los alimentos: Cisticercosis, Fasciolosis, Hidatidosis, Toxoplasmosis y Triquinosis. Chile 2012-2016. 2017; 7 (10).
143. Escalante H, Davelois K, Ortiz P, Rodríguez H, Díaz E, Jara C. Estandarización de la técnica de Western Blot para el diagnóstico de la Fasciolosis humana utilizando antígenos de excreción-secreción de *Fasciola hepatica*. *Rev Perú Med Exp Salud Publica.* 2011. 28(3):454-461.
144. Sarkari B, Khabisi SA. Immunodiagnosis of Human Fascioliasis: An Update of Concepts and Performances of the Serological Assays. *Jo Clinic Diag Research.* 2017; 11(6): OE05-OE10.
145. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Fasciolosis. (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/fascioliasis/index.html> Último acceso 11 de Noviembre 2020.
146. Muñoz ME, Placencia M, Del Pozo J, Sevilla C, Huiza A. Diagnóstico serológico de la infección

- or *Fasciola hepatica*: Una Revisión Sistemática. Soc Gastroenterol Perú. 2020. 40(2):155-161.
147. Martínez-Sernández V, Orbegozo-Medina RA, González-Warleta M, Mezo M, Ubeira FM. Rapid Enhanced MM3-COPRO ELISA for Detection of *Fasciola* Coproantigens. PLoS Negl Trop Dis. 2016; 10(7): e0004872.
 148. Ai L, Chen MX, Alasaad S, Elsheikha HM, Li J, Li HL, Lin RQ, Zou FC, Zhu XQ, Chen JX. Genetic characterization, species differentiation and detection of *Fasciola* spp. by molecular approaches. Parasit Vectors 2011; 4:101.
 149. Weitzel T, Rosas R, Fica A, Dabanch J, Polanco M, Egaña A, Triantafilo V, Pfarr K, Hoerauf A, Reiter-Owona I. Is there a risk of filarial infection during long-term missions in Haiti? Travel Med Infect Dis. 2016; 14 (2): 137-142.
 150. Avendaño C. and Patarroyo MA. Loop-Mediated Isothermal Amplification as Point of Care Diagnosis for Neglected Parasitic Infections. Int J Mol Sci. 2020; 21(21):7981
 151. Díaz-Menéndez M, Norman F, Monge-Maillo B, Pérez-Molina J, López-Vélez R. Las filiarisis en la práctica clínica. Enf Infec Microbiol Clin. 2011; 29 (Supl 5):27-37.
 152. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Lymphatic Filariasis. (Internet). <https://www.cdc.gov/parasites/lymphaticfilariasis/diagnosis.html> Último acceso 12 de Noviembre 2020
 153. Showler A, Nutman T. Imported onchocerciasis in migrants and travelers. Curr Opin Infec Dis. 2018; 31:393–398.
 154. Náquira C. Filiarisis. 2013. En Apt W. Parasitología humana (Cap.69: 455-465). McGraw-Hill Interamericana Editores.
 155. Sherwani P, Singhal S, Kumar N, Narula MK, Anand R, Pathania OP. Breast Filariasis Diagnosed by Real Time Sonographic Imaging: A Case Report. Iran J Radiol. 2016; 13(1):e17991.
 156. Klion A. Filarial Infections in Travelers and Immigrants. Curr Infect Dis Rep. 2008; 10:50–57.
 157. Masson J, Douglass J, Roineau M, *et al.* Relative Performance and Predictive Values of Plasma and Dried Blood Spots with Filter Paper Sampling Techniques and Dilutions of the Lymphatic Filariasis Og4C3 Antigen ELISA for Samples from Myanmar. Trop Med Infect Dis. 2017; 2(2):7.
 158. BinaxNOW® Filariasis. Safety data sheet. (Internet) <https://www.globalpointofcare.abbott/es/product-details/binaxnow-filariasis.html> Último acceso 12 de Noviembre de 2020.
 159. Organización Mundial de la Salud. WHO. Lymphatic filariasis. Strengthening the assessment of lymphatic filariasis transmission and documenting the achievement of elimination. Geneva, Switzerland, 27–29 August 2014. 2014.
 160. Ayong LS, Tume CB, Wembe FE, Simo G, Asonganyi T, Lando G, Ngu JL. Development and evaluation of an antigen detection dipstick assay for the diagnosis of human onchocerciasis. Trop Med Int Health. 2005; 10(3):228-233.
 161. Bordier Affinity Products SA. *Acanthocheilonema viteae*. Enzyme immunoassay for the diagnosis of human filariasis. (Internet) <http://www.bordier.ch/9400%20Acanthocheilonema%20viteae/> Último acceso 12 de Noviembre de 2020.
 162. Drame P, Fink D, Kamgno J, Herrick J, Nutman T. Loop-Mediated Isothermal Amplification for Rapid and Semiquantitative Detection of *Loa loa* Infection. J Clin Microbiol. 2014; 52 (6): 2071–2077.
 163. Instituto de Salud Pública de Chile. Resultados de casos confirmados por laboratorio de Leishmaniasis. Chile, 2012-2019. Boletín Vigilancia de Laboratorio. 2020; 10(6).
 164. Organización Mundial de la Salud. WHO. Leishmaniasis. 2020 (Internet). <https://www.who.int/es/news-room/factsheets/detail/leishmaniasis> Último acceso 12 de noviembre de 2020
 165. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Leishmaniasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/leishmaniasis/index.html> Último acceso 12 de Noviembre de 2020
 166. Organización Mundial de la Salud. WHO. Research Priorities for Chagas Disease, Human African Trypanosomiasis and Leishmaniasis. WHO Technical Report Series. 2012.
 167. Haute Autorité de Santé (HAS). Argumentaire. Actualisation des actes de biologie médicale relatifs au diagnostic de la leishmaniose. 2017.
 168. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Malaria (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/malaria/index.html> Último acceso 12 de Noviembre de 2020
 169. Weitzel T, Labarca J, Cortes CP, Rosas R, Balcells ME, Perret C. Cluster of Imported Vivax Malaria in Travelers Returning From Peru. J Travel Med. 2015;22(6):415-418.
 170. Weitzel T. Profile and complexity of travel medicine consultations in Chile: unicentric cross-sectional study. BMJ Open. 2020; 10(9):e037903.
 171. Tangpukdee N, Duangdee C, Wilairatana P, Krudsood S. Malaria Diagnosis: A Brief Review. Korean J Parasitol. 2009; 47 (2): 93-102.
 172. White N, Breman J. Paludismo. Harrison. Principios de Medicina Interna, 19e. AccessMedicina. McGraw-Hill Medical. En: Principios de Medicina Interna (Internet). 2012

- <https://accessmedicina-mhmedical-com-uchile.idm.oclc.org/content.aspx?bookid=1717§ionid=114925624#1137931853> Último acceso 12 de Noviembre de 2020.
173. Noedl H. Malaria Diagnostic Platform, ELISA. Encyclopedia of Malaria. 2014.
 174. Escobar DF, Lucchi NW, Abdallah R, Valenzuela MT, Udhayakumar V, Jercic MI, Chenet SM. Molecular and epidemiological characterization of imported malaria cases in Chile. *Malar J.* 2020; 19(1):289.
 175. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Cisticercosis (Internet) <https://www.cdc.gov/dpdx/cysticercosis/index.html> Último acceso 13 de Noviembre de 2020.
 176. White A, Jr., Weller PF. Infecciones por cestodos. In: Kasper D, Fauci A, Hauser S, Longo D, Jameson J, Loscalzo J. eds. *Harrison. Principios de Medicina Interna*, 19e. 2016. McGraw-Hill. Accessed noviembre 13, 2020. <https://accessmedicina-mhmedical-com.uchile.idm.oclc.org/content.aspx?bookid=1717§ionid=114926347>
 177. Rodríguez S, Wilkins P, Dorny P. Immunological and molecular diagnosis of cysticercosis. *Path Global Health.* 2012; 106(5): 286-298.
 178. Haute Autorité de Santé (HAS). Argumentaire. Actualisation des actes de biologie médicale relatifs au diagnostic sérologique de la toxocarose (Larva migrans viscérale). 2017.
 179. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Toxocariasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/toxocariasis/index.html> Último acceso 13 de Noviembre de 2020.
 180. Zibaei M, Firoozeh F, Bahrami P, Sadjjadi SM. Investigation of anti-*Toxocara* antibodies in epileptic patients and comparison of two methods: ELISA and Western blotting. *Epilepsy Res Treat.* 2013; 2013:156815.
 181. Yunus MH, Tan Farrisam SN, Abdul Karim IZ, Noordin R. A Lateral Flow Rapid Test for Human Toxocariasis Developed Using Three *Toxocara canis* Recombinant Antigens. *Am J Trop Med Hyg.* 2018; 98(1): 32-38.
 182. Wilkins P. Immunodiagnosis of Human Toxocariasis and Prospects for Improved Diagnostics. *Curr Trop Med Rep* 2014; 1:44-51.
 183. Apt W. 2013. Toxoplasmosis. En Apt W. *Parasitología humana* (Cap. 45: 338-346). McGraw-Hill Interamericana Editores.
 184. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Toxoplasmosis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/toxoplasmosis/index.html> Último acceso 14 de Noviembre de 2020.
 185. Cortés L, Mancera L. Concordancia entre ELISA e IFI para la determinación de anticuerpos tipo IgG contra *Toxoplasma gondii*. *Asociación Colombiana de Infectología. Infectio.* 2009;13(2): 76-82.
 186. Blanco P, Assia Y, Montero Y, Orozco K. ELFA IgG anti-*Toxoplasma* y PCR anidada para el diagnóstico de toxoplasmosis en mujeres gestantes de Sincelejo, Colombia. *Infectio.* 2011; 15(4): 253-258
 187. Carral L, Kaufer F, Pardini L, Durlach R, Moré G, Venturini MC, Freuler C. Toxoplasmosis congénita: Diagnóstico serológico, RPC, aislamiento y caracterización molecular de *Toxoplasma gondii*. *Rev Chil Infectol.* 2018; 35(1): 36-40.
 188. González I, González C, Arévalo I, Carpinelli MM, Meza T, Aria L, Rojas A, Infazón B, Acosta ME. Perfil antigénico en fase aguda y crónica de toxoplasmosis en embarazadas por la técnica de Western Blot. *Mem Inst Inv Cienc Salud.* 2018; 16(3):35-43.
 189. Fonseca D. PCR en Toxoplasmosis. *Rev Salud Pública.* 2002; 4 (2): 63-64.
 190. Fredes F. Trichinellosis. En Retamal P, Ábalos P, Fredes F. *Enfermedades animales producidas por agentes biológicos.* Editorial Universitaria. 1°Ed. 2010. 386 p.
 191. Instituto de Salud Pública de Chile. Resultados de diagnóstico y confirmación de laboratorio Triquinosis. Chile, 2005-2015. *Boletín Vigilancia de Laboratorio.* 2016; 6 (1).
 192. Pérez-Pérez A, Guimbao Bescós J, Cebollada Gracia AD, Malo Aznar C, Martínez Cuenca S, Aznar Briebe A, Lázaro Belanche MÁ, Sanz Lacambra I, Compés Dea C. Brotes epidémicos de triquinosis ocurridos en Aragón durante el periodo 1998–2017 [Trichinellosis outbreaks in Aragón (1998-2017)]. *Rev Esp Salud Pública.* 2019; 15:93:e201902005.
 193. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Trichinellosis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/trichinellosis/index.html> Último acceso 14 de Noviembre de 2020.
 194. Wang ZQ, Shi YL, Liu RD, *et al.* New insights on serodiagnosis of trichinellosis during window period: early diagnostic antigens from *Trichinella spiralis* intestinal worms. *Infect Dis Poverty.* 2017;6(1):41.
 195. Pozio E, Camet JD. 2013. Triquinosis. En Apt W. *Parasitología humana* (Cap 60:466-476). McGraw-Hill Interamericana Editores.
 196. Yera H, Andiva S, Perret C, Limonne D, Boireau P, Dupouy-Camet J. Development and Evaluation of a Western Blot Kit for Diagnosis of Human Trichinellosis. *Clinical and Diagnostic Laboratory Immunology.* 2003; 10(5): 793-796.
 197. Instituto de Salud Pública de Chile. Vigilancia de Enfermedad de Chagas 2014-2017: Componente vectorial. 2018; 8 (3).
 198. Apt W. Trypanosomiasis americana (Enfermedad de Chagas). En Apt W. *Parasitología humana* (Cap.41: 282-297). McGraw-Hill Interamericana Editores.

199. Coura JR, Viñas PA, Junqueira AC. Ecoepidemiology, short history and control of Chagas disease in the endemic countries and the new challenge for non-endemic countries. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 2014;109(7):856-62.
200. Canals M, González C, Canals L, Canals A, Cáceres D, Alvarado S, Cattán PE, Saavedra M, Zulantay I, Apt W. What do the numbers tell us about the temporal evolution of Chagas' disease? *Rev Chil Infectol.* 2017;34(2):120-127.
201. Tapia-Garay V, Figueroa DP, Maldonado A, Frías-Laserre D, Gonzalez CR, Parra A, Canals L, Apt W, Alvarado S, Cáceres D, Canals M. Assessing the risk zones of Chagas' disease in Chile, in a world marked by global climatic change. *Mem Inst Oswaldo Cruz.* 2018; 113(1):24-29.
202. Ayala S, Alvarado S, Cáceres D, Zulantay I, Canals M. Effects of climate change on reproductive number of Chagas disease. *Rev Med Chil.* 2019; 147(6):683-692.
203. Farfán-García A, Castellanos-Domínguez Y, Luna-Marín K, Angulo-Silva V. Concordancia de dos pruebas serológicas para el diagnóstico de la enfermedad de Chagas. *Rev Salud Pública.* 2013; 15 (2): 208-219.
204. Muñoz G, Vergara C, Martínez G, Apt W, Zulantay I. Quantification of Immunoglobulin G against *Trypanosoma cruzi* in Individuals with Chronic Chagas Disease Treated with Nifurtimox and Evaluated in Prolonged Follow-Up. *Korean J Parasitol.* 2019; 57(1):39-41.
205. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. American Trypanosomiasis (Internet). <https://www.cdc.gov/dpdx/trypanosomiasisamerican/index.html> Último acceso 14 de Noviembre de 2020
206. Afonso AM, Ebell MH, Tarleton RL. A Systematic Review of High Quality Diagnostic Tests for Chagas Disease. *PLoS Negl Trop Dis.* 2012; 6(11): e1881
207. Wienerlab. WL Check Chagas. (Internet) https://www.wienerlab.com.ar/VademecumDocumentos/Vademecum%20espanol/wl_check_chagas_sp.pdf Último acceso 14 de Noviembre de 2020.
208. Saavedra, M., Zulantay, I., Apt, W. *et al.* Quantification by real-time PCR of *Trypanosoma cruzi* DNA in samples of *Triatoma infestans* used in xenodiagnosis of chronic Chagas disease patients. *Parasit Vectors* 2016; 9, 382.
209. Apt W, Carrasco D, Fuentealba C, Canals M, Muñoz G, Saavedra M, Castillo JP, Zulantay I. *Acta Trop.* 2019; 200:105167.
210. Muñoz C, Zulantay I, Apt W, Ortiz S, Schijman AG, Bisio M, Ferrada V, Herrera C, Martínez G, Solari A Evaluation of nifurtimox treatment of chronic Chagas disease by means of several parasitological methods. *Antimicrob Agents Chemother.* 2013; 57(9):4518-4523.
211. Apt W, Arribada A, Zulantay I, Saavedra M, Araya E, Solari A, Ortiz S, Arriagada K, Rodríguez J. *Trypanosoma cruzi* burden, genotypes, and clinical evaluation of Chilean patients with chronic Chagas cardiopathy. *Parasitol Res.* 2015; 114(8):3007-3018.
212. Muñoz-San Martín C, Zulantay I, Saavedra M, Fuentealba C, Muñoz G, Apt W. Discrete typing units of *Trypanosoma cruzi* detected by real-time PCR in Chilean patients with chronic Chagas cardiomyopathy. *Acta Trop.* 2018; 185:280-284.
213. Simioli F, Sánchez-Cunto M, Velázquez E, Lloveras S, Orduna T. Enfermedad de Chagas en el sistema nervioso central en paciente con infección por VIH: dificultades diagnósticas y terapéuticas. *Rev Chil Infectol.* 2017; 34 (1):62-66.
214. Fica A, Salinas M, Jercic MI, Dabanch J, Soto A, Quintanilla S, Flores C. Enfermedad de Chagas del sistema nervioso central en un paciente con SIDA demostrada por métodos cuantitativos moleculares. *Rev Chil Infectol.* 2017; 34 (1):69-76.
215. Vergara C, Muñoz G, Martínez G, Apt W, Zulantay I. Detection of *Trypanosoma cruzi* by PCR in adults with chronic Chagas disease treated with nifurtimox. *PLoS One.* 2019. 21; 14(8):e0221100.
216. Zulantay I, Apt W, Valencia C, Torres A, Saavedra M, Rodríguez J, Sandoval L, Martínez G, Thieme P, Sepúlveda E. Detection of *Trypanosoma cruzi* in untreated chronic chagasic patients is improved by using three parasitological methods simultaneously. *J Antimicrob Chemother.* 2011; 66 (10):2224–2226.
217. Saavedra M, Zulantay I, Apt W, Martínez G, Rojas A, Rodríguez J. Chronic Chagas disease: PCR-xenodiagnosis without previous microscopic observation is a useful tool to detect viable *Trypanosoma cruzi*. *Biol Res.* 2013; 46(3):295-298.
218. Muñoz-San Martín C, Apt W, Zulantay I. Real-time PCR strategy for the identification of *Trypanosoma cruzi* discrete typing units directly in chronically infected human blood. *Infect Genet Evol.* 2017; 49:300-308.
219. Besuschio SA, Llano Murcia M, Benatar AF, Monnerat S, Cruz I, Picado A, *et al.* Analytical sensitivity and specificity of a loop-mediated isothermal amplification (LAMP) kit prototype for detection of *Trypanosoma cruzi* DNA in human blood samples. *PLoS Negl Trop Dis.* 2017; 11(7): e0005779.
220. González X, Méndez G, Oddó D. Esquistosomiasis vesical urinaria. Caso

- anatomo-clínico diagnosticado en Chile. Rev Chil Infectol 2019; 36 (2): 238-242.
221. Aylwin M, Araya A. Infección urinaria por *Schistosoma haematobium*: caso clínico. En XI Jornadas Científicas, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, 2013, p. 60.
 222. Katz N, Coelho P, 2013. Esquistosomiasis por *Schistosoma mansoni*. En Apt W. Parasitología humana (Cap.54:406-416). McGraw-Hill Interamericana Editores.
 223. Hinz R, Schwarz N, Hahn A, Frickmann H. Serological approaches for the diagnosis of schistosomiasis. A review. Mol Cell Probes. 2017; 31: 2-213.
 224. Gomes L, Enk M, Rabello A. Diagnosing schistosomiasis: where are we? Rev Soc Brasil Med Trop.2014; 47(1): 3-11.
 225. Center for Diseases Control and Prevention. CDC. Schistosomiasis. (Internet) <https://www.cdc.gov/dpdx/schistosomiasis/index.html> Último acceso 16 de Noviembre de 2020.
 226. Chacín-Bonilla L. Intestinal parasitic diseases as a global health problem. Invest Clin. 2013; 54(1):1-4.
 227. Wu X, Song L, Liang J, Luo S, Mehlhorn H, Wu Z. Together in the fight against neglected public health problems: worldwide network cooperation on waterborne diseases and emerging parasitic diseases. Parasitol Res. 2015; 114(5):1989-1991.
 228. Rostami A, Riahi SM, Holland CV, Taghipour A, Khalili-Fomeshi M, Fakhri Y, Omrani VF, Hotez PJ, Gasser RB. Seroprevalence estimates for toxocariasis in people worldwide: A systematic review and meta-analysis. PLoS Negl Trop Dis. 2019; 13(12):e0007809.
 229. Blake DP, Betson M. One Health: parasites and beyond. Parasitology. 2017; 144(1):1-6.
 230. Yang Y, Cai YN, Tong MW, *et al.* Serological tools for detection of *Trichinella* infection in animals and humans. One Health. 2016; 2: 25-30,ISSN 2352-7714.
 231. Organización Mundial de la Salud. OMS. El enfoque multisectorial de la OMS “Una Salud”. (Internet) <https://www.who.int/features/qa/one-health/es/> Último acceso 21 de Noviembre de 2020.

“II Congreso Chileno de Parasitología” - Discursos Inaugurales

Dra. Izkia Siches, Presidente del Colegio Médico de Chile.

Colegio Médico de Chile; Infectología, Hospital San Juan de Dios.

Hoy el mundo enfrenta el problema de salud más importante del último siglo. La pandemia producida por SRAS-CoV 2, conocida como COVID-19. Esta enfermedad nos muestra que la salud humana se encuentra profundamente ligada a la salud ambiental y a la salud animal, factores que en conjunto conforman el concepto de Una Salud. Las enfermedades infecciosas y parasitarias más que ninguna otra nos muestran la importancia de la relación entre un medio ambiente saludable y la salud humana, lo que queda expresado en la tríada ecológica de la enfermedad transmisible: agente-ambiente-hospedero.

Las enfermedades infecciosas y parasitarias, más que ninguna otra nos muestran la desigualdad de oportunidad de salud de la población humana. Hoy en el siglo XXI, tenemos que reconocer tristemente un conjunto de enfermedades relacionadas con la pobreza, características de zonas pobres tanto rurales como urbanas donde existe una población con condiciones de vulnerabilidad como una vivienda deficiente y con bajo nivel sanitario domiciliario y peridomiciliario. La OMS reconoce desde 2016, quince enfermedades infecciosas como enfermedades desatendidas, entre las cuales 10 son enfermedades parasitarias, muchas de ellas re-emergentes. Entre ellas se encuentran enfermedades tan importantes como la equinocosis quística (o hidatidosis) y la enfermedad de Chagas, esta última con una prevalencia del 1,2% en Chile según la última encuesta ENS.

Es importante investigar, cultivar y difundir el conocimiento en Parasitología en Chile. En este congreso se tratarán temas tan importantes como el origen zoonótico del Covid, la importancia de los antiparasitarios, la epidemiología de la enfermedad de Chagas y de la hidatidosis, la ecología y control de vectores, triquinosis, biología de los agentes y parasitosis animales y también aspectos médicos como el tratamiento de las parasitosis, la cardiopatía Chagásica, la hidatidosis, el Chagas congénito y la radiología de las parasitosis del sistema nervioso central.

Me siento muy contenta de ser parte de la inauguración de este congreso y mandarles un saludo y aliento para seguir contribuyendo al desarrollo de esta disciplina que tuvo cultores tan importantes y reconocidos como los recordados doctores Juan Noé y Amador Neghme, tan recordados en mi ciudad natal Arica.

Un gran saludo a todos y que este congreso sea una gran contribución para el desarrollo de la disciplina y para Chile.

Muchas gracias

Dra. María José Ubilla, Presidenta Nacional del Colegio Veterinario de Chile.

Para nosotros como COLMEVET es muy importante poder apoyar instancias de este tipo, dado que los médicos veterinarios en la actualidad estamos trabajando bajo el concepto de una salud, que tiene que ver con que nuestra profesión no solamente se encarga del resguardo de la salud animal, sino que también se encarga del resguardo de la salud humana y ambiental, esto queda en evidencia cuando se producen estas pandemias como las que estamos viviendo y el agente causante de este problema es un agente zoonótico, por lo tanto los médicos veterinarios tenemos mucho que aportar con conocimiento científico y también práctico en cómo trabajar, por ejemplo, estas pandemias.

Comentarles que el colegio médico veterinario está trabajando con seis comisiones nacionales técnicas, de respuesta a desastre, de tenencia responsable, de producciones del mal sostenible, de bienestar animal, de bioética y por supuesto también con la comisión nacional de unión salud, en las cuales participan colegas de todo Chile, por lo tanto también tenemos una mirada con las realidades locales, lo que también es muy importante en un país tan diverso como el nuestro, para aportar con conocimientos técnicos, prácticos y científicos. Sin más, sin quitarles más tiempo, les deseo el mayor de los éxitos en estas jornadas, que sin duda aportará al conocimiento científico y a los avances científicos que ha habido en tema de parásitos.

Aprovecho de saludar afectuosamente al Presidente y a la directiva de la SOCHIPA, liderada por el Dr. Mauricio Canals y a todos los socios que forman parte de esta importante asociación.

Un cordial saludo y muchísimo éxito!

“II Congreso Chileno de Parasitología” Conferencias Magistrales

CONFERENCIA: ACTUALIZACIÓN SOBRE EL TRATAMIENTO DE LAS ENFERMEDADES PARASITARIAS HUMANAS

Dr. Werner Apt

Laboratorio de Parasitología Básico-Clínico. Programa de Biología Celular y Molecular. ICBM.
Facultad de Medicina. Universidad de Chile.

(Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020)

CONFERENCIA: CARDIOPATÍA CHAGÁSICA

Dr. Marcelo Llancaqueo Valeri

Depto. Cardiovascular Hospital Clínico de la Universidad de Chile Presidente Sociedad Médica de Santiago

La enfermedad de Chagas (ECh) es una patología multisistémica de origen infeccioso, que afecta el aparato Cardiovascular, Digestivo y Neurológico. La ECh es causada por un parásito protozoario denominado *T. cruzi*, y la infección permanecerá de por vida en ausencia de tratamiento. El diagnóstico de la ECh se realiza a través de la historia clínica y epidemiológica, y por dos o más pruebas serológicas positivas. Existen dos etapas clínicas luego de la infección con el *T. cruzi*: **1. ECh aguda**, puede observarse en forma temprana luego de adquirir la infección, y la **2. ECh crónica** la cual puede durar décadas. Sin embargo el 70% - 80% de los individuos con infección crónica permanecerán asintomáticos (forma indeterminada), mientras que un 20-30% desarrollarán afección cardíaca y/o gastrointestinal. El compromiso cardíaco del Chagas ha sido clasificado, de la A a la D, en base a su severidad por la American Heart Association (AHA) and American College of Cardiology (ACC). **Estadio A:** Chagas Fase indeterminada (serología positiva), sin evidencias de compromiso Cardíaco o Digestivo, **Estadio B1:** Alteración eléctrica, o segmentaria Ventricular, con función global normal y sin clínica de insuficiencia cardíaca, **Estadio B2:** Alteración estructural con disfunción Ventricular, sin clínica de insuficiencia cardíaca, **Estadio C:** Alteración estructural con disfunción Ventricular, y clínica de insuficiencia cardíaca CF 1 a CF 4, **Estadio D:** Insuficiencia cardíaca refractaria, con síntomas de reposo, a pesar de terapia médica óptima, que requiere intervenciones especiales. La Cardiopatía Chagásica (CCh) es una cardiopatía inflamatoria adquirida, en la que se pueden identificar tres procesos patológicos claves: Inflamación, muerte celular y desarrollo de fibrosis. En la actualidad existe consenso en considerar la permanencia del parásito tiene un papel fundamental en la patogenia del daño miocárdico en la CCh crónica, la cual es compleja, multifactorial, y no del todo comprendida. Estos mecanismos comprometen tanto el miocardio como el aparato de conducción eléctrica, que llevan a la Disfunción sistólica y/o diastólica, trastornos de motilidad segmentaria y aneurismas, trastornos de la conducción eléctrica y arritmias ventriculares, que son la base de sus conocidas consecuencias clínicas de Insuficiencia Cardíaca, Bloqueo AV completo y Muerte súbita. **Exámenes complementarios: Electrocardiograma (ECG)** en dos escenarios primordiales: estratificación y predicción pronóstica. El ECG debe ser realizado en todos los pacientes con serología positiva para *T. cruzi* y tiene un alto valor predictivo negativo cuando se trata de descartar pacientes con cardiopatía de portadores asintomáticos. El bloqueo de rama derecha y hemi-bloqueo izquierdo anterior izquierdo son los signos distintivos, así como las alteraciones de la conducción AV. La **Ecocardiografía** puede variar desde ser aparentemente normal a tener alteraciones segmentarias visibles, o un compromiso global en etapas avanzadas. Las alteraciones segmentarias de la contractilidad están presentes en la mayoría de los estadios avanzados de la cardiomiopatía chagásica constituyéndose en un signo clásico el compromiso del ápex (aneurisma) del ventrículo izquierdo y de los segmentos basales de las paredes ínfero-lateral y lateral. La **Resonancia Nuclear Magnética Cardíaca (RNMc)**. Técnica de imagen con mayor resolución espacial que permite por diferentes técnicas caracterizar mejor las estructuras cardíacas. En pacientes con ECh con serología positiva a pesar de ECG y Ecocardiograma normales, la fibrosis miocárdica puede encontrarse hasta en un 8%. Es importante destacar que la presencia y extensión de la fibrosis tiene buena correlación con la clase funcional de la NYHA, y con la posibilidad de arritmias ventriculares Si bien la RNMc es una excelente modalidad para estratificación de riesgo y pronóstico, no se encuentra disponible en la mayoría de las regiones rurales en donde la enfermedad es endémica. **Peptidos Natriureticos y Troponinas** La elevación de los peptidos natriuretico (BNP o Pro-BNP) y de la Troponina, nos dan cuenta de la disfunción ventricular y del daño miocárdico, antes de las manifestaciones clínicas y la presencia de alteraciones eléctricas y funcionales. **Terapia** La terapia anti parasitaria permanece controversial en la fase indeterminada, y no parece de utilidad en la CCh avanzada, desde el punto de vista de los síndromes clínicos de Insuficiencia Cardíaca, arritmias, y riesgo de cardioembolia, la terapia es la misma que en cardiopatías de otras etiologías de compromiso cardíaco.

“II Congreso Chileno de Parasitología” – Simposios”

SIMPOSIO: “COVID-19 y PARASITOLOGIA”

EL ORIGEN ZONÓTICO DEL SARS-COV-2

Catalina Muñoz San Martín

Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias,
Departamento de Ciencias Biológicas Animales

El SARS-CoV-2 es uno de los tres coronavirus zoonóticos conocidos (los otros son SARS-CoV y MERS-CoV) que infectan el tracto respiratorio inferior y causan síndromes respiratorios graves en humanos. Las primeras comparaciones genómicas revelaron que los virus más estrechamente relacionados con el SARS-CoV-2 provenían de los murciélagos. Esto no fue una sorpresa ya que los muestreos realizados en los últimos años ya habían identificado una impresionante variedad de coronavirus de murciélago, incluidos RaTG13 y RmYN02, por lo tanto, los murciélagos son sin duda importantes especies reservorios de una amplia gama de coronavirus. A pesar de esto, no se ha establecido el papel exacto que juegan los murciélagos en el origen zoonótico del SARS-CoV-2. Es importante destacar que los virus de murciélagos más estrechamente relacionados con el SARS-CoV-2 se tomaron de muestras de animales en la provincia de Yunnan, a más de 1.500 km de Wuhan. Hay relativamente pocos coronavirus de murciélago en la provincia de Hubei, y los que se han secuenciado están relativamente distantes del SARS-CoV-2 en árboles filogenéticos. Además, aunque los valores de similitud de secuencia del 96% al 97% hacen que parezca que los virus de murciélago disponibles están muy relacionados con el SARS-CoV-2, en realidad esto probablemente representa más de 20 años de evolución de la secuencia (aunque los cambios moleculares pueden tener un ritmo incierto si hubo una fuerte evolución adaptativa del virus en humanos). Aunque los murciélagos son probablemente el origen de este virus, otras especies de mamíferos pudieron actuar como hospederos intermediarios dentro de los cuales el SARS-CoV-2 pudo adquirir algunos o todas las mutaciones necesarias para una transmisión humana eficiente. Para determinar cuáles podrían ser estas especies, es imperativo realizar un muestreo mucho más amplio de animales comercializados en mercados o que viven cerca de poblaciones humanas. Un hecho importante es el descubrimiento de virus estrechamente relacionados con el SARS-CoV-2 en pangolines malayos (*Manis javanica*) importados ilegalmente al sur de China (provincias de Guangdong y Guangxi). Los virus del pangolín de Guangdong contienen seis mutaciones clave que dan forma a la unión al receptor humano y exhiben una similitud de secuencia de aminoácidos del 97% (aunque son más divergentes del SARS-CoV-2 en el resto del genoma). Si bien la experiencia con coronavirus sugiere que la evolución en animales, tanto reservorios como intermediarios, es necesaria para explicar la aparición del SARS-CoV-2 en humanos, no se puede excluir que el virus haya adquirido algunas de sus mutaciones clave durante un período de propagación en humanos antes de su primera detección en diciembre de 2019. Específicamente, es posible que el virus haya surgido antes de lo previsto en poblaciones humanas (quizás ni siquiera en Wuhan), pero no se detectó debido a infecciones asintomáticas, con síntomas respiratorios leves, e incluso casos esporádicos de neumonía que no fueron visibles para los sistemas de vigilancia e identificación de patógenos. Otro tema es si el SARS-CoV-2 es un virus recombinante y si dicha recombinación pudiese haber facilitado su aparición. Existe evidencia de recombinación entre SARS-CoV-2, RaTG13 y los CoV de pangolín de Guangdong. Sin embargo, tratar de determinar el patrón exacto y la ascendencia genómica de los eventos de recombinación es difícil, particularmente porque muchas de las regiones recombinantes pueden ser pequeñas y es probable que cambien a medida que se detecten más virus relacionados con el SARS-CoV-2. Para resolver estos problemas, será necesario realizar un muestreo mucho más amplio de la diversidad viral en las poblaciones animales.

Financiamiento Proyecto: FONDECYT 1180940

EPIDEMIOLOGÍA DEL COVID-19 EN CHILE

Mauricio Canals

Universidad de Chile, Facultad de Medicina, Instituto de Salud Poblacional ESP, Programa de Salud Ambiental & Departamento de Medicina (O)

El 8 de enero de 2020, el nuevo coronavirus SARS-CoV-2 fue declarado el agente causal del brote de COVID-19 iniciado en Wuhan, China, en noviembre de 2019. En Chile, el primer caso fue confirmado el 3 de marzo, ocho días antes que el brote de COVID-19 fuera declarado una pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS). La epidemia de COVID-19 en Chile comenzó el 3 de marzo con un caso importado. A partir de ese momento, presentó un rápido aumento. Al día 29/11 se han reportado

550430 casos con una incidencia acumulada de 28.8 casos por 1,000 habitantes, distribuidos de manera similar entre hombres y mujeres (proporción hombre / mujer = 1,004). El número de casos activos se estima en cerca de 20.000. La mediana de edad es $Me = 38$ años. A esta fecha han fallecido 15356 personas, con una letalidad de aproximadamente 2,8%. Dos tercios de los fallecidos son mayores de 70 años. Se han realizado en total 42.774 test de PCR en la última semana con una positividad actual de 4,1%. Las principales intervenciones de salud pública no farmacológicas fueron el aislamiento de casos y el rastreo de contactos, implementados conjuntamente con sucesivas intervenciones de distanciamiento social, como el cierre de instituciones educativas a nivel nacional, toque de queda nacional durante la noche, cierre de municipios en Santiago, Temuco, Chillán, Osorno, Los Lagos, y Región de Arica y Parinacota, y cuarentena total en el gran Santiago. La curva de casos nuevos diagnosticados presentó desaceleración el 27/3, el día 25 de la epidemia. Posteriormente, hubo una estabilización relativa del número de casos nuevos / día con un aumento a una tasa menor. Sin embargo desde principios de mayo se presentó un gran incremento exponencial de casos especialmente por la gran cantidad de casos en la región metropolitana, produciendo una gran epidemia, una carga severa sobre las camas críticas, con una proporción de ocupación actual de casi el 100% de las camas de intensivo, con aproximadamente 400 pacientes ventilados fuera de UCI en el peak de casos. Posteriormente ocurrió un descenso de los casos en la región metropolitana hasta mantenerse en tasas de incidencia menores a 5/cien mil. Sin embargo en algunas zonas del norte y en el sur de Chile, actualmente se mantienen altos números de casos especialmente desde Bío Bío al sur. Hoy se aprecia claramente una epidemia centro-norte relativamente estable y una epidemia en la zona sur aún no controlada.

El número reproductivo efectivo que representa el número de casos nuevos que produce cada caso en un intervalo serial, presentó una desaceleración desde $R_0 = 2.36$, a valores cercanos a 1 a finales de Abril para incrementar de nuevo en mayo llegando a valores cercanos a 1,6 y luego descender nuevamente hasta la endemia actual con Re cercanos a 1. Actualmente hay 11 regiones con tasas de incidencia diaria menores a 10/cien mil y 11 regiones con números reproductivos efectivos mayores que uno, lo que indica incrementos en el número de casos, con peligro de un rebrote en la zona centro-norte. Las intervenciones epidemiológicas se dirigen a la disminución de uno o más de estos tres factores: 1) Probabilidad de que un contacto infectante resulte en infección: uso de mascarillas, medidas de higiene personal, uso de desinfectantes como alcohol-gel, lavado de manos, vacuna en cuanto exista, minimización del tiempo de contacto. 2) Tasa de contacto: medidas de inmovilidad, desagregación y distanciamiento social. 3) Probabilidad de contacto infectante: trazabilidad y aislamiento de infectados y contactos, cierre de colegios y universidades, cuarentenas, cordones sanitarios y cierre de fronteras. Los números muestran que aún está lejos la inmunidad de rebaño, si es que es posible que esta se alcance. La pérdida rápida de inmunidad puede ser un factor que evite esta posibilidad. Existe esperanza en controlar el COVID mediante vacunas si existe una buena eficiencia e inmunidad mantenida. Es posible la evolución del virus en tiempo epidémico. Es poco probable una elevación importante en la virulencia como también es muy improbable una evolución hacia la benignidad. La teoría evolutiva propone como camino más probable, una evolución a una virulencia intermedia.

Financiamiento Proyecto: ANID COVID 0960

DROGAS ANTIPARASITARIAS Y SARS-CoV-2.

Marisa Torres

Pontificia Universidad Católica de Chile, F. Medicina, Departamento de Salud Pública.

Frente a la actual Pandemia de SARS-Cov-2, es urgente desarrollar una estrategia terapéutica para disminuir la morbimortalidad y controlar su propagación mientras se espera la vacuna. Este desastre natural se originó (31/12/2019) en la ciudad de Wuhan, provincia de Hubei, China, donde se reportaron 27 casos de síndrome respiratorio agudo de etiología desconocida. El 7 de enero de 2020, las autoridades chinas informaron la identificación del nuevo coronavirus, denominado “Coronavirus 2 del Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS-CoV-2)”, como agente etiológico del síndrome. Este virus ARN se ha transmitido persona a persona en forma muy rápida, traspasando fronteras continentales, es así como el 11 de marzo, la Organización Mundial de la Salud (OMS) declaró una pandemia por este agente, la cual se ha convertido en una emergencia sanitaria a nivel mundial. Esto ha generado un gran desafío para la humanidad y se han generado estrategias multisectoriales para abordarlo. Actualmente no existe un medicamento específico aprobado para el tratamiento o prevención de esta infección, su manejo se ha basado en medidas de soporte precoz y se está explorando el uso de fármacos conocidos, entre ellos antiparasitarios. Los virus difieren morfo-estructuralmente de los parásitos (organismos eucariontes, nucleados), cada virus utiliza en su replicación la estructura celular del hospedero, donde existen potenciales

blancos terapéuticos. Existen diferentes tipos de virus, y cada grupo difiere en sus blancos terapéuticos. Un fármaco o principio activo, es una sustancia con composición química exactamente conocida capaz de producir efectos o cambios sobre una determinada propiedad fisiológica del que lo consume. Este puede ser dosificado y sus efectos benéficos y/o perjudiciales deben ser conocidos, luego de ser utilizado en un gran número de personas. El desarrollo de un nuevo fármaco considera cinco fases. Cada fase evalúa indicadores específicos: fase 0 (evaluación preclínica en animales); fase I (seguridad y toxicidad en humanos); fase II (eficacia); fase III (evaluación clínica en mayor número de personas, pre comercialización); y fase IV (evaluación clínica, fármaco-vigilancia de reacciones adversas (RAM) y post comercialización). Se espera que el nuevo fármaco sea eficaz y seguro, que tenga mejores atributos que sus precedentes, que genere más beneficios (mayor eficacia, menor riesgo, mejor cumplimiento terapéutico, menor probabilidad de errores, mayor facilidad de dosificación mayor comodidad de administración). El desarrollo de un nuevo fármaco toma alrededor de 12-15 años y sólo 1 de cada 5.000 llega a su comercialización, cuando cuenta con la aprobación de agencias internacionales acreditadas. Diferentes drogas, entre ellas antiparasitarios como hidroxiclороquina (HCQ), ivermectina (IVM), mefloquina y otros, están siendo testeados a nivel experimental in vitro, o en estudios de personas prospectivos o retrospectivos, en Casos, Series, Cohortes, y Ensayos Clínicos Controlados. La HCQ, creada el año 1946, a partir de la cloroquina (CL), ambos conocidos antipalúdicos, utilizados ahora en enfermedades autoinmunes (Lupus). La HCQ comparte el mecanismo de acción y tiene una estructura similar a la cloroquina (CQ) pero es mejor tolerado. Ambos fármacos alteran procesos como la degradación de proteínas por hidrolasas ácidas en el lisosoma, el ensamblaje de macromoléculas en los endosomas y modifican la posterior traducción de proteínas en el aparato de Golgi. Resultados de estudios in vitro señalan que CL e HC tienen buena actividad antiviral. En las últimas décadas, HC ha sido considerado un inmunomodulador (potencialmente útil en la tormenta de citoquinas). Ivermectina, también reconocido con actividad antiviral, muestra eficacia in vitro contra COVID-19, inhibiendo la replicación viral, hasta 5.000 veces (cultivo 48 horas). En el contexto de la crisis sanitaria, los estudios se han realizado en muestras pequeñas, la mayoría por conveniencia. Resultados a menos de un año, de antiparasitarios utilizados en forma aislada o en combinación con antimicrobianos, antivirales u otros inmunomoduladores no han aportado aún evidencia significativa de eficacia para COVID-19 en humanos. Se esperan los resultados de estudios con muestras de mayor tamaño, y mayor número de indicadores. El estudio de antiparasitarios conocidos con plausibilidad biológica, para intervenir en el desarrollo y replicación viral y o en las diferentes etapas de la historia natural de la infección, que sean aplicados en forma única o combinada con otros fármacos constituye una gran oportunidad para el mundo científico y la humanidad.

SIMPOSIO: “BIOLOGIA DE *Trypanosoma cruzi*”

PAPEL DE VESÍCULAS EXTRACELULARES COMO MODULADORES DE LA INTERACCIÓN PARÁSITO - HUÉSPED EN LA ENFERMEDAD DE CHAGAS

Rossi Izadora¹, Mellisa Willy, Ramirez Marcel Ivan^{1,2}

¹ Programa de Pós-graduação em Biología Celular e Molecular, Universidade Federal do Paraná. Curitiba/PR, Brasil. ² Instituto Oswaldo Cruz. Rio de Janeiro/RJ, Brasil

Trypanosoma cruzi, agente causal de enfermedad de Chagas, es un protozoario intracelular obligatorio con un complejo ciclo de vida alternando huéspedes vertebrados e invertebrados. Insectos de la familia Reduviidae (vinchucas) al picar al hombre depositan las formas infectivas tripomastigotas metacíclicas que entran en el torrente sanguíneo y rápidamente penetran en todo tipo de células para evadir el sistema inmune innato y establecer la infección. Nuestro grupo se preguntó años atrás como las formas metacíclicas podían resistir al sistema del complemento, eficiente mecanismo activado en la presencia de patógenos y que culmina con un complejo de ataque que lisa las membrana de los microbios. De esta manera describimos que los parásitos expresan receptores de factores de complemento que bloquean la cascada de activación, liberan inhibidores de serin proteasas o simplemente invaden células antes de ser lisados por el eficiente complemento. Comenzamos a cuestionar si en el primer contacto entre los parásitos y células sanguíneas podía haber liberación de vesículas extracelulares (conocidas como exosomas (50-100 nm) o microvesículas (100 nm -1 um) y creamos un modelo de interacción *T. cruzi* - células monocíticas THP1 donde después de interactuar a 37° C por una hora, a través de centrifugación diferencial del sobrenadante son detectadas las VEs. Fuimos capaces de describir que en el contacto de metacíclicos-THP1 había una liberación dose dependiente de Ves y que ellas inhiben el sistema de complemento a través de la alteración del decaimiento de C3 convertase y también promueven un aumento

de la infección a células eucarióticas. Otros experimentos mostraron que los efectos de inhibición de complemento y de invasión son cepa específicos. La dinámica de la interacción es reflejada al ver vesículas mixtas donde hay fusión de componentes de membrana parasitarios y de células del huésped mamífero. Esta actividad de fusión fue más intensa en las formas tripomastigotas sanguíneas, estadio que disemina la infección en los mamíferos. Tomando las evidencias, estamos analizando si las VEs transitan de una evasión inicial de complemento y aumento de la infección en la inmunidad innata para una comunicación celular que influenciará en el desarrollo de una respuesta inmune adquirida, en la persistencia del parásito dentro del organismo y en la cronicidad de la enfermedad.

IDENTIFICACIÓN Y FUNCIONALIDAD DE LAS PROHIBITINAS 1 y 2 en *Trypanosoma cruzi*

Antonio Osuna

Instituto Biotecnología, Grupo de Investigación CTS 183, Bioquímica y Parasitología Molecular, Universidad de Granada, Granada (España)

Las Prohibitinas 1 (PHB1) y 2 (PHB2) son dos proteínas homólogas, pertenecientes a la familia SPFH (Stomatin/Prohibitin/Flotillin/HflC). Ambas proteínas muestran un 41% de identidad en sus secuencias aminoácidas y ambas contienen el motivo PHB, también conocido como SPFH, próximo al segmento transmembrana en el extremo N-terminal de las proteínas. Se han descrito miembros de la familia de las PHBs en distintas especies encontrándose principalmente en la membrana de la mitocondria, el núcleo y la membrana plasmática, habiéndoseles relacionado con funciones como la proliferación celular, envejecimiento, inflamación, apoptosis, estabilización del ADN mitocondrial, mantenimiento de la integridad y biogénesis mitocondrial, entre otros. En el presente trabajo, tras obtener ambas proteínas recombinantes y desarrollar anticuerpos policlonales, se ha descrito la localización de las PHBs en las diferentes formas de *T. cruzi* pudiéndose determinar una localización diferencial en las distintas formas. Para determinar el papel de las PHBs en la biología de las formas del parásito se han sobreexpresado dichas proteínas, a partir de constructos conteniendo los genes *phbs* y el vector de expresión pTREX-TAptag-GW. Tras lo que se concluye que ambas proteínas participan en la captación y eliminación de especies reactivas de oxígeno (ROS), actuando a nivel fisiológico del parásito, favoreciendo la metacicloogénesis así como en la multiplicación de las formas amastigotas intracelulares. Mediante el sistema CRISPR/Cas9 se han obtenido líneas celulares de los flagelados “knockout” para los genes *phb1* y *phb2*, de las cuales se ha conseguido una línea disminuida para la PHB1 y knockout completa para la PHB2, demostrando que la falta del gen *phb2* es letal para el parásito al producirse alteraciones en la membrana mitocondrial.

*Financiamiento Proyectos: Este trabajo ha sido financiado por los proyectos: ERA-NET UE ERANET, Instituto de Salud Carlos III mediante el proyecto (Cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional/Fondo Social Europeo (Cofinanciado por el Fondo Europeo de Desarrollo Regional/Fondo Social Europeo. “Una manera de hacer Europa”/ “El FSE invierte en tu futuro”), con las referencias ELAC2014/HID-0328 y ERANet17/HLH-0142 (Cochaco) titulados: “Research in prevention of congenital Chagas disease: parasitological, placental and immunological markers”. Y el proyecto “Interactoma de las exovesículas de *Trypanosoma cruzi* y de los inmunocomplejos que forman con las células del hospedador: implicaciones en la patología de la Enfermedad de Chagas” de la Fundación Ramón Areces, 2019 (Diálogo intercelular e interactoma: implicaciones patológicas)*

ESTRATEGIAS BIOLÓGICAS Y DE PROTEOMICA PARA EL ESTUDIO DE LA VIRULENCIA DE *Trypanosoma cruzi*

Jorge González

Unidad de Parasitología Molecular, Departamento de Tecnología Médica, Universidad de Antofagasta, Antofagasta, Chile.

Trypanosoma cruzi, es un protozoo flagelado que infecta a diferentes animales de sangre caliente incluyendo el hombre. La capacidad para infectar y sobrevivir dentro de los huéspedes vertebrados y eventualmente causar patologías, depende de la expresión de diferentes moléculas que en conjunto son denominadas factores de virulencia (FV). Algunas de ellas ya han sido descritas, mientras que otras esperan a ser descubiertas. En este estudio, se presenta un análisis comparativo a nivel biológico y proteómico de dos líneas celulares (LC) provenientes de un único clon obtenido de la cepa H510. Este clon, denominado C8C3, fue dividido en dos alícuotas y durante 30 años una LC denominada C8C3*hvir*, fue mantenida mediante pasajes de ratón en ratón (Balb/c), desarrollando una alta virulencia, mientras que la otra LC, denominada C8C3*lvir*, fue mantenida en cultivo axénico, durante idéntico periodo de

tiempo, donde su virulencia resultó atenuada. Inicialmente, se realizó una tipificación de ambas LC para confirmar su origen común. La infección experimental del ratón y el estudio de las curvas de parasitemia, se realizó infectando ratones Balb/c con tripomastigotes derivados de cultivo celular. Del mismo modo, se realizaron los ensayos de invasión en cardiomiocitos de ratón, para estudiar la infectividad *in vitro* de ambas LC y la expresión de diferentes FV como cruzipaina, transialidasa y proteína de resistencia al complemento, fue evaluada mediante Western blot. Finalmente, los extractos proteicos de C8C3*hvir* y C8C3*lvir* fueron sometidos a un análisis tipo “Label Free Quantification” (LFQ) para comparar los perfiles de expresión de sus proteínas, mediante análisis de cromatografía líquida de ultra alta eficacia (UHPLC) acoplada a espectrometría de masas (LC-MS/MS), utilizando un Espectrómetro de Masas QqTOF Impact II. La tipificación mostró un 100% de identidad entre ambas LC. Los estudios de curva de parasitemia indicaron que C8C3*hvir* infectó a ratones, que en su mayoría murieron al día 23 post infección, mientras que la infección con C8C3*lvir* mostró parasitemias subpatentes. Los ensayos de invasión mostraron que C8C3*hvir* infectó entre 3 a 5 veces más que C8C3*lvir*, mientras que el análisis de Western blots de los FV estudiados, mostraron una mayor expresión en C8C3*hvir* que en C8C3*lvir*. El análisis mediante LC-MS/MS, mostró un total de 1547 proteínas, de las cuales 387 mostraron una expresión diferencial en C8C3*hvir* respecto de C8C3*lvir*. De ellas, 174 estuvieron reguladas positivamente mientras que 216 estuvieron reguladas negativamente. El análisis de componentes principales de las proteínas reguladas positivamente, mostró que las proteínas de diseminación o transmisión de organismos desde otros organismos (dentro de los procesos biológicos), las proteínas ribosomales (dentro de los componentes celulares) y la actividad de succinil-transferasa (dentro de las funciones moleculares) fueron las más sobrepresadas. Se concluye que la línea celular C8C3*hvir* no solo expresa diferencialmente algunos factores de virulencia respecto de la línea C8C3*lvir*, sino que también algunas proteínas propias de procesos biológicos, componentes celulares y funciones moleculares, todas las cuáles, más allá de la sola expresión de algún FV hacen parte de un programa genético destinado para sobrevivir en el huésped y eventualmente causar daño.

Financiamiento: Proyecto Semillero SEM 17-2 y Proyecto Puente para investigación de Excelencia, Universidad de Antofagasta.

SIMPOSIO: “EPIDEMIOLOGÍA DE LAS PARASITOSIS EN CHILE”

ECOEPIDEMIOLOGÍA DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS EN CHILE

Mauricio Canals

Universidad de Chile, Facultad de Medicina, Instituto de Salud Poblacional ESP, Programa de Salud Ambiental & Departamento de Medicina (O)

El vector responsable del ciclo doméstico de la enfermedad de Chagas en Chile es *Triatoma infestans* y hay dos vectores silvestres de interés epidemiológico *Mepraia spinolai* y *Mepraia gajardoi*. Desde 1999 se considera que en Chile se encuentra interrumpida la transmisión vectorial, ya que la infestación domiciliar es menor a un 0,5%. Basados en los modelos previos de transmisión vectorial y de transmisión congénita, desarrollamos un modelo que incluye ambas formas de transmisión y realizamos simulaciones. En estos mostramos que la transmisión congénita es “alimentada” por la transmisión vectorial y que sin ésta la enfermedad de Chagas debiera decrecer exponencialmente hasta desaparecer en aproximadamente dos generaciones. En este marco y en el contexto del cambio climático se debieran estar produciendo cambios en la situación ecológica de los vectores y en la distribución de los riesgos en el país. Pero, ¿está ocurriendo esto en Chile? Analizamos la prevalencia de la enfermedad de Chagas entre 1949 y 2014. Se comparó la evolución de las mortalidades y morbilidades disponibles en las bases de datos del ministerio de Salud. La prevalencia en esta muestra se ha mantenido constante por 65 años sin cambios desde el corte de la transmisión vectorial. Los datos ministeriales muestran un aumento progresivo de las tasas de morbilidad con mantención de las tasas de mortalidad. El aumento progresivo de la morbilidad parece no relacionarse con el corte de la cadena vectorial ni con el mayor esfuerzo diagnóstico ocurrido en 2009, ya que era evidente desde antes. La infestación domiciliar por *T. infestans* ha caído significativamente, pero se detectan incrementos en la intrusión domiciliar y en los focos silvestres de esta especie. También se aprecia un aumento en la domiciliación de *M. spinolai*. El número de individuos recolectados por el ISP ha incrementado y aún en cerca de un 80% corresponden a *T. infestans*. ¿Y que ocurre con la distribución espacial y el cambio climático? El análisis de riesgos relativos durante 20 años muestra que la distribución espacial de la enfermedad de Chagas en Chile se ha desestructurado débilmente. En los últimos años en Chile se han hecho evidentes cambios en la distribución del riesgo relativo probablemente a consecuencia de las migraciones y a una participación de

las transfusiones sanguíneas en la distribución de esta enfermedad. La distribución de edades de los pacientes con Chagas sólo muestra débiles cambios, en gran parte atribuibles al envejecimiento de la población chilena. La modelación del nicho muestra una relación bi-unívoca con la distribución de *T. infestans*. La enfermedad de Chagas tiene un número reproductivo (R_0) cercano a la unidad en su zona de distribución. El cambio climático global podría producir aumentos en este número a consecuencia de un aumento en las áreas habitables por este vector. Los mapas- R_0 sugieren que podría haber un aumento significativo en el área de transmisión de *T. cruzi* considerando el cambio climático tanto en escenarios optimistas como pesimistas. Los valores estimados sugieren que si el control de *Triatoma infestans* no es mantenido, el estado endémico de la enfermedad de Chagas persistirá o aumentará, independiente de los escenarios de cambio climático.

Financiamiento Proyectos: FONDECYT 1150514

LA REGIÓN DE COQUIMBO: HOT SPOT DE LA ENFERMEDAD DE CHAGAS EN CHILE

Salas Paola

Universidad de La Serena, Facultad de Ciencias, Departamento de Enfermería & Instituto de Investigaciones Multidisciplinarias en Ciencias y Tecnologías.

Introducción: La enfermedad de Chagas en Chile ha aumentado en pesquisa, especialmente en mujeres gestantes y donantes en general, pero sigue desatendida en Latinoamérica. La epidemiología ambiental del vector señala a la región de Coquimbo de mayor riesgo. Los medicamentos que tratan la enfermedad de Chagas han sido proporcionados a sólo el 1% de las personas que padecen la enfermedad y menos del 10% de las personas en las Américas han sido diagnosticadas.

Objetivo: Analizar la serie temporal de mortalidad y tasa de incidencia por enfermedad de Chagas a nivel nacional, regional, comunal y según edad.

Método: Estudio de base poblacional, serie de tiempo de mortalidad (1997 al 2017) de certificados de defunción proporcionado por el DEIS-MINSAL y tasa de incidencia (base de datos proporcionada por ISP 2011 al 2017), país, región y 15 comunas. Uso de tasas brutas y ajustadas, calculando χ^2 , T test, ANOVA, valor $p < 0,05$. En las cuales se realizó un análisis de tendencias y distribución espacial de las tasas de mortalidad e incidencia.

Resultados: a) *Mortalidad*; el total de muertes ocurridas en Chile por enfermedad de Chagas en 20 años alcanzó a 1353 casos y de ellas 668 (49,37%) tenían residencia en la región de Coquimbo, mayoritariamente hombres y mayores de 60 años con complicaciones cardíacas y digestivas, cuyas comunas de residencia declarada en el certificado de defunción fue; Salamanca, Combarbalá e Illapel. La procedencia de los fallecidos fue principalmente urbana, la diferencia estaba en que en la región de Coquimbo la razón entre urbano rural es de 1,5, y en el país de 5,6, es decir en Coquimbo fallece una mayor proporción de personas del sector rural. La región de Coquimbo presentó mayor porcentaje de analfabetos (as) y menor educación, secundaria, media y universitaria. Y el último curso aprobado fue un año menos en los fallecidos de la región de Coquimbo que el promedio del resto del país, todas estas diferencias fueron estadísticamente significativas (valor $p < 0,05$). b) *Incidencia*; en siete años han ocurrido 6.173 casos diagnosticados y confirmados por el ISP en la región de Coquimbo (tasa bruta; 813 por 100.000 habitantes) el 6% correspondió a menores de 20 años (375 casos). En los casos nuevos, el mayor diagnóstico ocurre en mujeres (61,4%) con edad promedio 50 años versus 56 años en hombres (T test= 29,19 valor $p = 0,000$) y correspondieron a residentes de las comunas de; Ovalle, Andacollo, Monte Patria e Illapel.

Conclusiones: La mitad de las muertes por enfermedad de Chagas residen en la región de Coquimbo, fallecen mayoritariamente hombres con promedio de edad menor a las mujeres, del sector rural y con menor educación, incluso con altos porcentajes de analfabetismo. Los casos nuevos diagnosticados (incidencia) son un seis por ciento en menores de 20 años, diagnosticadas principalmente mujeres con al menos 6 años menos de edad que los hombres, la distribución geográfica de las muertes e incidencias son heterogéneas en las comunas de la región de Coquimbo, principalmente concentradas en las provincias del Choapa y Limarí. Se hace necesario revisar y mejorar el acceso al diagnóstico precoz y tratamiento de los casos.

Financiamiento Proyecto: DIULS N° PI1531.

EQUINOCOCOSIS EN CHILE

Dra. Paulina Alejandra Martínez Gallegos

Universidad de Santiago de Chile, Facultad de Ciencias Médicas, Programa Proyecto Centro de Salud Pública; Universidad Diego Portales, Vicerrectoría Académica, Programa de Formación General e Inglés. paulinamartinezg@yahoo.com

En Chile, a pesar del importante cambio en el perfil epidemiológico con la mayor carga de enfermedad en las enfermedades crónicas no transmisibles, aún persisten enfermedades zoonóticas, algunas de las cuales con gran impacto debido a su asociación con pérdidas de vidas en forma prematura, pérdidas por años con discapacidad, pérdidas económicas y connotación social. Dentro de estas enfermedades podemos citar la Equinocosis, que es una antrozoosis parasitaria de gran importancia en el país, la cual puede ser absolutamente prevenida, incluso eliminada y potencialmente erradicada y es considerada como una “enfermedad desatendida”. En nuestro país, la Equinocosis es una infección de carácter endémico e hiper-endémico que, a pesar de su connotación social y económica, sigue siendo un problema de salud pública no abordado en forma integral y que en consecuencia permanece no resuelto. Esta enfermedad zoonótica es causada por formas larvianas de varios géneros del parásito de la Clase Cestoda, Orden Cyclophyllidea, Familia Taeniidae, Género Echinococcus. *E. granulosus sensu lato* (s.l) agrupa a todos los parásitos que producen la Equinocosis. Dentro de este grupo, el mayor responsable de infección humana y animal es *E. granulosus sensu stricto* (s.s), que incluye los genotipos G1, G2 y G3 y también microvariantes de éstos y también incluye *E. equinus* (G4), *E. ortleppi* (G5), *E. canadensis* (G6/G7/G8/G10) y *E. felidis*. La infección se adquiere fundamentalmente en la niñez y los síntomas y sospecha clínica aparecen generalmente en los adultos. Sin embargo, cada nueva infección refleja el fracaso de las medidas de prevención y control y si es en menores las podemos proyectar como un fracaso actual. ”. La importancia de hacer un diagnóstico de Equinocosis en casos asintomáticos es poder ofrecer un tratamiento precoz, oportuno y de esa manera evitar complicaciones, secuelas e incluso el fallecimiento. En nuestro país en el período 2001-2018, los casos nuevos notificados acumulados son 5.819, con un promedio anual de 323 casos, siendo la Región de Aisén la más afectada, mientras los egresos hospitalarios acumulados son 13.664, con un promedio anual de 759 egresos. Las defunciones acumuladas entre los años 2001 al 2017 son 411, con un promedio anual de 24 fallecimientos, con la mayor tasa acumulada en la Región de la Araucanía con 10,2 v/s País 2,4 defunciones por cada 100 mil habitantes. La distribución por sexo no presenta diferencias significativas. Estos indicadores a nivel país estiman una tendencia al decrecimiento, sin embargo estos indicadores esconden las realidades regionales, donde no sólo existe una distribución geográfica heterogénea asociada a la economía básica, si no también, por las diferencias en la calidad y acceso a las prestaciones de salud. En relación a la muerte por Equinocosis es posible distinguir y aplicar el concepto de “muerte evitable”, el cual se ha discutido por décadas y hace referencia a una atención médica efectiva y oportuna, que potencialmente evita muertes prematuras que no deben ocurrir. Dentro de los factores ambientales antropogénicos podemos citar el cambio del uso del suelo relacionado con la urbanización y a la vez interrelacionados con el movimiento de animales, particularmente domésticos, y entre ellos los canidos, hospederos definitivo del parásito. Los parásitos en los alimentos y en el agua son un problema de seguridad alimentaria en aumento, probablemente debido a factores antropogénicos como la movilidad poblacional. En los últimos años, todas las medidas y políticas preventivas de la OPS se encuentran nucleadas dentro del concepto de “One Health”, como “el esfuerzo de colaboración de múltiples disciplinas que trabajan a nivel local, nacional, y global para alcanzar una salud óptima para las personas, los animales y el medio ambiente. En la 68a Sesión del Comité Regional de la OMS para las Américas, Washington, 2016, se estableció un “plan de acción para la eliminación de las enfermedades infecciosas desatendidas y las medidas posteriores a la eliminación 2016-2022”, basado en seis líneas de acción estratégicas con el propósito de acelerar la disminución del impacto mundial de las enfermedades desatendidas, en términos de prevenir, controlar y reducir la morbilidad, discapacidad y mortalidad y no solo ello sino también realizar mayores esfuerzos para eliminarlas como problema de salud pública y detener la transmisión humana.

SIMPOSIO: “ECOLOGÍA Y CONTROL DE VECTORES”

MEPRAIA GAJARDOI: INVASIÓN DE VINCHUCAS EN EL MORRO DE ARICA?

Siches Eda¹, Gajardo Manuel², Contreras José³

¹ Unidad de Epidemiología, SEREMI de Salud, Región de Arica y Parinacota, ² Unidad de Zoonosis y Vectores, SEREMI de Salud, Región de Arica y Parinacota, ³ Departamento de Informática, Universidad Técnica Federico Santa María

La Enfermedad de Chagas (ECh), o *trypanosomiasis americana*, es una parasitosis causada por el protozoo flagelado *Trypanosoma cruzi* (*T. cruzi*); fue descrita el año 1909 y ha estado presente en gran parte del continente americano por miles de años. Los vectores del *T. cruzi* son insectos hematófagos del tipo *triatominos* conocidos como “vinchucas” en Chile, donde se han estudiado dos especies endémicas: la *Triatoma infestans*, un vector doméstico, y la *Mepraia spinolai* (o *Triatoma spinolai*), un vector silvestre. Desde 1998 se conoce también un tercer vector que habita en zonas áridas y semiáridas del norte de Chile: la *Mepraia gajardoi*, de tipo silvestre. Estudios realizados con ejemplares de *M. gajardoi* de Caleta Camarones, localidad costera ubicada a 79 km. al sur de Arica, encontraron en ellos niveles de 40% a 75% de infestación natural con *T. cruzi*. Por otro lado la presencia de este *triatomino* en el Morro de Arica, monumento histórico y turístico muy frecuentado por visitantes, ubicado en el sector urbano y céntrico de la ciudad, con antiguas viviendas habitadas en sus faldeos, llevó a la Unidad de Zoonosis y Vectores de la XV Región a realizar vigilancia de *triatominos* silvestres en esta área, con trampas instaladas por 24 horas en algunas casas de los faldeos del Morro, y en el mismo macizo rocoso. Esta vigilancia permitió capturar una cantidad reducida de ejemplares, debido al bajo número de casas con observación de *Mepraia*, y por otro lado a que no existe una descripción de viviendas infestadas con esta especie, catalogada solo como insecto silvestre de visualización esporádica, dificultando así estimar con ellos la cantidad y nivel de infestación de *triatominos* en el sector. Con el antecedente encontrado en las *M. gajardoi* de Caleta Camarones, cobra importancia mejorar la captura de ejemplares en el sector del Morro de Arica y obtener datos más representativos estadísticamente, para determinar el riesgo epidemiológico que podría generar la presencia de *M. gajardoi* en el norte de Chile y comprender la dinámica de transmisión de *T. cruzi* a las personas, a animales domésticos, y a otros animales presentes en el sector.

NICHO POTENCIAL DE *Anopheles pseudopunctipennis*

Valderrama Lara^{1,2}, Ayala Salvador³, Reyes Carolina¹, González Christian²

¹Laboratorio de Entomología, Subdepartamento de Genética Molecular, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile, ²Magíster en Ciencias con Mención en Entomología, Instituto de Entomología, Facultad de Ciencias Básicas, Universidad Metropolitana de Ciencias de la Educación, Santiago, Chile, ³Departamento de Asuntos Científicos, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile.

Anopheles (Ano.) pseudopunctipennis es una especie de mosquito que se distribuye desde el sur de Estados Unidos hasta el norte de Argentina y Chile, siendo una de las principales especies transmisoras de Malaria en dicha región. En Chile, la Malaria fue erradicada en 1945, sin embargo, el vector persiste confinado a quebradas de las regiones de Arica y de Tarapacá. El objetivo de este trabajo fue determinar el patrón de distribución de *An. (Ano.) pseudopunctipennis* actual y bajo escenarios de cambio climático en Chile. Se realizó un modelo de distribución de especies para las condiciones climáticas actuales y proyectadas en escenarios de cambio climático (RCP4,5 y RCP8,5), utilizando datos de presencia nacionales, aplicando un Modelo de Máxima Entropía (Maxent) y considerando 19 variables climáticas (Worldclim), 10 variables topográficas y 1 variable biótica. Se concluyó que el patrón de distribución potencial de *An. (Ano.) pseudopunctipennis* abarca una mayor latitud que la distribución históricamente descrita en Chile, formando un corredor continuo desde las regiones de Arica hasta Antofagasta. Bajo los escenarios RCP 4,5 y 8,5, se proyectó que la distribución de esta especie en Chile ampliará su longitud y altitud hacia la Cordillera de Los Andes y su latitud hacia el sur, con un incremento de la probabilidad de presencia y de su área de extensión. Los análisis del patrón de distribución actual y proyectado bajo escenarios del cambio climático, entregan información biogeográfica- ecológica relevante, para aportar mayor conocimiento de esta especie en Chile, para un posible análisis de riesgo de reintroducción de Malaria autóctona y para complementar las estrategias de vigilancia vectorial aplicadas en dicha región.

ESTIMANDO LA DISTRIBUCIÓN Y NICHOS ECOLÓGICOS DE VECTORES: EL CASO DE *Aedes aegypti*

Alberto J. Alaniz

ONG Centro de Estudios en Ecología Espacial y Medio Ambiente - Ecogeografía, Santiago Chile.
Departamento de Ingeniería Geográfica, Facultad de Ingeniería, Universidad de Santiago de Chile

La identificación de los patrones de distribución especial de vectores y patógenos representa una herramienta fundamental en la salud pública actual, ya que permite estructurar diferentes tipos de planes en el espacio. Entre los vectores de mayor preocupación para la salud pública destacan los dípteros, siendo importantes en la transmisión de un sinnúmero de virus de la familia Flaviviridae. Entre estos el mosquito *Aedes aegypti* ha sido muy importante a nivel global por ser el responsable de la transmisión de varios virus en zonas urbanas y rurales debido a su mayor nivel de sinantropía. La presente charla tiene por objetivo mostrar de qué forma operan los modelos de distribución en cuanto a la modelación de vectores, presentando una serie de estudios desarrollados por la ONG Ecogeografía. En particular, se desarrolla en detalle el caso de la estimación de la distribución y nicho ecológico de *Aedes aegypti* en Chile y el mundo, mostrando que Chile si tiene condiciones ambientalmente idóneas para la especie, a diferencia de lo que estudios previos han sugerido. Este tipo de resultados contribuyen a aumentar la vigilancia y prevención ante una eventual colonización de la especie, pero deben ser interpretados cuidadosamente. Por último se destacan las prestaciones de este marco metodológico en la estimación de la distribución de vectores, discutiendo también los supuestos y limitaciones de este tipo de modelos.

SIMPOSIO: “PARASITOS EN MEDICINA VETERINARIA”

RESPUESTA CELULAR INNATA: TRAMPAS EXTRACELULARES CONTRA PARÁSITOS PROTOZOARIOS Y HELMÍNTICOS

Hermosilla Carlos¹, Muñoz-Caro Tamara², Silva Liliana M. R.¹, Conejeros Iván, Taubert Anja¹

¹Institute of Parasitology, Biomedical Research Center Seltersberg, Justus Liebig University Giessen, Germany, ²Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Recursos Naturales y Medicina Veterinaria, Universidad Santo Tomás, Talca, Chile

A pesar del rol crítico que juegan leucocitos en la respuesta hospedadora inmune innata frente a parásitos protozoarios y helmínticos *in vivo*, aún se sabe poco sobre la interacción temprana entre diversas poblaciones leucocitarias y parásitos. Dentro de las poblaciones leucocitarias sanguíneas, los neutrófilos representan las células más abundantes de la sangre/línea y además las primeras en ser reclutadas a los sitios de infección. Neutrófilos tienen un rol significativo en la orquestación tanto de la respuesta inmune innata como también de la respuesta inmune adaptativa, mediante fagocitosis, secreción de quemoquinas/citoquinas pro-inflamatorias, producción de especies de reactivos oxidativos y degranulación de péptidos/proteínas anti-microbianas y anti-parasitarias. Además, neutrófilos son capaces de extruir trampas extracelulares [extracellular traps (ETs)] para combatir eficientemente, no sólo pequeños parásitos protozoarios sino también parásitos helmínticos altamente móviles y grandes. Estas ETs están principalmente compuestas por finas estructuras de ADN nuclear decoradas con proteínas o péptidos granulares, histonas (H1, H2A/H2B, H3, H4), elastasa neutrofílica, mieloperoxidasa (MPO), lactoferrina, gelatinasa, pentraxina (PTX) y cathelicidina entre otros compuestos. Durante el proceso de formación de ETs, conocido como NETosis, las ETs son capaces no sólo de atrapar diversos parásitos de carácter zoonótico, por ejemplo *Toxoplasma gondii*, *Cryptosporidium parvum*, *Trypanosoma brucei*, *Dirofilaria immitis* o *Fasciola hepatica*, sino también parásitos de relevancia veterinaria como *Eimeria bovis*, *Eimeria arloingi*, *Neospora caninum*, *Besnoitia besnoiti*, *Haemonchus contortus*, *Angiostrongylus vasorum* y *Troglostrongylus brevior*.

Concluimos que la NETosis es un mecanismo ancestral y bien conservado en la evolución la respuesta celular inmune innata frente a diversos parásitos, pero aún muy poco estudiada en parasitología. Hacemos un llamado a investigar más intensamente los diversos mecanismos moleculares, vías de señalización, autofagia, receptores, calcio y metabolismo celular, involucrados en la NETosis contra parásitos protozoarios y helmínticos.

VEINTIÚN AÑOS DE ESTUDIOS DE PARÁSITOS EN FAUNA SILVESTRE EN CHILE: AVANCES, DESAFÍOS Y PROYECCIONES

D. González-Acuña

Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Universidad de Concepción,
Facultad de Ciencias Veterinarias. danigonz@udec.cl

Resumen: Los parásitos representan más de la mitad de la biodiversidad del planeta y constituyen una de las principales maneras de obtener alimento entre los organismos. Son organismos ubicuos que afectan directa o indirectamente a los individuos de una comunidad provocándoles algún tipo de daño. Toda información sobre parásitos de vertebrados es relevante debido a la influencia que estos ejercen en los procesos ecológicos y la salud del hospedador. La diversidad de parásitos está representada principalmente por endoparásitos protozoos (hemoparásitos y apicomplexa) y helmintos, así como los ectoparásitos ácaros, piojos, pulgas y los grupos taxonómicos que de una u otra forma se han adaptado para cohabitar con el hospedador y obtener de él sus recursos. La presente revisión persigue informar sobre el estado del conocimiento de la parasitología en fauna silvestre de Chile y principalmente sobre los avances en esta temática durante los últimos 21 años. Se mencionan datos sobre su actual diversidad, hospedadores más estudiados, así como aquellos taxa donde existen vacíos de información. En relación a los hemoparásitos se han encontrado positivos hasta la fecha 40 especies de aves y cuatro de mamíferos parasitados con seis diferentes linajes. Las 24 especies de protozoos apicomplexa han sido detectadas en seis especies de aves, 28 en mamíferos y solo dos en reptiles. Los helmintos han sido mayormente detectados, puesto que en anfibios se han descrito 13 taxa en 12 especies de anuros, siete en 12 especies de reptiles, 63 en 119 especies de aves y 263 en 53 especies de mamíferos.

En relación a ectoparásitos, cuatro taxa de ácaros se han determinado en siete especies de anfibios y 38 diferentes taxa en 35 especies de reptiles, 34 taxa de ácaros en 27 especies de aves y 28 especies de ácaros en 17 especies de mamíferos. En relación a piojos, en aves se han descrito 146 especies de piojos en 101 especies de aves y 27 especies en 26 especies de mamíferos.

Finalmente, las pulgas, 114 especies se han colectado en 28 especies de aves y 91 especies parasitando a mamíferos. En 21 años de estudios, se han descrito más de 45 especies nuevas de parásitos para la ciencia, siendo la mayoría correspondientes a ectoparásitos ácaros, piojos y pulgas. En base a esta compilación, se percibe que hay un porcentaje aún mayor de hospedadores silvestres de Chile que aún no tienen descripciones de parásitos, hecho que se da principalmente por la falta de estudios y especialistas en el tema, por lo que futuros estudios con seguridad entregarán nuevas relaciones parásitos hospedadores, nuevas especies para diversidad nacional, así como para la diversidad mundial.

Key words: Chile, fauna silvestre, parásitos, ácaros, piojos, helmintos, pulgas, garrapatas

VARIACIÓN ESPACIO TEMPORAL DE *TRICHINELLA* SP. EN CHILE Y ESTUDIO DE ANIMALES SILVESTRES COMO PARTE DEL RESERVORIO PARA EL SER HUMANO
Landaeta-Aqueveque Carlos¹, Espinoza-Rojas Hellen¹, Lobos-Chávez Felipe¹, Figueroa-Sandoval Fernanda¹, Yáñez-Crisóstomo Claudio¹, Muñoz-Galaz Javiera¹, Serrano-Reyes Josselyn¹, Beltrán-Venegas Jazmín¹, Bustamante Garrido Bárbara¹, Oyarzún-Ruiz Pablo¹, Silva-de la Fuente María Carolina¹, Echeverry Diana¹, Henríquez AnaLía², González-Acuña Daniel¹, Ortega René¹, Sandoval-Silva, Daniel¹, Moreno-Salas Lucila¹.

¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción,

²Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad San Sebastián

La triquinosis está asociada al consumo de porcinos faenados sin inspección veterinaria. En Chile, durante los '90 y 2000s hubo una reducción de la incidencia, sin embargo, no ha habido un análisis de la casuística en los últimos años. Los estudios en animales silvestres no reportaron infecciones sino hasta el 2013. En la presente exposición se describe la casuística de la triquinosis en Chile desde el 2011 a 2019, se revisa la literatura en animales silvestres, como también se presentan resultados no publicados de la pesquisa en fauna silvestre/asilvestrada. Se utilizaron datos obtenidos mediante el portal Chile Transparente, los que se complementaron con los reportes del Ministerio de Salud (MINSAL) y del Instituto de Salud pública. Se utilizaron las definiciones de caso y brote del (MINSAL). Respecto de la fauna infectada, se hizo una revisión bibliográfica en Web of Science y SciELO con las palabras *Trichinella* y Chile. Además, se pesquió la presencia de *Trichinella* en 62 visones, 414 roedores y diversos animales encontrados muertos en la vía pública. La triquinosis en Chile es una parasitosis frecuente desde la R. Metropolitana hasta la R. de Los Lagos, presentando mayor cantidad de casos en Biobío, La Araucanía y Los Lagos (57, 81 y 57 casos, respectivamente). En Los Lagos la mayor cantidad de casos se debió sólo a dos brotes con 20 o más afectados, mientras que en La Araucanía y Biobío hubo

muchos casos aislados y brotes pequeños. El año con más casos fue 2012 (94). En el análisis espacial se observa poca reincidencia de localidades y el análisis temporal muestra inestabilidad, lo que sugiere que hay aprendizaje en las comunidades afectadas, así como también, la presencia de focos latentes ampliamente distribuidos y que se convertirán en casos o brotes cuando se consuma un cerdo sin inspección veterinaria. Dos de tres pumas han sido positivos a *T. spiralis*, sin embargo, los visones y jabalíes han presentado prevalencias menores. Los roedores en áreas silvestres no han resultado infectados.

Financiamiento: FONDECYT-11170294

SIMPOSIO: “PARASITOLOGÍA MÉDICA“

HIDATIDOSOS O EQUINOCOSIS QUÍSTICA

Dr. Renzo Tassara Oliveri

La Equinocosis quística, zoonosis de todos los continentes, especialmente de zonas ganaderas, afecta a diversos animales y al Humano, con elevado costo económico e impacto en salud y calidad de vida. Se presenta como masa tumoral-quística, en hígado (65-70%) y pulmón (20-25%). Menos frecuente en riñón, bazo, cerebro, columna vertebral, ojos, corazón, cavidad peritoneal, huesos y articulaciones (total: 10%). En Chile, su agente es el estado larval del Cestode *Echinococcus granulosus*. El adulto de 3-5 mm, tiene su hábitat en el intestino delgado del perro y otros cánidos, que eliminan huevos inmediatamente infectantes (de 40 um) en las heces, contaminando tierra, aguas, pastos y vegetales, así como boca y pelaje del cánido, al lamer su cuerpo. Los hospederos intermediarios son el ganado ovino, bovino y porcino, cualquier animal herbívoro (conejos, ratas, ratones, gatos y caballos, entre otros) y el Hombre. En el Humano, la infección suele ocurrir en la edad pediátrica, por menor desarrollo de hábitos higiénicos. Crece en silencio por años o décadas. En el intestino delgado del hospedero intermediario, el huevo libera embrión (oncósfera) que penetra la pared intestinal, cae a vasos tributarios de vena Porta, llega a hígado que actúa como primer filtro. La mayoría queda aquí atrapado e inicia su crecimiento. Si logra pasar este cedazo, queda atrapado en el pulmón (segundo filtro). Menos frecuente (10%), logra franquear también pulmón, llega a corazón izquierdo y de ahí a cualquier órgano o tejido. En días, forma nódulo milimétrico, de centro líquido y pared de 2 capas, una periférica laminar proteica, acelular y blanquecina, de aspecto de clara de huevo cocido (**cutícula**) y una interna, nucleada (**proliger**), que es la parte activa de la forma larval, responsable del crecimiento y de generar los elementos precursores de nuevos parásitos. Membranas+líquido, constituyen la **hidátide**. El hospedero, aporta una envoltura externa fibrosa (**adventicia**), para aislar al invasor. Hidátide+Adventicia, constituyen el **Quiste Hidatídico**. Este crece lentamente, aprox. 1 cm/año. En la edad pediátrica puede ser más rápido, observándose quistes de 10-12 cm en niños de 7-8 años de edad. En el adulto, se observan Quistes de 10 15 cm o diámetros mayores. El **líquido hidatídico**, es antigénico y frente a ruptura y vaciamiento a serosas, da reacciones anafilácticas de gravedad variable. En el líquido hay elementos macroscópicos: **vesículas hijas** (Hidátides hijas). También hay elementos microscópicos: **arenilla hidatídica**: contiene **escólices**, **ganchitos** de escólices degradados y **vesículas prolíferas** (tejido prolífero con escólices). Los escólices son la cabeza del gusano *E.granulosus*. Si el cánido (hospedero definitivo) ingiere vísceras con Quistes Hidatídicos o caza animales con Hidatidosis, ingiere escólices del Quiste. Cada escólex genera un parásito adulto en su intestino, que contribuye a mantener y diseminar la infección al ambiente. Por otra parte, si un Quiste se rompe en el interior de un hospedero intermediario, vaciando su contenido a cavidades como peritoneo o pleura, cada escólex se puede vacuolizar y generar un nuevo Quiste Hidatídico (**siembra hidatídica**). Cada Quiste Hidatídico tiene miles de escólices. Por ello, la siembra hidatídica ha sido denominada “cáncer blanco”, comparándola con metástasis, de difícil manejo y pronóstico complejo. El Quiste es una masa tumoral expansiva y las manifestaciones dependerán de su ubicación y tiempo de evolución, con compresión de parénquimas y órganos, obstrucción o colapso de vasos y conductos. También fracturas patológicas, fisuras/rupturas con vaciamiento del líquido, con manifestaciones anafilácticas inmediatas de leves, hasta un shock. También, vaciamiento de vesículas y membranas a conductos, con obstrucción de ellos, sobreinfección bacteriana agregada, etc. También hay **siembra hidatídica** por vesículas hijas liberadas y miles-millones de escólices, con **Hidatidosis secundaria o múltiple**. En el diagnóstico, las imágenes son fundamentales (Eco abdomen, Rx torax, TAC y RNM), además de la serología y antecedentes epidemiológicos. El tratamiento de elección es quirúrgico, con la remoción total del Quiste, siempre acompañado de tratamiento farmacológico con Albendazol. No se recomienda dar albendazol pre-cirugía porque facilita la ruptura del Quiste durante la cirugía, pero es **Obligatorio** después de ella, por al menos 90 días en quistes simples y no complicados. Por mucho más tiempo en siembras hidatídicas. Monitorizar el tratamiento con hemograma y perfil hepático quincenal. **Siempre hacer estudio de la familia y notificar el caso.**

TAMIZAJE DE GESTANTES, PARA ENFERMEDAD DE CHAGAS

Experiencia en el Servicio de Salud Metropolitano Occidente, Santiago de Chile; Entre enero 2017 y septiembre 2020.

Dras. Denegri Marisol y Urarte M. Edurne

Poli Chagas Hospital Félix Bulnes Cerda y Poli Chagas Hospital San Juan de Dios

La enfermedad de Chagas, causada por el protozoo flagelado *Trypanosoma cruzi*, es endémica en 21 países de Latinoamérica, donde existen probablemente alrededor de 8-10 millones de personas infectadas (PAHO 2006; WHO 2012). En Chile, se estima una población de infectados crónicos superior a 120.000 personas. La prevalencia promedio en zona endémica vectorial en nuestro país (Región Arica y Parinacota a la Región de O'Higgins) es de un 1,2%. La mayoría de los afectados, desconocen su condición de "Chagásicos" crónicos o portadores de *T. cruzi*. Durante las últimas décadas, se han implementado en nuestro país medidas de control eficientes para la transmisión de *T. cruzi* transfusional, vectorial y por trasplante de órganos, habiendo quedado parcialmente postergado el control del mecanismo vertical o transplacentario de transmisión, de madre portadora a niño/a in útero. En este contexto y siguiendo lo indicado en la Norma General Técnica, Control y Prevención Nacional de la enfermedad de Chagas MINSAL 2014, se ha considerado como principal estrategia de control el tamizaje de las gestantes en forma progresiva en las diferentes regiones, logrando una cobertura a nivel nacional el 2019 de un 65%. En el Servicio de Salud Metropolitano Occidente de Santiago de Chile inició el tamizaje de gestantes en junio 2016, con técnica de quimioluminiscencia (QL), en los Laboratorios de los Hospitales Dr. Félix Bulnes Cerda y San Juan de Dios. Los casos reactivos son confirmando en el Instituto de Salud Pública de Chile, con 2 o 3 técnicas simultáneas (ELISA, RIFI Y WESTERN BLOT). Sabemos que el tratamiento anti *T. cruzi* es más efectivo, mientras más precoz se administre en relación al momento de la infección. Por lo anterior es prioridad, hacer seguimiento de los recién nacidos (RN)/lactantes hijos de madres infectadas, hasta confirmar o descartar la infección, debido a la mayor posibilidad de cura parasitológica a menor edad. De esta manera evitamos complicaciones y se logra cortar la cadena de transmisión vertical. Soñamos con un país libre de Chagas por lo que es muy importante controlar este último mecanismo de infección, que perpetua la ECH en la población chilena. En la presentación mostraremos cifras a nivel nacional, respecto al tamizaje en gestantes. Presentaremos nuestros resultados, entre enero 2017 a septiembre 2020. Con el tamizaje de las gestantes en el SSMOCC, donde tenemos excelente cobertura. El 55% de las muestras reactivas por QL, fueron confirmadas por el ISPCH. Se detectaron 112 mujeres serológicamente confirmadas para enfermedad de Chagas, lo que corresponde a un 0,26% de las muestras estudiadas. Un dato interesante es el análisis de la nacionalidad de estas mujeres con ECH: el 65% de las pacientes son extranjeras y de ellas principalmente bolivianas inmigrantes (país de alta endemia de ECH). Esta proporción ha ido aumentando con los años, el 90% la nacionalidad alcanzando en el último año un 90%. Estas mujeres son derivadas a Poli Chagas y durante el seguimiento de los hijas/hijos en estudio según protocolo, se ha podido descartar la infección en 28 lactantes, se ha confirmado transmisión vertical en 1 y el resto se mantienen en control periódico con títulos serológicos en descenso y PCR no detectables. El seguimiento se prolonga a veces más de 1 año por diferentes factores como ruralidad, cambio de números de teléfono y domicilio. Es relevante destacar además, la importancia del estudio de sus otros/ras hijas/hijos nacidos antes de realizar la pesquisa obligatoria en embarazadas. Hemos detectado que el 10% de los/as hermanos/as son positivos/as ECH. El estudio de otros familiares permite el diagnóstico de varios casos más dentro del mismo grupo, amplificando de esta forma el diagnóstico de ECH en personas, que son la mayoría asintomáticas.

IMÁGENES EN PARASITOSIS DEL SISTEMA NERVIOSO CENTRAL

Neurocisticercosis e Hidatidosis cerebral y espinal

Dr. Aarón Vidal Téllez

Neurorradiólogo, Servicio de Neurorradiología, Instituto de Neurocirugía Dr. Asenjo.
aaronvidalmd@gmail.com

La neurocisticercosis y la hidatidosis, dos de las enfermedades parasitarias más frecuentes en nuestro medio, representan muchas veces un desafío diagnóstico en donde las neuroimágenes, tanto tomografía computada como resonancia magnética, cumplen un rol fundamental. Ambas entidades, tanto en sus formas cerebral como espinal, presentan una serie de hallazgos y signos imagenológicos característicos que permiten reconocerlas y diferenciarlas de otras patologías.

Las neuroimágenes han permitido además un mejor entendimiento de la fisiopatología de estas enfermedades, reconocer estadios evolutivos diferentes con sus particularidades, identificar posibles complicaciones asociadas, evaluar respuestas terapéuticas y realizar un seguimiento no invasivo de estas entidades.

“II Congreso Chileno de Parasitología” – Presentación Especial

MAGISTER EN PARASITOLOGÍA. FACULTAD DE MEDICINA, UNIVERSIDAD DE CHILE

Inés Zulantay^{1-2*}, Werner Apt¹⁻³, Mauricio Canals¹⁻⁴, Fernando Fredes¹⁻⁴

¹Comité Académico ²Secretaría Académica ³Coordinador ⁴Director

*izulanta@uchile.cl

Con fecha 1° de Agosto del 2019, Decreto Universitario N° 0031813 se aprueba el Reglamento y Plan de Formación del Grado de Magister en Parasitología, impartido por la Escuela de Postgrado, Facultad de Medicina de la Universidad de Chile. El perfil de egreso proyecta un/a graduado/a que cuenta con sólida formación científica en Parasitología, tanto en sus conocimientos teóricos como en sus aplicaciones desde una perspectiva pluralista, colectiva, crítica y ética. Es capaz de analizar y abordar problemas parasitológicos relacionados con protozoos, helmintos y artrópodos, en relación con su ámbito profesional básico y/o clínico; realizar análisis crítico de la información científica avanzada disponible en relación con temas fundamentales de la Parasitología; aplicar el método científico en el estudio de las enfermedades parasitarias acorde a su ámbito profesional y, formular proyectos de investigación en las diferentes áreas de Parasitología. Además, posee las competencias necesarias para conformar equipos multidisciplinarios y asesorar en el enfrentamiento de las infecciones parasitarias. Pueden postular al Programa quienes estén en posesión del Grado Académico de Licenciado/a o Título Profesional, cuyo nivel, contenido y duración de estudios correspondan a una formación equivalente a la del Grado de Licenciado(a) de la Universidad de Chile o Título Profesional en áreas relacionadas (Medicina, Biología, Carreras de la Salud) y, acreditar una formación previa acorde a los fines y exigencias del Programa y debidamente certificada. El Programa está organizado en un régimen de estudios semestral y tiene una duración formal de 4 o 6 semestres con dedicación exclusiva o parcial, respectivamente, incluido el trabajo de Tesis o Actividad Formativa Equivalente a Tesis (AFE). Para obtener el Grado de Magister en Parasitología, el/la estudiante deberá aprobar 96 créditos (CR), cada uno de los cuales equivale a 30 hrs de trabajo semanal. El número mínimo de CR a aprobar en actividades del Plan Lectivo es de 46 CR. La tesis o AFE equivale tendrá 50 CR. El Plan Lectivo está conformado por Cursos Básicos y Avanzados; Seminarios Bibliográficos, Cursos Complementarios y Unidades de Investigación. Aprobadas todas las actividades curriculares establecidas por el Comité Académico para su Plan Lectivo, el /la estudiante podrá optar a realizar una Tesis o AFE, las que deberán aportar respectivamente, a la profundización del conocimiento en un tema específico del conocimiento científico o a la aplicación del conocimiento adquirido en el campo de la Parasitología que busca resolver un tema con originalidad. El cuerpo académico del Programa está constituido por el Claustro Académico, Profesores Colaboradores y Profesores Invitados (nacionales y extranjeros). Nuestra primera estudiante (cohorte 2020), es la TM *Daniela Liempi C*, docente del Instituto de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile, quien se encuentra pronta a completar su año lectivo. De acuerdo a: la misión de la Universidad de Chile el Magister en Parasitología contribuirá, “*con vocación de excelencia a la formación de personas y al desarrollo espiritual y material de la nación*”, a los Objetivos Estratégicos de la Facultad de Medicina, formará, “*profesionales pertinentes a las necesidades de salud del país, con capacidad de análisis crítico de la realidad y centrada en las personas*” y, contribuirá a suplir una deficiencia crítica en la formación de capital humano con las competencias necesarias para enfrentar los desafíos actuales y futuros de la Parasitología en la docencia, la investigación, extensión, control y prevención de las parasitosis, bajo el enfoque Una Salud (ONE HEALTH).

Plataforma de postulación 2021

<https://www.medichi.uchile.cl/component/content/article/96-programas-2021/programas-de-magister/725-magister-en-parasitologia?Itemid=101>

“II Congreso Chileno de Parasitología” – Trabajos de Ingreso

ÁCAROS TROMBICÚLIDOS COMO VECTORES DE PATÓGENOS

Silva-de la Fuente María Carolina

Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

Las larvas de la familia Trombiculidae (Acari: Trombidiformes), son reconocidos ectoparásitos de una gran diversidad de vertebrados terrestres. Sus mordeduras en animales y humanos causan reacciones alérgicas en la piel, conocidas como trombidiasis. Además, este grupo de ácaros ha sido sindicado como posibles vectores de *Borrelia* sp., *Bartonella* sp. y Hanta virus, y como vectores biológicos de *Orientia* spp., una bacteria predominante en la región Asia-Pacífica, causante de la fiebre de los matorrales y cuyos

vectores son principalmente trombicúlidos del género *Leptotrombidum*. En Chile el primer caso de fiebre de los matorrales ocurrió el año 2006 en la isla de Chiloé y desde esa fecha más de 50 casos clínicos han sido registrados (incluido Chile continental). Todavía el o los vectores de *Orientia* en Chile son desconocidos, probablemente producto del escaso conocimiento de las especies de trombicúlidos en nuestro país (16 géneros y 25 especies). Recientemente se han registrado en la isla de Chiloé la presencia de tres géneros de trombicúlidos asociados a roedores, *Herpetacarus*, *Quadrasetta* y *Paratrombicula*, encontrando en *Herpetacarus* ADN de *Orientia*, por lo que se hipotetiza que este género podría ser uno de los vectores de *Orientia* en dicha zona. Para incrementar el conocimiento de los vectores de *Orientia* en sitios con casos de fiebre de los matorrales, en febrero y marzo de 2020 se visitaron sitios en Cochamó, Chiloé y Caleta Tortel. Mediante trampas Sherman se capturaron 140 roedores de cinco especies. De estas capturas se obtuvo un total de 9.816 ácaros, resultando la localidad de Caleta Tortel con la mayor abundancia de ácaros (8.186) y con una prevalencia de 100%. Se identificaron seis especies de ácaros, (1) Cochamó: *Herpetacarus* sp. nov., *Paratrombicula* sp., sp.3 (posible nuevo género y especie), *Quadrasetta* sp. nov., (2) Chiloé: *Herpetacarus* sp. nov., *Quadrasetta* sp. nov. y *Paratrombicula goffi* y (3) Caleta Tortel: *Herpetacarus antarctica*. Adicionalmente, una investigadora resultó con trombidiasis y fiebre de los matorrales. Futuros análisis moleculares de los trombicúlidos recolectados nos permitirá identificar qué especies de trombicúlidos son los responsables de la transmisión de *Orientia* en estos sitios.

Financiamiento Proyectos: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo de Chile (ANID) a través del Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico FONDECYT POSTDOCTORADO 3200416y FONDECYT 1170810.

DIAGNÓSTICO DE *Sarcocystis* sp. EN CANALES DE BOVINOS DE PLANTAS FAENADORAS DEL SUR DE CHILE

Pamela Muñoz Alvarado

Universidad Austral de Chile, Facultad de Ciencias Veterinarias, Instituto de Patología Animal.
pamela.muñoz@uach.cl

Sarcocystis sp. es un parásito intracelular que afecta a diversas especies de producción, generando pérdidas económicas asociadas a decomisos en mataderos. Los bovinos han sido descritos como hospederos intermediarios de diferentes *Sarcocystis* como *S. cruzi*, *S. hirsuta* y *S. hominis*, los cuales generan microquistes, siendo usualmente indetectables en las inspecciones rutinarias en matadero. En este caso los hospederos definitivos se describen a caninos, felinos y primates/humanos, por lo que la aparición de macroquistes en musculatura de canales bovinas genera una interrogante respecto al género y especie parasitaria que pueda estar presente en éstas. Por lo anterior, el objetivo del estudio fue determinar mediante pruebas macroscópicas, microscópicas y moleculares el género y especie correspondiente a *Sarcocystis* que pueda estar generando macroquistes en canales bovinas de plantas faenadoras de sur de Chile. El estudio se realizó en el Laboratorio de Parasitología Veterinaria de la Universidad Austral de Chile entre septiembre de 2018 y mayo 2019. Veintitrés muestras de tejidos musculares con macroquistes sospechosos de *Sarcocystis* sp. fueron examinadas macroscópicamente y microscópicamente. Las muestras para el análisis microscópico fueron sometidas a digestión enzimática para lograr la disolución del macroquiste y obtener bradizoitos, los cuales fueron centrifugados y sedimentados para luego ser teñidos con Giemsa. Además, se realizó la extracción de ADN de las muestras positivas al análisis macroscópico, utilizando el kit Wizard® Genomic DNA Purification de Promega. Para la amplificación del gen 18s rRNA se utilizaron partidores género específico de *Sarcocystis* sp. 2L-Forward 5'-GGATAAACCGTGGTAATTCTATG-3' y 3H-Reverse 3'-GGCAAATGCTTTCGCAGTAG-5' con un amplicón esperable de 915 pb. Finalmente, las muestras fueron enviadas a secuenciación para su análisis final. Macroscópicamente se identificaron quistes con una longitud promedio de 4,03 mm en cuyo interior se conservaran estructuras en forma de media luna con medidas de 18,23 ± 4,17 µm compatibles con bradizoitos de la especie *Sarcocystis hirsuta* según Bottner et al (1987). Teniendo en consideración los análisis de los resultados macroscópicos y microscópicos, se realizó análisis molecular en 19 muestras, de las cuales 16 resultaron positivas a la amplificación de un producto de PCR de 915 pb lo que confirma la presencia del protozoo *Sarcocystis* en tejido bovino. La secuenciación de los productos de PCR, al ser analizada con el sistema BLAST® del NCBI, determinó con una coincidencia del 99,86% la presencia de *Sarcocystis hirsuta* (código KT901164.1 del Gen Bank) como causante de decomiso de canales en bovinos de plantas faenadoras del sur de Chile. Finalmente, considerando estos resultados, se sugiere ahondar en estudios respecto al hospedero definitivo evaluando el control de gatos dentro de los sistemas productivos, evaluar a felinos silvestres en la diseminación del parásito, generar nuevos criterios de decomiso para la Norma General Técnica n°62 y evaluar la viabilidad de los quistes en musculatura mediante tratamiento térmico.

CARACTERIZACIÓN DEL CICLO DE *Echinococcus granulosus* sensu stricto EN ÁREAS RURALES DE LA ARAUCANÍA MEDIANTE ANÁLISIS MOLECULAR

Hidalgo Alejandro¹

¹Laboratorio de Inmunoparasitología Molecular, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional CEMT, Departamento de Ciencias Preclínicas, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.

Echinococcus granulosus sensu stricto (s.s.) produce la Equinococcosis Quística, una zoonosis de distribución mundial transmitida por los perros, altamente endémica en Chile y que produce pérdidas considerables en explotaciones ganaderas y graves efectos en la salud humana. La región de La Araucanía es una de las más afectadas, debido a las condiciones favorables para el ciclo del parásito. El objetivo de este estudio fue determinar la diversidad genética de *E. granulosus* s.s. mediante el análisis de marcadores moleculares en elementos infectantes de animales provenientes de la Región de La Araucanía. En 105 quistes hidatídicos recolectados de diferentes especies animales en la región, se amplificó por PCR un fragmento del gen *cox1* para secuenciación de cada muestra. Alternativamente, se montó una técnica de Inter-microsatélites (ISSR), para análisis de variabilidad intraespecífica de *E. granulosus* s.s. Las secuencias y patrones ISSR fueron analizados mediante algoritmos de reconstrucción filogenética. Finalmente mediante una técnica de PCR-RFLP se analizaron muestras fecales de perros recolectadas en predios rurales de las comunas de Lonquimay (L) y Padre Las Casas (PLC). De los quistes recolectados, 89,5% (94/105) fueron de bovinos, 8,6% (9/105) de ovinos y 1,9% (2/105) de cerdos. La amplificación y secuenciación del *cox-1* fue posible en 90 quistes (85,7%). El genotipo más prevalente fue G1 con 3 haplotipos y G3 fue identificado en 2 muestras. La distancia génica por ISSR entre los aislamientos fue baja (<0,1). Respecto a los perros infectados, se detectaron 2 muestras positivas en PLC (1,9%; n=105) y 1 de 150 (0,7%) en L. Se identificaron 2 haplotipos de G1 en las muestras de perros. En conclusión, *E. granulosus* G1 fue el genotipo más prevalente, presentando haplotipos. La distancia génica ISSR de los aislamientos fue baja y la prevalencia del parásito en perros de ambas comunas fue baja comparada con datos reportados.

APORTES DE LA ECOTOMOGRAFÍA Y RESONANCIA MAGNÉTICA AL ESTUDIO DE PARASITOSIS DE PARTES BLANDAS.

Liempi Daniela^{1,2}, Canals Mauricio³, Zulantay I⁴.

¹Programa Magíster en Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ²Instituto de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Austral de Chile. ³Programa de Salud Ambiental, Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ⁴Programa de Biología Celular y Molecular ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Las infecciones de tejidos blandos o sistema musculoesquelético producidas por parásitos, se encuentran mayormente en áreas tropicales, sin embargo, existen reportes en diferentes países a nivel mundial. Los parásitos que pueden invadir tejidos blandos del ser humano ocasionan daños de magnitud variable y muchas veces, pueden confundirse con inflamaciones no infecciosas o imitar neoplasias malignas. El objetivo de esta revisión es generar información de utilidad para profesionales de la salud que se desempeñan en el área de imagenología y física médica, y que podrían encontrarse con este tipo de parasitosis en los procesos de examen. Se realizó una revisión sistemática del diagnóstico por imagen en parasitosis de partes blandas, utilizando los buscadores PubMed, Embase, Web of Science y CNKI. Debido a la escasa información, se consideraron todos los artículos dedicados a los hallazgos ecotomográficos y de Resonancia magnética (RM) en el diagnóstico de parasitosis de partes blandas y musculoesqueléticas. La Ecotomografía y la RM pueden jugar un rol fundamental en el diagnóstico de parásitos ubicados en tejidos blandos, como en casos de *Dirofilariasis*, *Larva migrans*, *Filariasis*, *Cisticercosis*, *Hidatidosis*, entre otras. Además, son técnicas no invasivas que pueden describir ciertos patrones de infección de tejidos blandos, proporcionando pruebas objetivas respecto al número, topografía y estadio de evolución de las lesiones. Concluimos, que los parásitos de partes blandas deben considerarse en el diagnóstico diferencial de quistes óseos o tumores de tejidos blandos. El diagnóstico de este tipo de infecciones se puede realizar y/o complementar con procedimientos de imagenología, permitiendo confirmar o descartar diversas hipótesis diagnósticas. Debido a las crecientes tendencias migratorias en la población, es relevante considerar el uso de estas técnicas por imagen para el diagnóstico correcto y oportuno de este tipo de infecciones, evitando retrasos en el tratamiento.

RESERVORIOS ANIMALES DE SARS-COV-2

Rojo Gemma

Instituto de Ciencias Agroalimentarias, Animales y Ambientales (ICA3), Universidad de O'Higgins,
San Fernando, Chile. gemma.rojo@uoh.cl

El virus SARS-CoV-2 causante de COVID-19, demuestra la importancia de las enfermedades infecciosas presentes en fauna silvestre para entender los riesgos potenciales que éstas pueden tener para la salud humana. Las dinámicas de la interfaz humano-animal y su relevancia para la transmisión de enfermedades es un punto crítico para muchas zoonosis emergentes, más aún si se estima que el 70% de los patógenos nuevos y reemergentes proceden de animales. Desde los primeros casos en Wuhan, la OMS busca información sobre cómo este virus pasó de los animales a los seres humanos. *Primero se trató de identificar al reservorio animal, apuntando como el origen más aceptado, a los murciélagos de herradura (rinolófidis). Luego, detectar la existencia de hospederos intermediarios, donde el pangolín se plantea sin confirmación como ese eslabón perdido.* Determinar los orígenes de virus que pasan de animales a humanos puede tardar mucho, incluso años. Por otra parte, la susceptibilidad a la infección por SARS-CoV-2 que presentan las diversas especies es fundamental en la comprensión de la epidemiología de la enfermedad. Investigadores aseguran que la conservación de una secuencia de aminoácidos importantes para la unión de ACE2 y la proteína Spike SARS-CoV-2 sería lo que determina la sensibilidad a la entrada del virus en las células hospederas. Actualmente se han demostrado como susceptibles a esta infección, especies como el gato doméstico, tigres, leones, hurones, visones, murciélagos frugívoros, hámster dorados y perros. En Chile, nos encontramos trabajando en detectar la posible infección natural de SARS-CoV-2 en especies silvestres de carnívoros de las familias de félidos, canidos y mustélidos. Incluyendo algunas especies del orden quiróptera. Las determinaciones se realizarán a partir de muestras tomadas en zoológicos, centros de rehabilitación y en vida silvestre. Se realizará el diagnóstico molecular para SARS-CoV-2 a través de técnicas de secuenciación de ARN e inmunoensayos. Si una especie en Chile resultara apta como reservorio, se alcanza una condición para que el virus pueda establecerse de manera definitiva en el territorio, con el consiguiente riesgo para la población humana e incluso riesgos a la biodiversidad.

Financiamiento Proyectos: FONDECYT Postdoctoral 3180707, COVID 0728

ADVENTIAL LAYER OF *Echinococcus granulosus* cysts AND CO-INFECTION WITH *Fasciola hepatica*: WHAT WE KNOW SO FAR

**Hidalgo Christian^{1,2}, Stoare Carol¹, Corrêa Felipe^{1,3}, Jiménez Mauricio^{1,4}, Hernández Marcela⁵,
Paredes Rodolfo¹**

¹ Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile, ² Instituto de Ciencias Agroalimentarias, Animales y Ambientales (ICA3), Universidad de O'Higgins, San Fernando, Chile, ³ Department of Companion Animal Clinical Studies, Faculty of Veterinary Science, University of Pretoria, Pretoria, Sudáfrica, ⁴ Laboratorio de Biotecnología, LIMOR de Colombia S.A.S, Bogotá, Colombia, ⁵ Laboratorio de Biología Periodontal and Departamento de Patología y Medicina Oral, Facultad de Odontología, Universidad de Chile, Santiago, Chile

El poliparasitismo, definido como la infección con dos o más especies de parásitos en un mismo hospedero, es un hecho frecuente pero poco documentado. En bovinos, es común encontrar reportes por infecciones naturales con *Echinococcus granulosus* y *Fasciola hepatica*, sin embargo, los efectos que tiene la infección simultánea de ambos parásitos no han sido estudiados en profundidad. En Chile, el 50% de los bovinos infectados con *E. granulosus* presentan co-infección con *F. hepatica*. Al existir co-infección con *F. hepatica*, se presenta una menor intensidad de infección de equinococosis quística, se incrementa la frecuencia de quistes en pulmón, además de ser más pequeños. La capa adventicia, que representa la respuesta inmune local del hospedero contra *E. granulosus*, se caracteriza por la presencia de una cápsula fibrosa en quistes fértiles y por un infiltrado inflamatorio granulomatoso en quistes no fértiles, compuesto por macrófagos en empalizada, folículos linfoides, desorganización de la capa laminar y presencia de eosinófilos. La co-infección con *F. hepatica*, en quistes fértiles se asocia a una menor presencia de IL-4, mientras que en quistes no fértiles se asocia a mayores niveles de IFN- γ y TNF- α . Respecto a los componentes de la capa adventicia, la presencia de *F. hepatica* se asocia a una menor presencia de macrófagos en empalizada y folículos linfoides y no se han encontrado quistes fértiles en hígado infectados con *F. hepatica*. En conclusión, la presencia de *F. hepatica* estaría asociada a respuestas inmunes Th1 en quistes no fértiles, modificando su tropismo y supervivencia en del hospedero.

Financiamiento Proyectos: FONDECYT 1190817.

PREVALENCIA E IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE ESPECIES ZOONÓTICAS DE *Anisakis* Y *Pseudoterranova* EN PECES DESTINADOS A CONSUMO HUMANO EN CHILE
Muñoz Caro, Tamara¹; Machuca, Alvaro¹; Morales, Pamela¹; Rutaihua, Liliana²; Poppert, Sven²;
Taubert, Anja³; Hermosilla, Carlos³

¹Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria y Recursos Naturales, Universidad Santo Tomás, Chile, ²Swiss Tropical and Public Health Institute, Basel, Switzerland, ³Institute of Parasitology, Justus Liebig University Giessen, Giessen, Germany.

Los parásitos anisákidos (Anisakidae) con potencial zoonótico se encuentran en variadas especies de peces en todo el mundo y representan un riesgo para la salud pública ya que pueden causar enfermedad transmitida por los alimentos (ETA) en humanos por ingestión accidental de larvas L3 en peces parasitados. En el presente estudio, 180 ejemplares de peces de diferentes especies: merluza común (*Merluccius gayi*), sierra (*Thyrstites atun*) y reineta (*Brama australis*) fueron adquiridos frescos en la costa centro-sur de Chile. Se realizó inspección parasitológica en musculatura y dentro de la cavidad abdominal para la posterior extracción y cuantificación de larvas anisákidas. Se estimó prevalencia de infección por larvas anisákidas resultando ser esta del 100% en merluza común y sierra respectivamente. En menor magnitud, la reineta alcanzó una prevalencia del 35% de los peces parasitados. También se analizó la prevalencia de larvas anisákidas en músculo mostrando valores de 18,3%, 15% y 1,67% en merluza común, sierra y reineta respectivamente. Mientras tanto, la prevalencia de larvas anisákidas en en órganos internos en estudio mostró valores más altos en peritoneo (100% y 23,33%) en sierra y reineta respectivamente y en hígado (98,33%) en merluza común. Finalmente, mediante la realización de análisis moleculares, se demuestra la presencia de tres parásitos Anisakidae zoonóticos: *Pseudoterranova cattani* en merluza común y sierra, siendo el primer reporte molecular en sierra de la zona centro-sur de Chile. Además, se detectó *Anisakis simplex* en merluza común y *Anisakis pegreffii* en tres especies de peces aquí investigadas siendo el primer informe molecular indicando presencia de *Anisakis pegreffii* en esta área del país. Concluimos que estos datos son relevantes tanto para aspectos epidemiológicos como de salud pública considerando el riesgo potencial para la población chilena debido a sus preferencias culinarias en el consumo de pescado crudo.

“II Congreso Chileno de Parasitología” – Presentaciones Trabajos Libres

A: EPIDEMIOLOGIA, PARASITOLOGÍA CLÍNICA Y BIOLOGÍA DE PARASITOS

A1. EVOLUCIÓN Y DISTRIBUCIÓN DEL RIESGO DE ENFERMEDAD DE CHAGAS EN CHILE ENTRE 1989 Y 2017. *Mauricio Canals¹, Andrea Canals², Salvador Ayala³, Jorge Valdebenito⁴, Sergio Alvarado^{2,5}, Dante Cáceres^{1,5}.*

¹Programa de Salud Ambiental, Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile. ²Programa de Bioestadística, Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile. ³Instituto de Salud Pública de Chile. Santiago, Chile. ⁴Ministerio de Salud, Santiago, Chile. ⁵Universidad de Tarapacá, Arica, Chile. (Publicado en Parasitología Latinoamericana Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

A2. CONTRIBUCIÓN DE FACTORES AMBIENTALES, VARIABLES SOCIODEMOGRÁFICA Y URBANIZACIÓN A LA MORTALIDAD POR Echinococcosis quística HUMANA EN CHILE (2001-2011).

Paulina Martínez^{1,2}, Mauricio Canals³, Sergio Alvarado^{3,4}, Dante D. Cáceres Lillo^{3,4}

¹Universidad Diego Portales, Santiago, Chile. ²Universidad de Santiago de Chile, Facultad de Ciencias Médicas. ³Universidad de Chile, Facultad de Medicina, Instituto de Salud Poblacional ESP, Programa de Salud Ambiental. ⁴Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad de Tarapacá, Arica-Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

A3. DISTRIBUCIÓN Y FACTORES DE RIESGO DE ECHINOCOCCOSIS QUÍSTICA EN LA REGIÓN DEL LIBERTADOR BERNARDO O’HIGGINS ENTRE 2010 Y 2016.

Nicolás Medina¹, Nicole Riquelme¹, José Rodríguez², Oscar Aguirre², Salvador Ayala³ y Mauricio Canals⁴.

¹Facultad de Cs Veterinarias & Pecuarias Universidad de Chile. ²Seremi Región del Libertador Bernardo O’Higgins. ³Instituto de Salud Pública. ⁴Programa de Salud Ambiental, Escuela de Salud Pública & Departamento de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

A4. 18 CASOS NUEVOS DE INFECCIÓN HUMANA POR *Dibothriocephalus latus* (SYN. *Diphyllobothrium latum*), CHILE.

Mercado Rubén¹, Ramírez Cristián², Peña Sebastián¹, Urarte Edurne¹, Denegri Marisol¹ y Tassara Renzo¹.

¹Unidad Docente de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile,

²Tecnología Médica, Facultad de Ciencias, Universidad Mayor, Santiago, Chile.

rubenmercado@uchile.cl

Durante enero de 2018 a agosto de 2019, 18 especímenes de gusanos planos fueron derivados a los laboratorios de Parasitología de la Universidad Mayor (n= 6) y de la Universidad de Chile (n=12) en Santiago, Chile para su identificación morfológica y molecular en el laboratorio de la Unidad Docente de Parasitología de la Facultad de Medicina de la Universidad de Chile. Los pacientes infectados procedían de la ciudad de Santiago, en dos casos se cuenta con antecedentes epidemiológicos y de tratamiento. Las muestras de gusanos fueron preservadas en etanol al 70% y fueron mantenidas a temperatura ambiente hasta su procesamiento. Los especímenes consistían en trozos de estróbila de color blanco compuestos por varias proglótidas reconocibles por presentar una roseta oscura central. Se examinó microscópicamente el contenido de cada proglótida observándose huevos ovalados y operculados característicos que medían (en micrones) 67,8 +/- 1,8 de largo por 48,1 +/- 1,0 de ancho, identificándose todos como *Dibothriocephalus* sp. La determinación de la especie del parásito se efectuó mediante PCR multiplex que amplifica un fragmento del gen *COXI* (Wicht et al, 2010) y que genera amplicones de 437 pb para *D. latus*, 727 pb para *Adenocephalus pacificus* (syn. *D. pacificum*), 318 pb para *D. dendriticum* y 1232 pb para *D. nihonkaensis*. Los 18 especímenes fueron PCR positivos para el fragmento de aproximadamente 437 pb. Un amplicon denominado DL4 del espécimen 4 fue clonado y secuenciado. El alineamiento de la secuencia generada mediante BLAST resultó con 99% de identidad e E-value de 0,0 con secuencias de *D. latus* de GenBank del NCBI, EEUU.

D. latus (syn. *D. latum*) sería el principal cestodo causante de infecciones humanas de las tres especies de estos helmintos descritas para Chile. Todos los pacientes fueron parasitados por un solo ejemplar. No se constató la existencia de anemia megaloblástica asociada a estas infecciones en este grupo de pacientes, aunque esta patología si ha sido descrita en Chile (Donoso-Scroppo et al, 1986). Los casos de dibothriocephalosis en Chile continúan aumentando sugiriendo un patrón de re-emergencia de esta cestodiasis en las regiones endémicas del país.

A5. TENIASIS POR *Taenia saginata* en un paciente VIH inmigrante. IDENTIFICACION MOLECULAR DEL PARASITO MEDIANTE PCR MULTIPLEX.

Peña Sebastián¹, Urarte Edurne¹, Denegri Marisol¹, Tassara Renzo¹ y Mercado Rubén¹.

¹Unidad Docente de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile.

sebastianpena@gmail.com

Teniasis-Cisticercosis es un binomio de las enfermedades helmínticas zoonóticas endémico de Chile. En enero de 2019 un paciente inmigrante procedente de Bolivia, VIH positivo, concurre al policlínico de parasitología del Hospital San Juan de Dios de Santiago, Chile. Consultó por la eliminación de estructuras parasitarias de características compatibles con *Taenia* sp. siendo confirmadas en el laboratorio de la Unidad Docente de Parasitología de la Universidad de Chile. Posterior al tratamiento con Praziquantel se le pide al paciente que recolecte todo el gusano que expulse y lo derive a nuestro laboratorio para su identificación morfológica y molecular. El gusano fue mantenido a temperatura ambiente y preservado en etanol 70%. Se observó una estróbila de color blanco, conformada por proglótidas más largas que anchas y la presencia de un poro genital lateral, sin presencia de escólex y con gran cantidad de huevos de *Taenia* sp. Para realizar un diagnóstico específico molecular, se extrajo DNA de un trozo de no más de 1cm de una proglótida, para realizar una PCR múltiple basado en las secuencias de genes de RNA de transferencia de Valina y la subunidad 2 de la NADH deshidrogenasa (Jeon et al, 2009). La PCR múltiple genera productos de PCR de 629 y 474 pares de base (pb) para *T. saginata* y *T. solium* respectivamente. De la PCR se obtuvo un amplicón de 629 pb, el cual se derivó al servicio externo de secuenciamiento para obtener secuencias en ambas hebras. El contig resultante se alineó en la base de datos nucleótidos (nt) del NCBI mediante la herramienta en línea BLAST. El resultado obtenido fue de un 99,68% de identidad con secuencias de *T. saginata* con un E-value de 0,0.

Estos resultados confirman por primera vez en Chile la presencia de *T. saginata* a través de un método molecular. La importancia del diagnóstico molecular de casos de *Taenia* sp. radica en su apoyo diagnóstico tanto para el laboratorio clínico como también para el médico tratante para descartar casos concomitantes de neurocisticercosis.

A6. MIASIS CUTÁNEA FURUNCULOIDE POR DERMATOBIA HOMINIS. REPORTE DE UN CASO EN CHILE.

Calderón Pablo¹, Flores Carlos², Rodríguez Constanza¹, León Yanina¹, Peña Romina¹.

¹Facultad de Ciencias, Universidad Mayor. ²Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Pedro de Valdivia. pablo.calderon@mayor.cl

Dermatobia hominis, díptero de la familia *Oestridae* se encuentra distribuida ampliamente desde el sur de México hasta zonas tropicales de Sudamérica. En su estado adulto, la mosca mide de 12-16 mm de largo, su tórax es pardo, abdomen azul metálico y posee pinzas bucales atrofiadas. Debido a que la hembra no es hematófaga es indispensable que durante la oviposición capture artrópodos hematófagos, sobre los cuales deposita huevos en las caras infero-laterales del abdomen, emergiendo pequeñas larvas; en el momento que estos mosquitos están picando para alimentarse, las cuales son estimuladas por la temperatura de la superficie cutánea para ingresar al orificio de la picadura, en donde se alimenta, evoluciona, crece y muda 2 veces permaneciendo alrededor de 7 semanas en el hospedero. La miasis por *D. hominis* afecta principalmente a ganado bovino, aves y accidentalmente al ser humano. En Chile, los reportes son escasos y esporádicos relacionados principalmente a viajeros provenientes de zonas tropicales. El siguiente caso reporta a hombre, chileno de 26 años, que viaja por turismo a Ecuador durante tres semanas en el mes de marzo (2019). En Guayaquil, 5 días antes de volver a Chile, sufre una picada de insecto en la región dorsal derecha del tronco, sin darle mayor importancia. Dos días después del regreso a Chile, la lesión muestra signos de infección, comienza a supurar y manifiesta linfadenopatía axilar derecha, se le administran antibióticos orales. A 4 días de haber iniciado el tratamiento, la lesión se vuelve furunculosa, por lo que se sugiere el drenaje. Al presionar la lesión es posible observar una larva saliendo por el orificio de inoculación, que es extraída mediante tracción, logrando la sustracción completa de esta. Basado en una examinación macroscópica de la larva, es posible identificar a *D. hominis* en su segundo estadio larvario. El parásito *D. hominis* por lo general no se encuentra en países de clima templado como Chile, pero si son endémicos en la mayoría de los países de Sudamérica. Creemos que este reporte no es infrecuente, sin embargo, subnotificado y subdiagnosticado principalmente por falta de conocimiento de los viajeros al no asistir a centros de salud.

A7. ESTUDIO RETROSPECTIVO DE BROTE FAMILIAR DE TRIQUINOSIS

Báez Fernando¹, Muñoz Judith².

¹Tecnólogo Médico. Epidemiólogo. Secretaria Regional Ministerial de Salud de La Araucanía.

²Tecnólogo Médico. Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena, Temuco.

Introducción: La triquinosis es una enfermedad causada por el nematodo *Trichinella spiralis*. La distribución es mundial y su incidencia variable; en Chile los casos se concentran entre las regiones de Valparaíso y Aysén, presentándose brotes localizados. Se adquiere por ingestión de carne cruda o mal cocida principalmente de cerdo y sus derivados. En el epitelio de la mucosa del intestino delgado, las larvas se transforman en vermes adultos, las hembras grávidas producen larvas que penetran en los vasos linfáticos y vénulas y se diseminan por el torrente sanguíneo, emigrando a los músculos estriados, donde se encapsulan. **Objetivo:** Caracterizar un brote familiar de triquinosis ocurrido en Lumaco en noviembre de 2017. **Material y Método:** El estudio es observacional, descriptivo y reporte retrospectivo de casos. Se realiza en grupo familiar expuesto a consumo de carne de cerdo con *Trichinella spiralis*, mediante entrevistas epidemiológicas y visitas domiciliarias. Se analizaron trozos de carne sospechosa por triquinoscopia. Se tomaron muestras serológicas en expuestos, las que se analizaron en el ISP. Se revisaron los antecedentes clínicos. Los datos se tabularon en formulario de EpiInfo 7,2 y Excel. **Resultados:** Grupo familiar de 17 personas se reúne el 16 de sept. en casa de sus padres en Lumaco, faenan un cerdo adulto, haciendo distintas preparaciones de carne a la cacerola, parrilla y jamón pierna, los que son repartidos entre las familias y consumidos entre el 16 de sept. y 30 de oct. El 15 de nov. se toma conocimiento por Hospital de Traiguén de sospecha de triquinosis en paciente de 51 años, de Lumaco, hospitalizada, posteriormente confirmada y dada de alta. La investigación epidemiológica arroja a 21 expuestos entre 2 a 86 años de Lumaco, Padre Las Casas y Temuco. Un total de 7 casos confirmados, 6 por laboratorio y 1 por nexo, entre 12 y 51 años. 5 residentes en Lumaco, 1 en Padre Las Casas y 1 en Temuco. 1 hospitalizada, sin fallecidos, tasa de ataque 33,3%. **Conclusiones:** Los brotes de triquinosis continúan siendo un problema de salud pública, que no se puede desatender. Se deben reforzar las vigilancias. La educación sobre medidas preventivas en la comunidad es clave para evitar contagios de personas o animales.

A8. PARASITOSIS INTESTINALES Y CALPROTECTINA FECAL EN PACIENTES CON ESPONDILOARTRITIS

Morales L¹, León-Falla M^{1,2}, Chaparro-Olaya J¹, Cortés F³, Hernández P¹, De Avila J², Bautista W^{2,4}, Beltrán-Ostos A⁵, Acero D², Bello-Gualtero J⁴, Pacheco C⁶, Chila-Moreno L², Romero-Sánchez C^{2,4}

¹Laboratorio de Parasitología Molecular. ²Grupo de Inmunología Celular y Molecular. ³Vicerrectoría de Investigaciones. Universidad El Bosque. ⁴Grupo de Inmunología Clínica Aplicada. Universidad Militar Nueva Granada. Bogotá, Colombia ⁵Unidad de Investigación Científica. Hospital Militar Central. Bogotá, Colombia ⁶Investigación y Biomedicina De Chihuahua. Chihuahua, México.

Introducción. Las Espondiloartritis (EspA) son enfermedades reumáticas autoinflamatorias. En los pacientes-EspA son frecuentes los síntomas gastrointestinales, cuyo estudio se ha enfocado en la microbiota intestinal bacteriana. Objetivo. Evaluar la frecuencia de parásitos intestinales en pacientes EspA y su asociación con los niveles de calprotectina fecal. Materiales y métodos. Estudio observacional, analítico, de corte transversal que incluyó 51 individuos-EspA y un grupo control de 50 individuos. Se recolectaron muestras de materia fecal para cuantificar calprotectina y hacer diagnóstico de parasitosis por microscopía, PCR y qPCR. Resultados. En pacientes-EspA, la mediana de la concentración de calprotectina (ng/ml) fue 53,9 y en los controles 44,6 (p=0,0082). Los síntomas gastrointestinales más frecuentes fueron dolor abdominal (66,7%), distensión abdominal (64,7%) y diarrea (49,0%). La frecuencia de Endolimax nana fue del 100% en pacientes y controles, seguida por Blastocystis spp (66,67 % y 76,47 %; p = 0,2724), Entamoeba coli (9,80% y 13,73%; p=0,5388) y Entamoeba histolytica (7,84% y 3,92%; p=0,4000). En pacientes-EspA con mono infección por E. nana, la mediana de la calprotectina fue 78,3, mientras que en pacientes-EspA con infección simultánea E. nana Blastocystis spp, fue de 57,06 (p=0,00366). En contraste, en individuos control estas medianas fueron 44 y 43,75, respectivamente (p=0,3684). Conclusiones. No hubo diferencia en la frecuencia de parasitosis intestinales entre pacientes-EspA y sujetos control. Los niveles de calprotectina fecal fueron superiores en pacientes-EspA, pero disminuyeron significativamente en este grupo (no así en el grupo control) en presencia de Blastocystis spp.

COLCIENCIAS-130877757442. Universidad El Bosque-PCI-2018-10091. Hospital Militar Central 2017-023.

A9. IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS DE Blastocystis spp. EN PACIENTES DIAGNOSTICADOS CON ESPONDILOARTRITIS Y EN SUJETOS CONTROL

Hernández Paula¹, León Moisés^{1,2}, Morales Liliana¹, Chaparro-Olaya Jacqueline¹, Romero Consuelo²

¹Laboratorio de Parasitología Molecular, Universidad El Bosque, Bogotá, Colombia. ²Grupo de Inmunología Celular y Molecular (INMUBO), Universidad El Bosque. Grupo de Inmunología Clínica. Hospital Militar Central, Bogotá, Colombia.

Las espondiloartritis (EspA) son un grupo de enfermedades autoinflamatorias en las que la inflamación y la disbiosis intestinales (incluidos parásitos, bacterias y hongos) son factores comunes y aparentemente asociados con la fisiopatología de estos desordenes. Este estudio incluyó un grupo de 74 individuos-EspA y un grupo control de 61 individuos, a quienes se hizo diagnóstico de parasitosis intestinales. El rastreo mostró que Blastocystis spp. fue el organismo más frecuente al presentarse en 62 % de los individuos EspA y 72 % de los individuos control. De las muestras fecales positivas para Blastocystis spp. se tomaron 17 de pacientes-EspA y 23 de sujetos control, y de ellas se extrajo DNA total usando un kit comercial. A continuación se realizó una PCR anidada para el gen 18S rRNA y los productos de amplificación se enviaron a secuenciación. Los cromatogramas obtenidos se editaron y analizaron por medio del programa MEGA X y se hicieron inferencias filogenéticas en el mismo programa. En los pacientes-EspA se encontraron frecuencias similares de los subtipos ST1, ST2 y ST3 de Blastocystis spp. (≈30% cada uno), mientras que en los sujetos control se encontraron los mismos subtipos, pero con el subtipo ST3 en casi 60% de las muestras analizadas. Adicionalmente, se halló sólo una muestra de cada grupo con el subtipo ST6. Según el análisis filogenético, el subtipo ST1 fue el que mostró más variación intrasubtipo. En conclusión, no se encontraron diferencias en los subtipos de Blastocystis spp. hallados en los pacientes-EspA, comparados con los controles. Es pertinente hacer estudios conducentes a evaluar la variabilidad intrasubtipo y sus posibles implicaciones clínicas y epidemiológicas.

Financiación: COLCIENCIAS, Proyecto 130877757442. Universidad El Bosque, Proyecto PCI2018-10091. Hospital Militar Central, Proyecto 2017-023.

A10. ESTUDIO DE CONTACTOS FAMILIARES DE GESTANTES (+) A ENFERMEDAD DE CHAGAS, EN CONTROL DE 2017 A 2020 EN LOS POLI DE CHAGAS DE LOS HOSPITALES DR. FELIX BULNES CERDA Y SAN JUAN DE DIOS, DEL SERVICIO DE SALUD METROPOLITANO OCCIDENTE, SANTIAGO DE, CHILE

Denegri, Marisol^{1,3}; Urarte, Edurne¹; Barrueto, Rocío²; Márquez, Francisca²; Castro, Javiera²; Lazo, Antonia²; Carvajal, Belén²; Moreno, Constanza²; del Pino, Joaquín²; Tassara, Renzo¹; Mercado, Rubén¹; Peña, Sebastián¹

¹Académicos/as, Unidad Docente de Parasitología, Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil, Facultad de Medicina Occidente, Universidad de Chile. ²Ayudantes alumnos/as, Estudiantes de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ³Médica a cargo de Poli de Chagas, en Hospitales Dr. Félix Bulnes Cerda y San Juan de Dios, Servicio de Salud Metropolitano Occidente, Santiago de Chile.

Introducción: La Enfermedad de Chagas (EC) es endémica en Latinoamérica y en Chile. En los últimos años se han efectuado grandes esfuerzos para prevenir su transmisión por los mecanismos vectorial y transfusional. Además, el tamizaje de las embarazadas, permite el tratamiento temprano de los Recién nacidos infectados, logrando así la cura total, serológica y parasitológica. El diagnóstico de las embarazadas (+) para EC, permite también tratar post-lactancia a las embarazadas, así como estudiar y diagnosticar a sus contactos familiares, especialmente a los hijos anteriores. Con esto, se logra el diagnóstico precoz, estudio y tratamiento oportuno, especialmente de población joven, que redundará en menores complicaciones futuras y mejor calidad de vida, así como en la interrupción de la transmisión trans-generacional en las hijas mujeres. El **objetivo** de este trabajo, es estudiar serológicamente a contactos de primer grado de las embarazadas (+) a EC. Esto es, hijos, hermanos y padres. El estudio no fue posible en todos los parientes, ya que en muchos casos, especialmente en gestantes extranjeras, los familiares no están en Chile, pero se les advirtió darles aviso para ser estudiados en sus países de origen.

Material y método: A 112 gestantes controladas en los policlínicos de los Hospitales Felix Bulnes (HFB) y San Juan de Dios de Santiago (HSJD) entre los años 2017-2020, se solicitó estudio serológico para EC a todos sus hijos y familiares que hayan compartido situación epidemiológica de riesgo, como padres y hermanos. El tamizaje se hizo por quimioluminiscencia, confirmado en el Instituto de Salud Pública por RIFI y ELISA. No todos los contactos aceptaron tomarse la muestra de sangre. El mayor rechazo es en los adultos varones, hermanos de las gestantes. **Resultados:** Se logró estudiar a 201 contactos. De ellos, 90(45%) resultó (+) para EC. El 7% de las muestras (+) correspondió a hijos anteriores; 33% a madres de gestantes; 32% a hermanos de gestantes y 28% restante, a otros familiares. Se obtuvo resultados del 70% de exámenes solicitados a hijos, con una positividad del 10% del total. De los no tamizados, un grupo vive fuera de Chile y otros están con estudio pendiente. Los casos (+) están citados al policlínico de la especialidad. **Conclusiones:** Se presenta una alta prevalencia de enfermedad de Chagas en los familiares de gestantes pesquisadas en tamizaje serológico. Es fundamental solicitar el estudio familiar para la oportunidad de ofrecer evaluación clínica por especialista y tratamiento específico oportuno o precoz, cuando corresponda. La efectividad del tratamiento temprano, obliga a que la edad pediátrica sea un grupo prioritario de pesquisa.

A11. TAMIZAJE PARA ENFERMEDAD DE CHAGAS (ECH) EN GESTANTES, ENTRE ENERO 2017- SEPTIEMBRE 2020, EN EL SERVICIO DE SALUD METROPOLITANO OCCIDENTE (SSMOC), SANTIAGO DE CHILE.

Urarte, Edurne^{1,3}; Denegri, Marisol^{1,3}; Castro, Javiera²; del Pino, Joaquín²; Carvajal, Belén²; Lazo, Antonia²; Moreno, Constanza²; Márquez, Francisca²; Barrueto, Rocío²; Tassara, Renzo¹; Mercado, Rubén¹; Peña, Sebastián¹

¹Académicos/as, Unidad Docente de Parasitología, Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil, Facultad de Medicina Occidente, Universidad de Chile. ²Ayudantes alumnos/as, Estudiantes de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. ³Médica a cargo de Poli de Chagas, en Hospitales Dr. Félix Bulnes Cerda y San Juan de Dios, Servicio de Salud Metropolitano Occidente, Santiago de Chile.

Introducción: La Encuesta Nacional de Salud 2016-2017 informó una prevalencia de enfermedad de Chagas (ECH) de 0,7 % en la Región Metropolitana en población general. En las últimas décadas se han implementado medidas de control eficientes de los mecanismos de transmisión vectorial y transfusional y el 2014 con la norma técnica nacional para ECH, se inician medidas para el control de la transmisión vertical. El 2016 el SSMOC inicia el tamizaje de gestantes en Atención Primaria de Salud (APS), siendo derivadas las gestantes (+) para ECH a los hospitales San Juan de Dios (HSJD) y Dr. Felix Bulnes (HFBC), para control y seguimiento de los Recién nacidos (RN/lactantes). En estos centros se hace estudio

y tratamiento de las madres, estudio de contactos familiares y confirmación/descarte de la infección en el RN/lactante. **Objetivos:** Conocer la prevalencia de la ECH en gestantes y su transmisibilidad vertical en el SSMOC. Determinar sensibilidad de las técnicas de screening utilizadas para su tamizaje. Caracterizar población de las gestantes positivas. **Material y método:** En junio 2016 se inició tamizaje serológico a toda gestante, en cualquier momento de la gestación, por Quimioluminiscencia (QL). Se recolectan muestras de sangre para serología en atención primaria, urgencia y servicios de hospitalizados obstétricos (Plasma-EDTA) procesados en laboratorios de HSJD y HFBC. La confirmación de muestras reactivas a QL se realizó en el Instituto de Salud Pública de Chile (ISPC). Las gestantes son confirmadas por ELISA, RIFI Y WB. Las (+), son citadas a Poli-Chagas para control, estudio y seguimiento del binomio madre-hijo y de su grupo familiar. **Resultados:** Entre enero/2017 a septiembre/2020 se realizó QL a 53.602 muestras de sangre de gestantes, tomadas en cualquier etapa del embarazo. Se observó un número mayor de muestras que el número de partos de los períodos correspondientes; 262 resultaron reactivas a QL y de éstas, 143 se confirmaron (+) en ISPC (0,26% total). El 4,9% (7) de las 143, correspondió a abortos. En 112 se logró seguimiento al RN (79%); Un lactante fue confirmado con 2 PCR detectables. En 28 lactantes se descartó infección vertical; 4 mujeres volvieron a su país de origen y en 79 está pendiente completar seguimiento. El 74 % se atiende en centros de la zona rural de SSMOC y más de la mitad corresponde a la comuna de Melipilla. El 35% de las gestantes con ECH son chilenas y el resto, de países vecinos, principalmente bolivianas que constituyen casi el 97% de las extranjeras. El resto: Argentina (1) y Perú (1). **Conclusiones:** La prevalencia de ECH en las gestantes, es menor que en la población general en la RM y está constituida principalmente por población migrante que reside en la zona rural. Esto dificulta el control y seguimiento en los hospitales base. La técnica de QL es sensible, como buen método de tamizaje pero con baja especificidad

A12. ANÁLISIS DE VARIACIÓN GENÉTICA MEDIANTE PCR-ISSR, EN PLEROCERCOIDES DE *Diphyllobothrium* sp. (Cobbold, 1858) DE PECES DEL LAGO COLICO, REGIÓN DE LA ARAUCANÍA.

Olivares-Ferretti Pamela^{1,2}, *Paredes Marco*^{1,3}, *Melo Angélica*², *Hidalgo Alejandro*² y *Fonseca-Salamanca Flery*²

¹Programa Doctoral en Ciencias, Mención en Biología Celular y Molecular Aplicada, Universidad de la Frontera, Temuco, Chile. ²Centro de Medicina Traslacional, Núcleo de Biorecursos Científico y Tecnológico. ³Departamento de Ciencias Preclínicas, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. Departamento de Ciencias Básicas, Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

A13. CHEMOSENSITIZATION OF *Trypanosoma cruzi* BY PROBENECID AND CARBENOXOLONE.

*Aravena Constanza*¹, *García Aníbal*¹, *Gutiérrez Camila*¹, *González Jorge*², *Vega José Luis*¹.

¹Laboratory of Gap Junction & Parasitic Diseases, Universidad de Antofagasta, Chile. ²Molecular Parasitology Unit, Universidad de Antofagasta, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

A14. INNEXIN HOMOLOGUE CHANNEL ACTIVATED BY HYPEROSMOTIC STRESS IN *Trypanosoma cruzi*.

*García Aníbal*¹, *Morales Nicolás*¹, *Ossandón Sergio*¹, *Aravena Constanza*¹, *Güiza J*¹, *Gutiérrez Camila*¹, *González Jorge*², *Vega José Luis*¹

¹Laboratory of Gap Junction & Parasitic Diseases, Universidad de Antofagasta, Chile. ²Molecular Parasitology Unit, Universidad de Antofagasta, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

A15. SEARCH OF PANNEXIN HOMOLOGUES IN *Giardia*.

*Arriagada Javiera*¹, *Murga Ricardo*², *Güiza Juan*¹, *Gutiérrez Camila*¹, *Vega José Luis*¹.

¹Laboratory of Gap Junction and Parasitic Diseases (GaPaL), Universidad de Antofagasta, Antofagasta-Chile and ²Universidad Academia de Humanismo Cristiano, Santiago-Chile.
Contact: javieraiaa@gmail.com

Large-pore channels including those formed by pannexin (Panx) or innexin proteins are a broad family expressed in vertebrates and invertebrates that form plasma membrane channels with pathophysiological implications in infectious diseases. However, they have not been described in unicellular organisms. We hypothesize that *Giardia* sp. possesses large-pore channel homologues. Using a eukaryotic pathogen genomics database (EuPathDB) and NCBI, we found 2 genes that encoding homologues of Panx proteins

in *G. muris* and *G. lamblia* species. These homologues have an identity of 28% with human Panx-2 with a similar topology that include 4 transmembrane domains, 2 extracellular loops, 1 intracellular loop, and cytoplasmic C- and N-terminal domain. These results suggest the presence of putative gap junction members in the protozoa parasite *Giardia sp.* Acknowledgments: VRIIP ANT1956 (to A.J.); CONICYT-PhD fellowship 21170153 (to J.G.) and MINEDUC-UA ANT 1755 (to VJ).

A16. CARACTERIZACIÓN DEL TRANSCRIPTOMA de *Echinococcus granulosus sensu stricto* y GENES ASOCIADOS A LA EVASIÓN DE LA RESPUESTA INMUNE

Pereira Ismael^{1,2}, *Hidalgo Christian*^{1,3}, *Stoore Carol*¹, *Baquadano Soledad*¹, *Cabezas Carolina*¹, *Sáenz Leonardo*⁴, *Paredes Rodolfo*¹

¹Laboratorio de Medicina Veterinaria, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Chile. ²Programa de Doctorado en Ciencias Silvoagropecuarias y Veterinarias, Campus Sur Universidad de Chile. Santa Rosa 11315, La Pintana, Chile. CP: 8820808.

³Instituto de Ciencias Agroalimentarias, Animales y Ambientales. Universidad de O'Higgins, San Fernando, Chile. ⁴Laboratorio de Vacunas Veterinarias Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias Universidad de Chile

Introducción: La Echinococosis Quística (EQ), es una enfermedad causada por el metacestodo (QH) del gusano *Echinococcus granulosus*. Al interior del QH se producen protoescolices (PSX), forma infectante para el hospedero definitivo. Por razones desconocidas, distintas especies presentan QH con diferente capacidad de producir PSX.

Objetivo: Analizar el transcriptoma asociado a evasión de respuesta inmune en PSX de *Echinococcus granulosus sensu stricto* (*Eg s.s.*) en diferentes vísceras y especies.

Material y método: Los QH se obtuvieron de hígado (6) y pulmón (6) de ovinos decomisados por EQ. Se seleccionaron PSX de *Eg s.s.* junto a 4 muestras de PSX de *Eg s.s.* en colaboración internacional. Los grupos de comparación fueron PSX de Pulmón Ovino (PSXpo) v/s PSX de Hígado Ovino (PSXho) y PSX de Hígado Ovino (PSXho) v/s PSX de Hígado Bovino (PSXhb). Se extrajo RNA y fabricó librerías de cDNA, las cuales fueron secuenciadas en Illumina HiSeq. Los archivos se sometieron a remoción de primers y secuencias de baja calidad, control de calidad con FastQC, alignment al genoma de referencia ASM52419v1 con STAR y análisis de expresión diferencial con DESeq2 consideró genes diferencialmente expresados si FDR<0.05 y log2FoldChange>1.5

Resultado: En el grupo PSXpo v/s PSXho no se observaron genes con relación directa a la evasión de respuesta inmune. En el grupo de comparación PSXho v/s PSXhb, aparecen 3 y 7 genes relacionados a la evasión de respuesta inmune respectivamente

Conclusión: Pese a que no hay diferencias de expresión génica relacionada a la evasión de la respuesta inmune del parásito entre órganos, sí la hay entre especies, lo que debería ser considerado para posibles estrategias de control según la especie.

B: ECOLOGIA, MEDICINA VETERINARIA Y SALUD AMBIENTAL

B1. MONITOREO ENTOMOLÓGICO Y PARASITOLÓGICO DE TRIATOMINALES EN ÁREAS DEL CAMPUS DE CIENCIAS AGRÍCOLAS DE LA UNIVERSIDAD FEDERAL DEL VALLE EN PETROLINA, BRASIL.

*Morato João Pedro*¹, *Peduti Graziela*¹, *Araújo Francisco*¹, *Castro Elaine Monalíze*², *Silva Diego César*¹

¹Federal del Valle de São Francisco, UNIVASF, Campus de Ciencias Agrarias. Petrolina, Pernambuco, Brasil, ²Programa de Doctorado en Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile.

(Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

B2. HELMINTOS PARÁSITOS DE *Hemidactylus mabouia* (GEKKONIDAE) EN UN ÁREA AGRÍCOLA DE FRUTICULTURA EN EL NORDESTE DE BRASIL.

*Ferreira Antonio Carlos*¹, *Ferreira Jayelen*¹, *Ribeiro Leonardo*¹, *Vieira Fabian*², *Castro Elaine Monalíze*³, *Moreno Salas Lucila*⁴, *Silva Diego César*¹

¹Universidade Federal do Vale do São Francisco, Campus de Ciências Agrárias, Colegiado de Ciências Biológicas, Petrolina, Pernambuco, Brasil. ²Laboratório de Helmintos Parasitos de Vertebrados, Instituto Oswaldo Cruz FIOCRUZ, Rio de Janeiro, Brasil. ³Programa de Doctorado en Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile. ⁴Universidad de Concepción, Depto. Zoología, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

B3. PRESENCIA DE *Coenurus serialis* EN CONEJOS DEL SECTOR PERIURBANO DE PADRE LAS CASAS (REGIÓN DE LA ARAUCANÍA, CHILE): ALERTA DE UNA POTENCIAL ZONOSIS.

Hidalgo Alejandro¹; Villanueva José¹; Ramírez Tamara¹; Melo Angélica¹; Olivares-Ferretti Pamela¹; Fonseca-Salamanca Flery¹

¹Laboratorio de Inmunoparasitología Molecular, Departamento de Ciencias Preclínicas, Centro de Excelencia en Medicina Traslacional (CEMT)-Núcleo Científico Tecnológico en Biorecursos (BIOREN-UFRO), Facultad de Medicina, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. ²Programa de Doctorado en Ciencias, Mención en Biología Celular y Molecular Aplicada, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

B4. DETECCIÓN DE ADN DE *Trypanosoma cruzi* EN MURCIÉLAGOS DE DOS ÁREAS PROTEGIDAS DEL CENTRO-NORTE DE CHILE: ANTECEDENTES PRELIMINARES. DETECTION OF *Trypanosoma cruzi* DNA IN BATS FROM TWO PROTECTED AREAS OF CENTRAL-NORTHERN CHILE: PRELIMINARY DATA.

Correa, Juana P.¹, Quiroga, Nicol², Campos-Soto, Ricardo³, Díaz-Campusano, Gabriel³, Yañez-Meza, Andrea², Allendes, Juan L.⁴, Rodríguez-San Pedro, Annia⁵, Botto-Mahan, Carezza²

¹Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad San Sebastián, Concepción, Chile, ²Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile, ³Instituto de Biología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Valparaíso, Chile. ⁴BIOECOS EIRL, Santiago, Chile, ⁵Centro de Investigación e Innovación para el Cambio Climático, Facultad de Ciencias, Universidad Santo Tomás, Santiago, Chile. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

B5. DETECCIÓN MOLECULAR DE *Rickettsia* EN PULGAS DE ROEDORES DE CHILE.

Moreno Salas Lucila¹, Silva de la Fuente María Carolina², Lizama Nicol¹ Serafim de Castro Elaine Monalze³, Espinoza-Carniglia Mario^{1, 4}, González-Acuña, D².

¹Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile, ²Laboratorio de Parásitos y Enfermedades de Fauna Silvestre, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile. ³Programa de Doctorado en Ciencias Veterinarias, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile, ⁴Centro de Estudios Parasitológicos y de Vectores, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

B6. PRIMER REGISTRO Y ESTUDIO DE PREVALENCIA DE TRICHINELLA EN EL VISÓN AMERICANO (NEOVISON VISON) EN LA REGIÓN DE LOS RÍOS, CHILE.

Lobos-Chávez Felipe, Sepúlveda-de la Fuente Francisco, Figueroa-Sandoval Fernanda, Silva-de la Fuente Carolina, Landaeta-Aqueveque Carlos.

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción. (Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020).

B7. FACTORES ASOCIADOS CON LA DETECCIÓN DE HUEVOS DE HELMINTOS ZONÓTICOS EN ÁREAS PÚBLICAS DE LA CIUDAD DE CONCEPCIÓN, CHILE

Castro Susana¹, Fernández Ítalo², Madrid Verónica², Landaeta-Aqueveque Carlos¹. ¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile ²Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020

B8. ANÁLISIS DE LA FRECUENCIA DE PRESENTACIÓN DE ECTOPARÁSITOS EN PERROS Y GATOS DE LA COMUNA DE CONCEPCIÓN, CHILE.

Caamaño-Escobar Diego¹, Santander-Gayoso Camila¹, Saavedra-Geerds Ignacio¹, Fernández Ítalo², Madrid Verónica², Landaeta-Aqueveque Carlos¹.

¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción, Chillán, Chile ²Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. Publicado en Revista de Parasitología Latinoamericana 69(1), Mayo 2020.

B9. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA. PARÁSITOS MANIPULADORES EN DIVERSOS TAXA

Fuenzalida Karen - karen.fuenzalida92@gmail.com

MV. Tesista Magister Ciencias mención Zoología Universidad de Concepción.

La evolución de los parásitos proviene de ancestros de vida libre, originándose independientemente en varios taxa y surgiendo más de una vez en un taxón determinado (Poulin, 2007). En el caso de los endoparásitos, encontramos una serie de adaptaciones, siendo una de las más impresionantes, el cambio de comportamiento que algunas realizan en sus hospedadores (Seppälä *et al.*, 2004). Se cree que los cambios de comportamiento específicos representan una adaptación biológica del parásito destinado a mejorar su transmisión desde un hospedador intermediario a un huésped definitivo (Flegr *et al.*, 2011). Algunos parásitos inducen comportamientos de tipo 'suicida' en su hospedero (Berdoy *et al.*, 2000). El objetivo fue agrupar la mayor cantidad de parásitos en los que se ha descrito un cambio de comportamiento en su hospedador, para tener una idea global de esta característica parasitaria distribuida en diferentes taxa. Para esto se realizó una investigación exhaustiva en los buscadores académicos 'Web of science' y 'Google académico', utilizando como palabras clave: 'parasite adaptation' and 'host manipulation' or 'behavior change'. Se recopiló 43 parásitos que alteran el comportamiento de su hospedador distribuido en 3 reinos: el reino Animalia es el que tiene más especies descritas (88%), seguido del reino Protozoa (7%), destacando *Toxoplasma gondii* por la gran cantidad de artículos que hacen referencia al mecanismo por el cual altera la conducta de su hospedador intermediario, el ratón, para facilitar el consumo por su hospedador definitivo; finalmente el reino Fungi (5%), destacando especies de hongos como *Ophiocordyceps unilateralis* y *Alternaria tenuis* que alteran la conducta de su hospedero, distintas especies de hormigas. Se encontraron 6 especies que generan un cambio en la morfología de su hospedador, mientras que el 33% de las especies de parásitos revisados produjeron una alteración en los patrones de desplazamiento habitual de su hospedero. Se concluye que la alteración en el comportamiento de hospedadores como consecuencia del parasitismo (ya sea por adaptación del parásito, del hospedador o la infección propiamente tal), es una conducta que se puede observar en diversos taxa y a la vez, en diversas especies de hospedadores, evidenciando alteraciones morfológicas, conductuales o mixtas.

B10. SARCOCYSTOSIS SISTÉMICA EN CORDERO EN CHILE.

Flores Carlos¹; López Francisco¹, Tamara Vilches³

Afiliación Actual: ¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Pedro de Valdivia. ²Facultad de Ciencias, Universidad Mayor, ³PRODESAL, Municipalidad de Colina. flores.carlos.vet@gmail.com

En un establecimiento de producción ovina en zona de sequía extrema, se realiza necropsia de individuo de 4 meses. El animal presuntamente fallece producto de intoxicación por Organofosforados. A la necropsia se observa ascitis, escasa grasa peri renal y pericárdica, sin otras lesiones de importancia. Al análisis histopatológico presencia de elevada cantidad de quistes (> de 30 quistes por campo de menor aumento) redondeados de 0,07 mm de ϕ , ovalados-alargados de 0,09-0,98 mm de largo los que presentan una fina cápsula y un centro granular basofílico, morfológicamente compatibles con *Sarcocystis spp.* Normalmente estas estructuras se encuentran en forma aislada en rumiantes adultos, no estando asociados a respuesta inflamatoria local, sin embargo, en este caso su presencia fue masiva tanto en cantidad como ubicación, encontrándose en: Músculo lingual, músculo estriado esquelético (Músculos masticatorios, de miembros anteriores, torácicos y miembros posteriores) músculo cardiaco cercano a miocardiocitos contráctiles y del sistema de conducción, generando una moderada a severa respuesta inflamatoria linfoplasmocítica. Los ovinos son hospedadores intermediarios de *Sarcocystis spp.*, siendo las especies adaptadas *S. gigantea* (*S. ovifelis*), *S. tenella* (*S. ovicanis*), *S. arieticanis* y *S. medusiformis*, generando y caracterizando por presencia de quistes subclínicos, aislados, no estando asociado a una respuesta inmunológica local o sistémica. En este caso los autores presumen que la masividad de *Sarcocystis spp.* puede estar relacionada al estado carencial de estos animales, pudiendo predisponer la parasitosis asociándose a una respuesta inflamatoria moderada a severa. A nivel nacional no se conocen registros similares en presentación, edad y cantidad de entidades quísticas, siendo necesario en futuros estudios poder caracterizar e identificar a estos parásitos mediante pruebas moleculares y evaluar-estudiar si estos pudiesen generar algún riesgo para la salud debido a que son animales de producción cárnica con fines alimentarios.

B11. DETECCIÓN DE *Toxoplasma gondii* EN PRODUCTOS CÁRNICOS DISPONIBLES PARA EL CONSUMO HUMANO EN ESCOCIA, REINO UNIDO.

Plaza Jacqueline^{1,3}, *Dámek Filip*¹, *Villena Isabelle*², *Innes Elisabeth*¹, *Katzer Frank*¹, *Hamilton Clare*¹

¹Moredun Research Institute, Pentlands Science Park, Midlothian, UK. Edinburgh University.

²Laboratory of Parasitology, University of Reims Champagne-Ardenne and National Reference Centre on Toxoplasmosis, Hospital University Centre of Reims, France, ³Instituto de Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad Austral, Valdivia, Chile. jacqueline.plaza@uach.cl

Toxoplasma gondii (*T. gondii*) es un parásito zoonótico de importancia mundial clasificado como uno de los principales patógenos transmitidos por alimentos. Una ruta predominante de infección es el consumo de carne cruda o insuficientemente cocida, por esta razón se investigó la prevalencia de *T. gondii* en productos cárnicos disponibles comercialmente en Escocia. En el primer período se compraron 300 muestras que incluyeron carne de vacuno, pollo, cordero, cerdo y venado. En el segundo período se compraron 67 muestras, sólo de venado. El ADN extraído se analizó mediante PCR cuantitativa dirigida al elemento repetido de 529pb de *T. gondii*, posteriormente muestras positivas fueron genotipadas usando PCR-RFLP dirigida a 10 marcadores genéticos. Se recolectó jugo de carne para la detección de anticuerpos contra *T. gondii* usando un ensayo de aglutinación modificado o ELISA. Se detectó ADN de *T. gondii* en 0/39 (0%) carne de vacuno, 1/21 (4.8%) carne de pollo, 6/87 (6.9%) carne de cordero, 3/71 (4.2%) carne de cerdo, 29/82 (35.4% primer muestreo) y 19/67 (28.4% segundo muestreo) en carne de venado. El PCR-RFLP parcial, reveló presencia de cepas típicas y atípicas. Se detectó anticuerpos contra *T. gondii* en el jugo de carne de 2/38 (5.3%) muestras de vacuno, 3/21 (14.3%) muestras de pollo, 14/85 (16.5%) muestras de cordero, 2/68 (2.9%) muestras de cerdo, 11/78 (14.1% primer muestreo) y 8/50 (16% segundo muestreo) de venado. Es el primer estudio que informa la presencia de *T. gondii* en diferentes productos cárnicos en Escocia, con una mayor incidencia en la carne de venado y presencia de cepas atípicas, destacándola como una carne potencialmente de alto riesgo para la adquisición de toxoplasmosis en consumidores escoceses.

Financiamiento: Scottish Government Rural Affairs, Food and the Environment (Strategic Research Programme 2016-2021) y Becas-Chile, Comisión Nacional de Investigación Científica y Tecnológica (CONICYT)

B12. ANISAKIDOSIS EN PESCADOS FRESCOS COMERCIALIZADOS EN TRES CIUDADES DE LA REGION DEL BÍO-BÍO, CHILE. 2018-2020

*Fernández Italo*¹, *Suárez Pilar*¹, *Madrid Verónica*¹.

¹Laboratorio de Parasitología, Departamento Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. itfernan@udec.cl

La anisakidiasis es una zoonosis parasitaria producida por el consumo de larvas de nematodos de la Familia Anisakidae, principalmente de los géneros *Anisakis* y *Pseudoterranova*, que se localizan en la cavidad corporal y musculatura de peces teleosteos y crustáceos. El ser humano las ingiere accidentalmente al consumir carne de pescado infectado crudo o insuficientemente cocido. El objetivo de esta investigación fue determinar prevalencia e intensidad media del parasitismo por larvas de anisákidos en pescados frescos comercializados en la región del Bío-Bío, Chile. Entre 2018 y 2020, ejemplares de catorce especies de pescados fueron adquiridos en el comercio de las ciudades de Concepción, Talcahuano y Lebu, registrándose en cada uno, peso y longitud total. Posteriormente, se pesquisó larvas de anisákidos mediante examen de vísceras y musculatura de cada ejemplar por desmenuzamiento. Las larvas ya aisladas fueron fijadas en alcohol al 70% y diafanizadas en lactofenol de Amman para identificarlas, mediante observación microscópica de sus características morfológicas. Se calculó prevalencia e intensidad media de infección como descriptores poblacionales de la magnitud del parasitismo. Se encontró larvas de *Anisakis* y *Pseudoterranova* en ejemplares de siete y cinco especies analizadas, respectivamente. La mayoría se encontraron vivas y ubicadas preferentemente a nivel visceral. Prevalencia e intensidad de infección difirió según la especie hospedera, destacando que la totalidad de ejemplares de *Merluccius gayi* y *Dissostichus eleginoides* estaban parasitados. La mayoría de las especies que resultaron positivas son reconocidos hospederos intermediarios de estos parásitos. Llama la atención, la elevada prevalencia e intensidad media de infección de *M. gayi* y *D. eleginoides*, lo que sería consecuencia de su ontogenia particular y mayor oferta de hospederos intermediarios de anisákidos en el ambiente marino. La presencia de anisákidos en la musculatura de estas especies indica que su preparación, en forma ahumada o cruda, es un riesgo para salud pública, recomendándose comprar estos productos en forma eviscerada y/o congelada, junto a promover su cocción.

B13. FAUNA PARASITARIA EN EJEMPLARES DE *DISSOSTICHUS ELEGINOIDES* (PISCES: NOTOTHENIDAE) CAPTURADOS EN AGUAS DE LA ZONA CENTRO-SUR DE CHILE

*Fernández Italo*¹, *de los Ríos Patricio*², *Valenzuela Ariel*³, *Suárez Pilar*¹, *Madrid Verónica*¹, *Campos Víctor*¹

¹Departamento Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. ²Departamento de Ciencias Biológicas y Químicas, Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, Temuco, Chile. ³Departamento de Oceanografía, Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile. itfernan@udec.cl

Dissostichus eleginoides Smitt, 1898 o Chilean Sea Bass, es una de las principales especies ícticas de interés comercial en el Océano austral. En Chile, se distribuye a lo largo de todo el talud continental hasta las Islas Diego Ramírez y a profundidades que fluctúan entre 80 y 2500 m. A pesar de su extensa distribución en aguas chilenas, su fauna parasitaria ha sido escasamente estudiada. El objetivo de esta investigación fue determinar la fauna parasitaria de ejemplares de *D. eleginoides* capturados en aguas de la zona centro-sur de Chile. Durante campañas de pesca efectuadas entre 2018 y 2020 en la zona centro-sur de Chile (37°10'S-74°15'O; profundidad promedio: 920 m), 47 ejemplares de *D. eleginoides* fueron capturados, registrándose en cada uno, peso y longitud total. Se les hizo inspección externa para buscar ectoparásitos y necropsia para pesquisar endoparásitos. Se extrajo muestras de contenido intestinal para efectuarle técnica de Burrows modificado para pesquisar protozoos. Se aisló nueve taxa parasitarios que correspondieron a 8 especies de helmintos y un ectoparásito isópodo. No se encontró elementos protozoarios. Las especies identificadas ya habían sido reportadas en ejemplares capturados en aguas chilenas, salvo estados larvales de los géneros *Pseudoterranova* y *Phyllobothrium*. Por su parte, el isópodo *Rocinela australis* no había sido reportado previamente en este hospedero, por lo que su hallazgo constituye el primer reporte de este ectoparásito en *D. eleginoides*. Valores de prevalencia e intensidad media de infección en taxa parasitarios previamente informados coinciden con los resultados de esta investigación. La fauna parasitaria y su magnitud resultante en este estudio sería el reflejo de la ontogenia particular de esta población de peces aunque, en cierta forma, tributaría a la extensa distribución, tanto geográfica como batimétrica, de la especie.

B14. VALIDACIÓN DE UNA ENCUESTA PARA CARACTERIZAR EL DIAGNÓSTICO DE LAS PRINCIPALES PARASITOSIS Y EL USO Y EFICACIA DE ANTIPARASITARIOS EN CANINOS EN CHILE

*Ramírez Francisca*¹, *Venegas Vladimír*², *Fredes Fernando*¹, *Alegria-Morán Raúl*¹, *Ramírez-Toloza Galia*¹

¹Departamento de Medicina Preventiva Animal y ²Dirección de Asuntos Estudiantiles y Comunitarios, Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias, Universidad de Chile galiaram@uchile.cl

Introducción: El riesgo de transmisión de parásitos zoonóticos de caninos domésticos depende de su tenencia responsable y de la eficacia de los tratamientos. Reportes internacionales revelan una reducción de esta eficacia. **Objetivo:** Validar una encuesta que permita caracterizar el diagnóstico de las principales parasitosis y, el uso y eficacia de los tratamientos para su control en caninos en Chile. **Material y método:** Se elaboraron 40 preguntas dirigida a Médicos Veterinarios dedicados a clínica de pequeños animales. Las preguntas se orientaron a caracterizar la frecuencia de parasitosis en caninos, sus formas de diagnóstico, tratamiento y eficacia. Se consultó a académicos vinculados a la parasitología, farmacología, epidemiología y clínica, acerca de la pertinencia, coherencia y relevancia de las pregunta y se realizó una piloto en 20 médicos veterinarios. **Resultados:** A. Validación: Todas las preguntas se consideraron pertinentes, coherentes y relevantes. Se recomendó re-estructurar y agregar preguntas relacionadas con identificación de parasitosis exóticas y sus formas de diagnóstico, comunicación efectiva y utilización de mono- o multi-drogas. B. Pilotaje: De las 20 encuestas enviadas, 8 profesionales contestaron parcialmente y 10 completamente, con un tiempo medio de respuesta de 25 minutos. Preliminarmente, se mencionó a *Dipylidium caninum* y *Giardia* spp. como los endoparásitos más frecuentemente diagnosticados a través de anamnesis y examen clínico. En *Giardia* spp., se agrega el coproparasitario seriado. Los ectoparásitos más frecuentemente mencionados fueron pulgas y garrapatas. La utilización de antiparasitarios frecuentemente es programada y se mencionan a pulgas, garrapatas, *D. caninum* y *Giardia* spp. como parásitos donde se perciben reducción de la eficacia de algunos tratamientos. **Conclusión:** Preliminarmente, existen percepción de reducción en la eficacia de algunos tratamientos. La aplicación de nuestro instrumento a escala nacional permitirá caracterizar aspectos relevantes de las parasitosis que afectan a caninos en Chile.

REVISTA

PARASITOLOGÍA LATINOAMERICANA



Órgano Oficial de la SOCHIPA



Órgano Oficial de la Federación
Latinoamericana de Parasitólogos



Órgano Oficial de la Red de Zoonosis