



UNIVERSIDAD DE CHILE - FACULTAD DE CIENCIAS - ESCUELA DE CIENCIAS
AMBIENTALES Y BIOTECNOLOGÍA

**“Humano y sus vertebrados asociados en la dieta del
triatomino silvestre *Mepraia spinolai* (Hemiptera: Reduviidae)
y sus consecuencias epidemiológicas”**

Seminario de Título entregado a la Universidad de Chile en cumplimiento parcial
de los requisitos para optar al Título de Bióloga con mención en Medio Ambiente

CATALINA ANAHI SIERRA ROSALES

Directora del Seminario de Título: Dra. Carezza Botto Mahan

Co-Director del Seminario de Título: Mag. Esteban San Juan Cortés

Julio - 2023

Santiago - Chile

ESCUELA DE CIENCIAS AMBIENTALES Y BIOTECNOLOGÍA – FACULTAD DE
CIENCIAS – UNIVERSIDAD DE CHILE



INFORME DE APROBACIÓN SEMINARIO DE TÍTULO

Se informa a la Escuela de Ciencias Ambientales y Biotecnología de la Facultad de Ciencias de la Universidad de Chile, que el Seminario de Título, presentado por

CATALINA ANAHI SIERRA ROSALES

**“Humano y sus vertebrados asociados en la dieta del triatomino silvestre
Mepraia spinolai (Hemiptera: Reduviidae) y sus consecuencias
epidemiológicas”**

Ha sido aprobado por la Comisión de Evaluación, en cumplimiento parcial de los requisitos para optar al Título de Bióloga con Mención en Medio Ambiente.

Dra. Carezza Botto Mahan
Directora Seminario de Título

Mag. Esteban San Juan Cortés
Co-Director del Seminario de Título

Comisión Revisora y Evaluadora

Dr. Claudio Veloso Iriarte
Presidente de la Comisión

Dra. Caren Vega Retter
Evaluadora

Santiago de Chile, Julio de 2023

Biografía



Nacida el 02 de Noviembre de 1999, en la comuna de Maipú. Asistió al Colegio Santa Úrsula, donde cultivó su curiosidad por la naturaleza. En el año 2018 decidió ingresar a la carrera de Biología con mención en Medio Ambiente. Dos años más tarde, empezó la pandemia junto con su afición por la fotografía y el deseo de conocer cada una de las aves que veía y escuchaba. A principios del año 2022, tuvo la oportunidad de entrar al Laboratorio de Interacciones Ecológicas a cargo de la Dra. Carezza Botto, donde ha aprendido sobre las vinchucas, participado en investigaciones y se ha ido formando como futura profesional en el campo de la ciencia.

Agradecimientos

En primer lugar, quisiera agradecer a mis padres, por su apoyo y compañía incondicional en cada momento de esta etapa universitaria, entregándome la fortaleza para seguir y poder cumplir con mis metas.

De igual forma, quisiera expresar mi profundo agradecimiento a mis tutores, Carezza Botto y Esteban San Juan, por confiar en mí y brindarme las herramientas necesarias para mi desarrollo como futura profesional. A profesora Carezza, por su cariño, apoyo y confianza desde un inicio, por la oportunidad de trabajar en el laboratorio y participar en sus proyectos. A Esteban, agradezco su enorme paciencia al explicarme los análisis estadísticos, así como sus comentarios y sugerencias durante el proceso de redacción de la tesis, los que fueron de gran ayuda.

También quisiera agradecer a cada una de las personas del laboratorio: Nicol, Mildred, Pame, Juan Pablo, Cami, Carla, Bele, Seba, Carlitos, Pachy y Sophie, que siempre estuvieron ahí cuando lo necesité, con un saludo, una buena conversación y comida, principalmente.

A Nora Peña, Raúl Araya, Juana Correa, Aldo Solari, Antonella Bacigalupo, Mildred Ehrenfeld, Nicol Quiroga, Esteban San Juan, Daniela Estay Olea, Camila Cortés, Benjamín Garrido, Amanda Schuck, Andrea Yáñez, Sophie de Bona, por toda la ayuda tanto de recolección de datos en terreno, apoyo logístico, análisis moleculares y estadísticos.

También agradecer a mi Marie, por aguantarme en cada momento de la carrera y de la vida, por escuchar, dar una palabra de aliento y compartir a la distancia nuestras peripecias del día a día.

A mis amigas/os y compañeras/os de la Universidad: Liza, Kathy, Branquito, Anto, Juan, Dani, Nico, Garrido, Lipe, Javi, Su, entre varios más, por las conversaciones, los juegos,

los abrazos y las risas. Mención especial a Liza, mi fiel compañera desde primer año y mi serenense favorita, por nuestras conexiones de pensamiento luego de 5 años trabajando juntas.

A mis amiguitos de Lomas: Javi, Talo, Carlos, Lucas y Nico, por la amistad, las juntas nocturnas, las risas, la comida y todos los buenos momentos que pasamos en la cocina de la Javi.

Por último, este Seminario de Título fue financiado por los proyectos Enlace-FONDECYT 2021 código ENL01/21 de la Vicerrectoría de Investigación y Desarrollo, Universidad de Chile, y FONDECYT 1221045 de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo.

Índice de Contenidos

Resumen	1
Abstract	3
Introducción	5
Objetivos	9
<i>Objetivo General</i>	9
<i>Objetivos Específicos</i>	9
Metodología	10
<i>Captura de ejemplares</i>	10
<i>Procesamiento de vinchucas</i>	10
<i>Extracción de ADN</i>	12
<i>Detección de T. cruzi</i>	12
<i>Secuenciación de próxima generación (NGS)</i>	13
<i>Distancia a asentamientos humanos</i>	13
<i>Análisis Estadísticos</i>	14
Resultados	15
<i>Captura de M. spinolai y niveles de infección con T. cruzi</i>	15
<i>Caracterización de la dieta de M. spinolai</i>	16
<i>Relación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de M. spinolai con la distancia y el tipo de asentamiento humano</i>	18
Discusión	21
<i>Presencia de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de M. spinolai</i>	21
<i>Asociación entre distancia de las poblaciones de M. spinolai a asentamientos humanos y dieta</i>	24
<i>Asociación entre el tipo de asentamiento humano asociado a las poblaciones de M. spinolai y dieta</i>	25
Conclusiones	29
Bibliografía	30
Anexo	38

Índice de Tablas

Tabla 1. Código y nombre de cada población (ordenadas de norte a sur), número de individuos de <i>Mepraia spinolai</i> capturados en cada población, frecuencia de infección con <i>Trypanosoma cruzi</i> y asentamiento humano (distancia y tipo).	15
Tabla 2. Listado de las especies de vertebrados asociadas al humano (incluyendo al humano), detectados por secuenciación masiva (NGS), en la dieta de <i>Mepraia spinolai</i> . * = identificado por primera vez.	18
Tabla 3. Modelo lineal generalizado de relación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de <i>Mepraia spinolai</i> infectadas con <i>Trypanosoma cruzi</i> y las variables predictoras: Distancia a asentamiento humano y tipo de asentamiento humano (caserío, aldea y ciudad). Se muestra valores de: Estimado, desviación estándar (DE), valor de t y p.	19
Tabla 4. Modelo lineal generalizado de relación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de <i>Mepraia spinolai</i> no infectadas y las variables predictoras: Distancia a asentamiento humano y tipo de asentamiento humano (caserío, aldea y ciudad). Se muestra valores de: Estimado, desviación estándar (DE), valor de t y p.	20
Tabla A1. Población de <i>Mepraia spinolai</i> , año de muestreo, kit de extracción y oligonucleótidos utilizados para la detección de <i>Trypanosoma cruzi</i>	38
Tabla A2. Listado de especies de vertebrados identificadas en la dieta de <i>Mepraia spinolai</i> por NGS. M = Mamífero silvestre; MAH = Mamífero asociado a humano; A = Ave silvestre; AAH = Ave asociada a humano; R = Reptil; H = Humano.	39
Tabla A3. Listado de la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de <i>Mepraia spinolai</i> , tanto para pools de vinchucas infectados como no infectadas, para los 28 sitios de muestreo.	40

Índice de Figuras

- Figura 1.** Mapa del Norte-Centro de Chile con la localización geográfica de los 28 sitios estudiados, destacando los sitios con presencia de vertebrados asociados al humano en la dieta de *Mepraia spinolai*. Sitios con (círculo rosa) y sin (círculo gris) presencia de humano y sus vertebrados asociados en la dieta. Ver detalle de cada población en la Tabla 1.....11
- Figura 2.** Porcentaje de representatividad de cada grupo de vertebrado en la dieta de pools de *Mepraia spinolai* infectadas (A) y no infectadas (B) con *Trypanosoma cruzi*.....17
- Figura A1.** Asociación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *Mepraia spinolai* y la distancia a asentamiento humano, tanto para pools de vinchucas infectadas (A) y no infectadas (B) con *Trypanosoma cruzi*.....41

Listado de abreviaturas

Ct: Ciclo Umbral

Cytb: Citocromo B

ELISA: Enzimoimmunoanálisis de Adsorción

GLM: Modelo Lineal Generalizado

NGS: Secuenciación de Próxima Generación

OTU: Unidad Taxonómica Operativa

PCR convencional: Reacción en Cadena de la Polimerasa

qPCR: Reacción en Cadena de la Polimerasa en Tiempo Real

Resumen

El conocimiento de la dieta de los triatomíneos silvestres proporciona evidencia indirecta sobre las especies hospedadoras involucradas en la mantención del protozoo *Trypanosoma cruzi*, parásito que causa la enfermedad de Chagas, lo que a su vez puede ser útil para identificar posibles preferencias por hábitats peridomésticos e incursiones a las viviendas humanas. En este estudio, evaluamos si el humano y sus vertebrados asociados, como ganado, especies invasoras y animales de compañía, están presentes en la dieta de la vinchuca endémica y silvestre *Mepraia spinolai*, utilizando secuenciación de próxima generación (NGS), y así asociarlos con el estatus de infección con *T. cruzi* y asentamientos humanos (tipo y cercanía). Se seleccionaron 28 localidades de muestreo con presencia de poblaciones de *M. spinolai*, abarcando un rango latitudinal de aproximadamente 800 km (~26,8° a 33,4° S). En cada localidad, se recolectaron individuos de *M. spinolai*, de los cuales se obtuvo ADN genómico del contenido intestinal y se identificó el estatus de infección con *T. cruzi* mediante PCR. Luego, se secuenciaron los productos de PCR positivos para Cytb en grupos de 10 a 20 triatomíneos cada uno, agrupados por localidades. Las secuencias filtradas se agruparon en unidades taxonómicas operativas (OTUs), considerando el 97% de identidad y una abundancia mínima de 200 lecturas, y se identificaron utilizando la herramienta BLASTn, seleccionando la mejor coincidencia con la base de datos de NCBI. Los asentamientos humanos se clasificaron según el número de habitantes (caserío < aldea < ciudad), y la distancia entre la población de *M. spinolai* y el asentamiento humano más cercano se calculó con QGIS. La dieta de *M. spinolai* incluyó humano y animales domésticos y sintrópicos (perro, cabra, cerdo, gallina, laucha y rata), que constituyeron el 11,80% de la dieta de este triatomíneo silvestre. Se detectó la presencia de humanos y/o vertebrados asociados a los humanos en la dieta de 17 poblaciones de triatomíneos, tanto en grupos de *M. spinolai* infectados por *T. cruzi* como no infectados. Se encontró que la distancia a asentamientos humanos circundantes tuvo una asociación

negativa significativa con la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai* infectadas. Según el tipo de asentamiento, en las vinchucas infectadas se observan diferencias significativas en la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta, siendo los caseríos quienes se diferenciaron de aldeas y ciudad. La presencia de humanos y sus vertebrados asociados en la dieta de vinchucas infectadas muestra las especies de vertebrados que potencialmente participan en el ciclo de *T. cruzi*, tanto en hábitats domésticos como peridomésticos, destacando una importante tasa de contacto de estos vectores infectados con humanos y sus animales asociados. Este estudio deja en evidencia la importancia de profundizar en el conocimiento del ciclo silvestre de transmisión de *Trypanosoma cruzi*, y así, avanzar en la vigilancia de los vectores presentes en los ambientes naturales cercanos a asentamientos humanos.

Abstract

The diet of sylvatic triatomine vectors provides indirect evidence about the host species involved in the maintenance of the protozoan *Trypanosoma cruzi*, the parasite that causes Chagas disease, helping to identify possible preferences for peridomestic habitats and, therefore, by human-associated vertebrates present in there. In this study, we evaluated if humans and human-associated vertebrates are present in the diet of the Chilean endemic and sylvatic kissing bug *Mepraia spinolai*, using Next Generation Sequencing (NGS), associating the diet with *T. cruzi* infection status and human settlement (type and proximity). Twenty-eight locations with the presence of *M. spinolai* populations were selected, covering a latitudinal range of approximately 800 km (~26.8° to 33.4° S). For each population, the genomic DNA from the intestinal content and *T. cruzi* infection status of triatomines were analyzed. Cytb-positive PCR products were sequenced in pools of 10 to 20 triatomines each, grouped by location. Filtered sequences were grouped into Operational Taxonomic Units and identified using the BLASTn tool, selecting the best match with the NCBI database. Human settlements were classified according to the number of inhabitants (hamlet < village < town), and the distance between the *M. spinolai* population and the nearest human settlement was calculated with QGIS. The diet of *M. spinolai* included human, domestic and synanthropic animals (dog, goat, pig, chicken, house mouse, and black rat), which comprised 11.8% of the diet of this sylvatic triatomine. Humans and/or human-associated vertebrates were detected in the diet of 17 triatomine populations, in both *T. cruzi* infected and uninfected *M. spinolai* pools. Distance from surrounding human settlements showed a significant negative association with the proportion of human and human-associated vertebrates in the diet of infected *M. spinolai*. According to the type of settlement, the infected kissing bugs showed significant differences in the proportion of human and human-associated vertebrates in the diet, being hamlets different from villages and towns. The presence of humans and human-associated vertebrates in the diet of

infected sylvatic triatomines shows the vertebrate species potentially participating in *T. cruzi* cycle, both in domestic and peridomestic habitats, stressing a significant contact rate of these infected vectors with humans and their associated animals. This study highlights the importance of delving deeper into the knowledge of the wild transmission cycle of *Trypanosoma cruzi*, thus advancing the surveillance of vectors present in the natural environment near human settlements.

Introducción

Los triatominos son insectos hematófagos vectores de *Trypanosoma cruzi*, protozoo que causa la enfermedad de Chagas en humanos, una de las principales enfermedades zoonóticas mediadas por vectores en América (Rives-Blanchard y col., 2017; Garrido y col., 2019; Galvão, 2021). A pesar de ello, es considerada una patología desatendida, pues se estima que menos del 10% de la población portadora de la enfermedad de Chagas en América ha sido diagnosticada (Salas, 2020).

El protozoo puede ser adquirido por los triatominos tanto en estadios ninfales como en el adulto (Canals y col., 2001), y una vez dentro del organismo, *T. cruzi* se multiplica y coloniza el intestino de éstos. La principal forma de transmisión del protozoo a hospederos es por el contacto de heces de insectos infectados con mucosas o heridas de mamíferos (Galvão, 2021; Saavedra y col., 2022), es por ello que la transmisión está asociada con la tasa de contacto triatolino-hospedero (Campos-Soto y col., 2016).

La mayoría de los triatominos se alimentan de sangre de una amplia variedad de vertebrados, explorando y explotando distintos hábitats, manteniendo así el ciclo de transmisión de *T. cruzi* (De Fuentes-Vicente y col., 2018). El conocimiento del perfil de alimentación de estos vectores proporciona evidencia indirecta sobre las especies hospederas involucradas en la mantención del parásito, lo que a su vez puede ser útil para identificar posibles preferencias por hábitats peridomésticos e incursiones a las viviendas humanas (Salvatella y col, 1994; Jansen y col., 2017). Distintos estudios han demostrado que el cambio del uso de suelo en los ambientes silvestres permite un mayor contacto entre humanos y vectores silvestres (Chacón, 2016). Tal es el caso observado en Ecuador, donde se ha evidenciado que las comunidades rurales dedicadas a la agricultura presentan alto riesgo de adquirir la enfermedad de Chagas (Grijalva y col., 2005, 2014).

Con el fin de identificar la dieta de los triatominos se han utilizado diversas técnicas de laboratorio siendo en su mayoría inmunológicas, como es el enzimoimmunoanálisis de adsorción (ELISA), que permite identificar distintos hospederos en el contenido intestinal de triatominos a partir de proteínas sanguíneas (Canals y col., 2001; Farfán y col., 2007; Chacón, 2016). No obstante, en los últimos años se han desarrollado técnicas basadas en el ADN de muestras de contenido intestinal de vectores, como es el caso de la secuenciación de próxima generación (NGS), siendo una de las técnicas más eficientes y que logra secuenciar grandes cantidades de segmentos de ADN de forma masiva y en paralelo (Arias-Giraldo y col., 2020; Rubio y col., 2020). Tal es el caso estudiado por Dumonteil y col. (2018), quienes utilizaron “metabarcoding” (i.e., caracterización de la biodiversidad de una muestra de ADN) para identificar el microbioma intestinal de *Triatoma dimidiata*, los hospederos vertebrados presentes en la dieta, la diversidad genética de los parásitos y las posibles interacciones entre ellos.

Dentro de las cuatro especies de triatominos que habitan en Chile se encuentra *Mepraia spinolai*, un vector silvestre y endémico de regiones áridas, semiáridas y Mediterráneas, con una distribución geográfica que abarca desde el norte de la Región de Atacama hasta la Región de O'Higgins (~26,5° a 34°S) (Garrido y col., 2019; Botto-Mahan y col., 2020a). Presenta un comportamiento diurno con movimiento restringido y suele encontrarse en ambientes rocosos o con presencia de bromelias, los cuales utilizan de refugio mientras no busca hospederos (Botto-Mahan y col., 2020b; San Juan y col., 2020). En *M. spinolai* se han reportado frecuencias de infección por *T. cruzi* entre 1,3% y 99,0%, mediante técnica de PCR convencional (San Juan y col., 2020). Sin embargo, tanto la frecuencia como la abundancia pueden variar temporal y espacialmente según las características ecológicas de los sitios, tales como la presencia de vertebrados, condiciones climáticas, entre otros (Botto-Mahan y col., 2020a; De Bona y col., 2023).

Se ha descrito que la dieta de *M. spinolai*, al ser un vector silvestre, está restringida a fauna principalmente asociada al ambiente silvestre, como los micromamíferos *Phyllotis darwini*, *Octodon degus* y *Thylamys elegans* (Botto-Mahan y col., 2009, 2010; Jiménez y col., 2015). A pesar de ello, se ha encontrado presencia de individuos de *M. spinolai* en el ambiente doméstico y peridoméstico (Canals y col., 2000; Chacón y col., 2016; Yefi-Quinteros y col., 2018) situación que podría estar relacionada con la falta de hospederos silvestres en áreas cercanas a asentamientos humanos y la alteración del hábitat debido a la actividad humana (Acuña, 2016). A pesar de ello, los triatominos silvestres con el potencial de estar infectados con *T. cruzi*, presentan un bajo interés epidemiológico debido a su baja frecuencia de visitas a viviendas humanas y lugares vecinos (Canals y col., 2017).

La incorporación de nuevos hospederos domésticos y peridomésticos en la dieta de *M. spinolai*, puede causar un aumento en la tasa de contacto entre triatominos y humanos, lo que puede tener consecuencias epidemiológicas para la población humana (Noireau y col., 2009; Botto-Mahan y col., 2010; Correa y col., 2020). Según Schenone y col. (1985) se encontraron ejemplares de *M. spinolai* positivas a *T. cruzi*, en viviendas del Observatorio Astronómico de La Silla, Región de Coquimbo. En un principio, se halló que los vectores se alimentaban de sangre de zorros y roedores silvestres, sin embargo, 10 años más tarde se capturaron ejemplares de vinchucas en la zona y se confirmó al humano como principal fuente de alimentación, sugiriendo que entre las posibles causas estaba el cambio en los ambientes silvestres (Salas, 2020).

La relevancia epidemiológica de *M. spinolai* se puede medir a través de diversos parámetros, siendo los más relevantes: (i) la ubicación geográfica del vector, es decir, la distancia entre las poblaciones de *M. spinolai* y los asentamientos humanos; (ii) la frecuencia de infección, indicando cuán infectada se encuentra una población del vector;

(iii) la antropofilia, es decir, preferencia por alimentarse de sangre del humano (Ribeiro-Castro y col., 2018).

En este trabajo se busca evaluar si el humano y sus vertebrados asociados (ganado, especies invasoras sinantrópicas y animales de compañía) están presentes en la dieta de la vinchuca endémica y silvestre *Mepraia spinolai*, mediante el uso de NGS, así evaluar su asociación con el estatus de infección con *T. cruzi* en este vector, el tipo de asentamiento humano y su cercanía.

Objetivos

Objetivo General

Evaluar la presencia del humano y sus vertebrados asociados (e.g., ganado, especies invasoras sinantrópicas y animales de compañía) en la dieta de *M. spinolai*, mediante el uso de NGS, evaluando su asociación con el estatus de infección con *T. cruzi* en el vector, el tipo y cercanía de los asentamientos humanos.

Objetivos Específicos

- Detectar el estatus de infección por *T. cruzi* en 28 poblaciones de *M. spinolai*.
- Caracterizar la dieta de *M. spinolai* mediante NGS.
- Establecer la distancia entre poblaciones de *M. spinolai* y asentamientos humanos.
- Caracterizar el tipo de asentamiento humano.
- Establecer la asociación de la dieta de *M. spinolai* con infección por *T. cruzi* y asentamiento humano (tipo y cercanía).

Metodología

Captura de ejemplares

La identificación de los sitios de muestreo se llevó a cabo como parte de dos proyectos de investigación, abarcando los años 2014-2018 y 2019-2020. Se identificaron 28 localidades de muestreo de *M. spinolai*, abarcando un rango latitudinal de aproximadamente 800 km, entre $\sim 26,8^{\circ}$ S y $33,4^{\circ}$ S (Fig. 1). En cada una de las 28 localidades, se realizó captura manual de *M. spinolai*, sin sesgar el muestreo (i.e., recolectando todos los ejemplares que se acercaran al investigador capacitado para capturar, utilizando ropa adecuada para evitar el contacto). Las capturas se realizaron entre 10:00 y 13:00, considerando un esfuerzo de muestreo de al menos 1 hora por localidad. Una vez capturados, los ejemplares fueron almacenados de forma individual para evitar contaminación cruzada con *T. cruzi* presente en las heces y luego transportados al Laboratorio de Ecología de Interacciones en la Facultad de Ciencias, Universidad de Chile.

Procesamiento de vinchucas

Una vez en el laboratorio, las vinchucas capturadas fueron sometidas a un golpe de frío a -20°C por 48 horas. Luego, de forma individual, los ejemplares fueron sometidos a compresión abdominal, para así obtener muestras intestinales y de heces. Se mezcló un máximo de 25 mg de cada muestra con 20 μl de agua libre de nucleasas, y se almacenó individualmente a -20°C hasta la extracción de ADN. Para el procesamiento de las vinchucas se utilizaron elementos de protección con el fin de evitar contaminación de los ejemplares con ADN humano (i.e., del investigador procesando las muestras). De igual manera, los instrumentos de laboratorio fueron esterilizados entre cada procedimiento de obtención de muestras para evitar contaminación cruzada entre ejemplares.

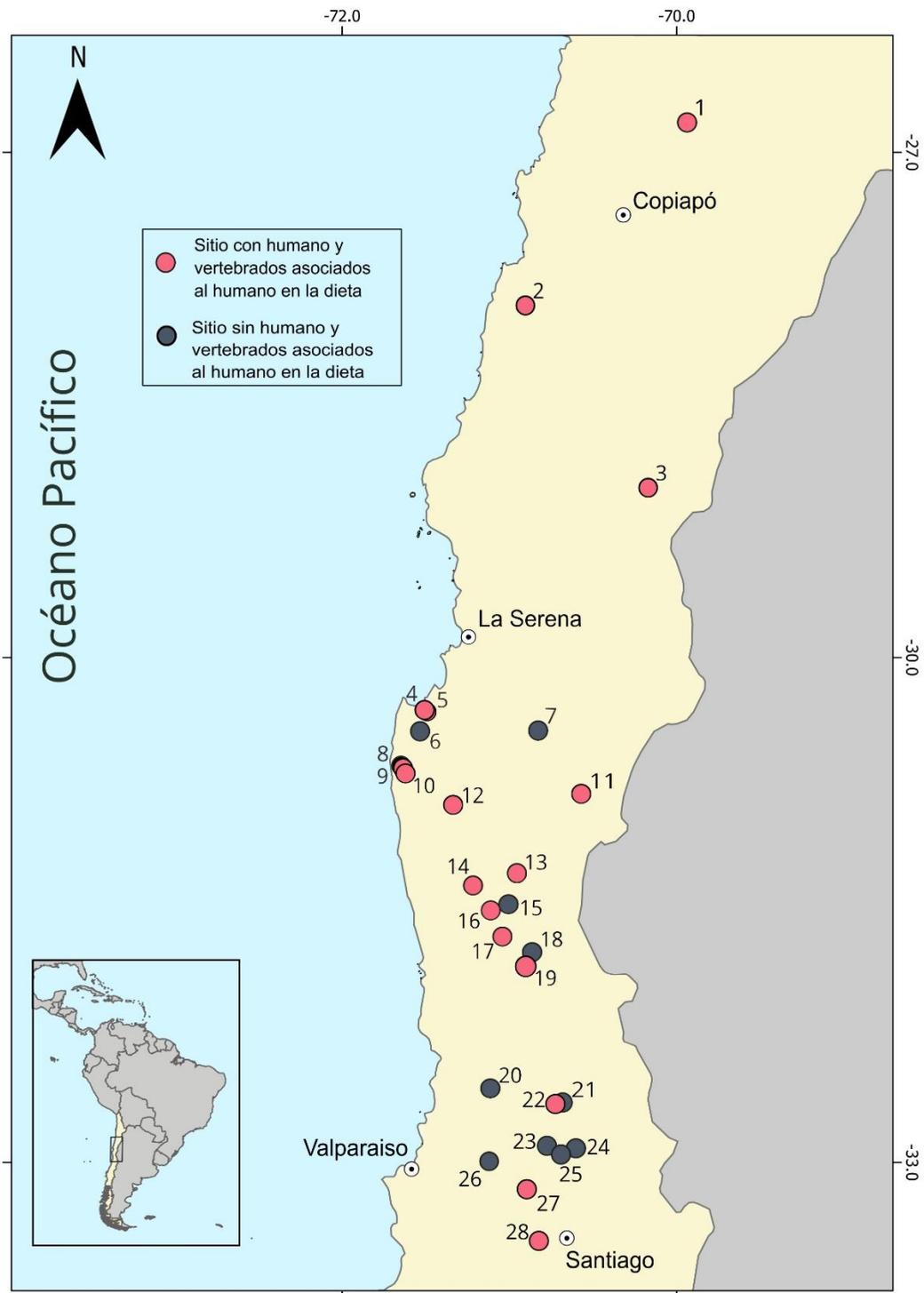


Figura 1. Mapa del Norte-Centro de Chile con la localización geográfica de los 28 sitios estudiados, destacando los sitios con presencia de vertebrados asociados al humano en la dieta de *Mepraia spinolai*. Sitios con (círculo rosa) y sin (círculo gris) presencia de humano y sus vertebrados asociados en la dieta. Ver detalle de cada población en la Tabla 1.

Extracción de ADN

Para las muestras intestinales de los años 2014-2016 se extrajo ADN genómico mediante el kit de extracción MoBio UltraClean Tissue & Cells DNA Isolation Kit, siguiendo las recomendaciones del fabricante (se utilizaron dos kits de extracción distintos debido a que las muestras biológicas provenían de dos proyectos distintos). Para las muestras intestinales de los años 2019-2020, se extrajo ADN genómico mediante kit de extracción InnuPREP DNA Mini Kit, siguiendo de igual manera las recomendaciones del fabricante (ver detalle en Tabla A1). El ADN extraído fue almacenado a -20°C hasta análisis moleculares posteriores.

Detección de *T. cruzi*

Para detectar la presencia de *T. cruzi* en las poblaciones de *M. spinolai* de los años 2014-2016, se utilizó la técnica de PCR convencional en triplicado con los oligonucleótidos 121 (5'-AAA TAA TGT ACG GK GAG ATG CAT GA-3') y 122 (5' GGG TTC GATTGG GGT TGG TGT-3'), que hibridan con las cuatro regiones conservadas del kinetoplasto de *T. cruzi* (Botto-Mahan y col. 2005; San Juan y col., 2020). Se utilizó una muestra de 5 µl de templado de ADN en 50 µl de volumen final. Para cada ensayo se incluyó un control negativo con agua libre de nucleasas en lugar de ADN, y un control positivo que contenía ADN de kinetoplastidos purificados de *T. cruzi*. Se consideró a un triatomino infectado cuando al menos uno de los tres ensayos mostró amplificación.

Para las muestras de ADN genómico de los años 2019-2020, se detectó la presencia de *T. cruzi* mediante qPCR con los oligonucleótidos Cruzi 1 (5'-AST CGG CTG ATC GTT TTC GA-3') y Cruzi 2 (5'-AAT TCC TCC AAG CAG CGG ATA-3') (Piron y col., 2007) con una concentración de 0,4 µM, 5x HOT FIREPol® EvaGreen® qPCR Mix Plus (Solis BioDyne, Taru, Estonia) y 5 µl de templado de ADN, con un volumen final de 20 µl. Todos los ensayos se realizaron en un qPCR QuantStudio® 3 Real-Time PCR System (Thermofisher, USA)

con un duplicado por muestra, usando en cada ensayo ADN de kinetoplástidos purificado de *T. cruzi* como control positivo y agua libre de nucleasas como control negativo. Se consideró a un triatomino como infectado cuando el ciclo umbral (C_i) para *T. cruzi* fue menor de 42 (Estay-Olea y col., 2020).

Secuenciación de próxima generación (NGS)

En las 28 localidades de *M. spinolai* se secuenció mediante NGS (MrDNAlab, Shallowater, TX, USA) un pool de ADN de muestras intestinales elegidas al azar de hasta 10 individuos, tanto de infectados como no infectados con *T. cruzi*, por separado (i.e., dos pools por población cuando existían individuos infectados y no infectados). Se realizó un ensayo de diversidad utilizando bTEFAP® illumina 20k en el citocromo b (Cytb) de vertebrados, utilizando los mismos oligonucleótidos descritos anteriormente, para cada año.

Los datos de secuenciación se filtraron utilizando Sickle 1.33 (<https://github.com/ucdavis-bioinformatics/sickle>) eliminando las lecturas menores a 200 pares de bases. Se eliminaron las secuencias del adaptador y del cebador con CutAdapt 1.18 (Martin, 2011). Luego se usó vsearch v2.18.0 (Rognes y col., 2016) para generar unidades taxonómicas operativas (OTU), usando una identidad de secuencia del 97%. Se descartaron las OTUs con menos de 100 lecturas. Cada OTU se comparó con secuencias de Cytb de la base de datos de nucleótidos de NCBI con la herramienta BLASTn, disponible en <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>, asignándole así a cada una la especie con la puntuación más alta. Las especies poco concluyentes fueron identificadas mediante revisión bibliográfica, seleccionando a la especie taxonómicamente más próxima y corroborando si coincidía la distribución geográfica con las localidades de muestreo.

Distancia a asentamientos humanos

La distancia a asentamientos humanos se calculó utilizando capas de asentamientos humanos del Instituto Nacional de Estadísticas (INE), (disponible en

<https://www.ine.gob.cl/herramientas/portal-de-mapas/geodatos-abiertos>), para clasificar el tipo de asentamiento más cercano de acuerdo al número de habitantes, dividiéndose en (i) caserío: entidad rural que posee tres viviendas o más, cercanas entre sí, con menos de 301 habitantes; (ii) aldea: entidad rural cuya población fluctúa entre 301 y 2000 habitantes, con más de 50% de su población dedicada a actividades primarias; (iii) ciudad: entidad urbana que cuenta con más de 5000 habitantes (Instituto Nacional de Estadística, 2019)¹. La distancia entre el sitio de muestreo y el asentamiento humano más cercano se midió utilizando la herramienta “medir línea” en el software QGIS 3.28.0 (QGIS Development Team, 2022).

Análisis Estadísticos

Se realizó una prueba de Kruskal-Wallis utilizando la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai* para comparar su presencia en la dieta de los pools infectados y no infectados. Con el objetivo de visualizar la relación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai* con la distancia a asentamientos humanos y el tipo de asentamiento humano, se realizó un modelo lineal generalizado (GLM). Se construyó un modelo con una distribución “quasipoisson” para cada tipo de pool (individuos positivos y negativos), utilizando como variables la proporción de humano y sus vertebrados asociados (variable dependiente), la categorización de los asentamientos humanos (caserío, aldea y ciudad) y la distancia sitio de estudio-asentamiento humano, como variables independientes. Los análisis estadísticos se realizaron en el software R versión 4.2.2 (R Core Team, 2022).

¹ Los pueblos corresponden a una entidad urbana cuya población fluctúa entre 2001 y 5000 habitantes, sin embargo, en el presente estudio no se identificó tal tipo de asentamiento humano.

Resultados

Captura de *M. spinolai* y niveles de infección con *T. cruzi*

En las 28 poblaciones se capturaron un total de 4108 individuos. Se encontró una frecuencia de infección entre 0% (Población Lagunilla, N° 6) y 99,0% (Población Chacabuco, N° 25). En la Tabla 1 se muestran la frecuencia de infección con *T. cruzi* en cada población de *M. spinolai*, con su respectiva numeración.

Tabla 1. Código y nombre de cada población (ordenadas de norte a sur), número de individuos de *Mepraia spinolai* capturados en cada población, frecuencia de infección con *Trypanosoma cruzi* y asentamiento humano (distancia y tipo).

N°	Población	N° de Vinchucas Capturadas	Frecuencia de Infección (%)	Distancia Asentamiento Humano (m)	Tipo Asentamiento humano
1	Inca de Oro	58	17,2	136,78	Aldea
2	Totalal	114	83,3	257,41	Caserío
3	Los Tambos	268	42,9	59,04	Caserío
4	La Mina	53	9,4	222,86	Caserío
5	La Faena	42	16,7	270,10	Caserío
6	Lagunilla	31	0,0	4574,11	Caserío
7	Pichasca	165	97,6	615,80	Caserío
8	Fray Jorge 1	36	13,9	163,74	Caserío
9	Fray Jorge 3	52	1,9	522,73	Caserío
10	Fray Jorge 4	36	36,1	1393,33	Caserío
11	El Maitén	365	2,7	412,45	Caserío
12	La Rinconada	190	2,1	613,13	Caserío
13	Valle Hermoso	315	1,3	1786,79	Caserío
14	Los Pozos	122	85,2	184,44	Caserío
15	Farellón Sánchez	142	42,3	772,37	Caserío
16	Bolsico	535	52,0	291,58	Caserío
17	Caña de Michío	224	91,5	845,86	Caserío
18	San Agustín	114	94,7	655,07	Caserío
19	La Higuera	108	87,0	912,81	Aldea
20	La Patagua	157	90,4	415,00	Caserío

21	Sahondé	106	32,1	1464,53	Ciudad
22	Piedra Pillo Pillo	159	3,14	284,65	Aldea
23	Las Blancas	116	67,2	215,98	Caserío
24	El Pedrero	143	94,4	117,95	Caserío
25	Chacabuco	103	99,0	945,29	Caserío
26	La Campana	130	68,5	2333,28	Ciudad
27	Tiltit	121	33,1	161,97	Aldea
28	Ciudad de los Valles	103	47,6	259,82	Ciudad

Caracterización de la dieta de *M. spinolai*

Se obtuvieron entre 31009 y 79009 lecturas en las 28 poblaciones de *M. spinolai*, de las cuales se identificó la presencia de 35 especies de vertebrados en la dieta, incluyendo: humano, mamíferos asociados al humano (5), mamíferos no asociados al humano (9), aves asociadas al humano (1), aves no asociadas al humano (12) y reptiles (7) (ver detalle en Tabla A2). Entre las seis especies con mayor representatividad se identificó a *Abrocoma bennettii* (17,99%), *Phyllotis darwini* (13,80%), *Octodon degus* (12,54%), *Octodon lunatus* (7,28%), *Liolaemus fuscus* (6,98%) y *Homo sapiens* (6,33%) (Tabla A2).

En 17 poblaciones de *M. spinolai* se identificó la presencia de humano y vertebrados asociados al humano en la dieta, representando un 13,15% y 10,28% en vinchucas infectadas y no infectadas, respectivamente (Fig. 2).

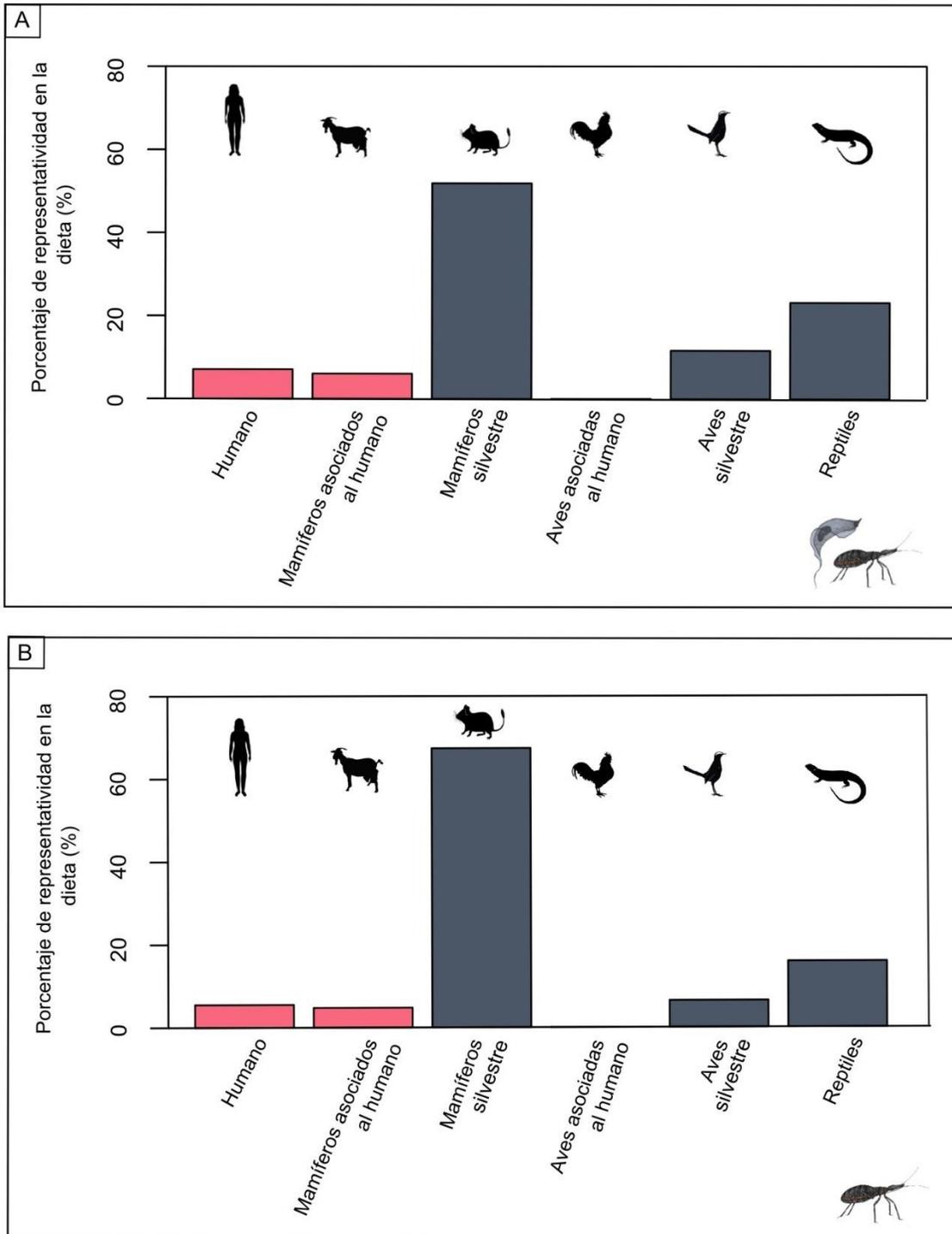


Figura 2. Porcentaje de representatividad de cada grupo de vertebrado en la dieta de pools de *Mepraia spinolai* infectadas (A) y no infectadas (B) con *Trypanosoma cruzi*.

Para ambos estatus de infección se detectó la presencia de humano y vertebrados asociados en la dieta. En vinchucas infectadas se identificó a *Mus musculus*, *Capra hircus*,

Rattus rattus, *Sus scrofa scrofa* y *Gallus gallus*, mientras que en vinchucas no infectadas se detectó a *Canis lupus familiaris*, *Capra hircus* y *Sus scrofa scrofa* (Tabla 2).

Tabla 2. Listado de las especies de vertebrados asociadas al humano (incluyendo al humano), detectados por secuenciación masiva (NGS), en la dieta de *Mepraia spinolai*. * = identificado por primera vez.

Categorización	Nombre científico	Nombre Común	% Dieta Vinchucas Infectadas	% Dieta Vinchucas no Infectadas
Humano	<i>Homo sapiens</i>	Humano	7,08	5,50
Mamífero	<i>Mus musculus</i>	Laucha	3,48	0,00
Mamífero	<i>Capra hircus</i>	Cabra	2,49	0,58
Mamífero	<i>Rattus rattus</i>	Rata	0,03	0,00
Mamífero	<i>Sus s. scrofa</i> *	Cerdo	0,05	0,02
Ave	<i>Gallus gallus</i>	Gallo	0,02	0,00
Mamífero	<i>Canis l. familiaris</i>	Perro	0,00	4,18

Al comparar la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai* para los pools infectados como los no infectados, no se observaron diferencias significativas ($X^2 = 0,002$; $p = 0,964$; Tabla A3).

Relación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai* con la distancia y el tipo de asentamiento humano

La distancia promedio (\pm DE) entre las poblaciones de vinchucas y los asentamientos humanos más cercanos fue de $746,03 \pm 932,79$ m, con un rango entre 59,04 m y 4574,11 m, siendo la distancia mínima en la localidad de Los Tambos (N°3) y la máxima en la localidad de Lagunilla (N°6) (ver Tabla 1 para más detalle). En cuanto a vinchucas infectadas, se obtuvo una asociación negativa y significativa entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai* y la distancia al asentamiento

humano ($t = -2,102$; $p = 0,046$; Tabla 3), mientras que en vinchucas no infectadas no se encontró asociación ($t = -1,280$; $p = 0,213$; Tabla 4) (Fig. A1).

Tabla 3. Modelo lineal generalizado de relación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *Mepraia spinolai* infectadas con *Trypanosoma cruzi* y las variables predictoras: Distancia a asentamiento humano y tipo de asentamiento humano (caserío, aldea y ciudad). Se muestra valores de: Estimado, desviación estándar (DE), valor de t y p .

Modelo					
Dieta Vinchucas Infectadas = Intercepto + Distancia + Tipo de Asentamiento					
Respuesta	Variable	Estimado	DE	t	p
	Intercepto	-2,599	0,538	-4,834	<0,001
	Distancia	$-1,617 \times 10^{-3}$	$7,693 \times 10^{-4}$	-2,102	0,046
Dieta	Caserío-Aldea	-2,569	0,540	-4,754	<0,001
	Aldea-Ciudad	0,606	0,702	0,863	0,397
	Caserío-Ciudad	-1,962	0,791	-2,483	0,020

Se identificaron un total de 21 caseríos, 4 aldeas y 3 ciudades como los tipos de asentamientos humanos más cercanos a las poblaciones de *M. spinolai* estudiadas. Se observó que en las vinchucas infectadas existe una relación significativa entre la proporción de humano y vertebrados asociados al humano en la dieta, según tipo de asentamiento humano, donde las vinchucas cercanas a los caseríos muestran una menor proporción de humano y vertebrados asociados al humano en la dieta (Tabla 3). Específicamente, se encontró diferencia significativa entre caserío - aldea ($p < 0,001$) y caserío - ciudad ($p = 0,020$), indicando que las vinchucas infectadas cercanas a los caseríos se diferencian de aquellas asociadas a los otros tipos de asentamientos humanos (Tabla 3). Para las vinchucas no infectadas no se observaron diferencias por tipo de asentamiento (Tabla 4).

Tabla 4. Modelo lineal generalizado de relación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *Mepraia spinolai* no infectadas y las variables predictoras: Distancia a asentamiento humano y tipo de asentamiento humano (caserío, aldea y ciudad). Se muestra valores de: Estimado, desviación estándar (DE), valor de t y p .

Modelo					
Dieta Vinchucas no Infectadas = Intercepto + Distancia + Tipo de Asentamiento					
Respuesta	Variable	Estimado	DE	t	p
	Intercepto	-1,284	$6,443 \times 10^{-1}$	-1,993	0,058
	Distancia	$-2,068 \times 10^{-3}$	$1,615 \times 10^{-3}$	-1,280	0,213
Dieta	Caserío-Aldea	2,167	2,352	0,921	0,366
	Aldea-Ciudad	$1,403 \times 10^1$	$2,875 \times 10^3$	0,005	0,996
	Caserío-Ciudad	$1,619 \times 10^1$	$2,875 \times 10^3$	0,006	0,996

Discusión

En las últimas décadas ha habido un aumento del uso de técnicas de identificación basada en el análisis de ADN de muestras del contenido intestinal en la caracterización de la dieta de los triatomíneos. En el presente estudio, se identificó a las especies de vertebrados presentes en la dieta de *M. spinolai* a través del uso de NGS, evaluando la presencia de humano y vertebrados asociados al humano en la dieta, y su relación con el estatus de infección con *T. cruzi* en el vector y con asentamientos humanos (tipo y cercanía).

Presencia de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai*

En análisis de la dieta de *M. spinolai* del presente estudio, el humano fue la sexta fuente de alimentación más predominante (6,33%). Este valor estuvo dentro de lo observado en otros estudios, donde el índice de sangre humana en la dieta de *M. spinolai* oscila entre 4,6 – 8,5% (Canals y col., 2001; Saavedra y col., 2022). Si bien, la proporción de humano en la dieta es menor a lo detectado en otras especies silvestres de Sudamérica (Buitrago y col., 2016; Arias-Giraldo y col., 2020), la elevada frecuencia de infección por *T. cruzi* en *M. spinolai* (i.e., 1,3% - 99,0%; San Juan y col., 2020), sumado a la alteración del hábitat producto de la actividad humana, puede generar un potencial aumento del contacto entre humano-triatomino y riesgo de transmisión de *T. cruzi* (Acuña, 2002; González y Frías-Lasserre, 2020).

De los vertebrados asociados al humano se identificó la presencia de *Sus scrofa scrofa*, especie descrita por primera vez en la dieta de la vinchuca silvestre en Chile. No obstante, distintos países de Latinoamérica han reportado infecciones por *T. cruzi* en esta especie ganadera (Valente y col., 1998; Roque y col., 2013; Polonio y col., 2021), pero no en Chile (Correa y col., 2020). En la región del Pantanal de Brasil, se observó infección por *T. cruzi* en cerdos domésticos que regresaron al ambiente silvestre, pasando a ser considerados un importante reservorio para la mantención del parásito (Herrera y col., 2008). De forma

similar, un estudio realizado en el sureste de México demostró que los cerdos son hospederos de *T. cruzi*, concluyendo que es de importancia mejorar el control vectorial, y así evitar la infección parasitaria en poblaciones destinadas al consumo humano (Jiménez-Coello y col., 2012). Sobre la base de lo anterior, es fundamental comenzar a estudiar la relevancia de *Sus scrofa scrofa* en la mantención de *T. cruzi* en Chile, sabiendo que en países de Latinoamérica ya presenta una importancia epidemiológica.

Dentro del grupo de especies ganaderas se identificó la presencia de *C. hircus* y *G. gallus*, especies ya descritas anteriormente en la dieta de *M. spinolai* (Rojo y col., 2020). En estudios previos, se han identificado consecuencias epidemiológicas particulares en la Región de Coquimbo, donde se ha registrado un alto número de casos de infección. Una de las actividades pecuarias predominantes en esta región es la crianza de cabras, la cual está estrechamente asociada a las viviendas. Valenzuela (2017) realizó un estudio sobre el estatus de infección en cabras que pastorean y las que se mantienen en corrales. En el concluyó que no existen diferencias significativas en relación al estatus de infección, entre cabras que pastorean y las que se mantienen en corrales. Esta falta de diferencias posiblemente se deba a que los corrales pueden funcionar como refugio para las vinchucas silvestres, aumentando la probabilidad de contacto entre cabra-triatomino; y a su vez, las cabras con pastoreo pueden entrar en contacto con focos del vector silvestre, aumentando también su tasa de contacto (Aguilera y col., 2015). A su vez, las cabras infectadas pueden transmitir el parásito a los crianceros al momento de la faena o por la ingesta de productos tales como la leche cruda, sangre cruda ("ñiachi") o por el consumo de carnes no lo suficientemente cocidas (Valenzuela, 2017). Al ser la crianza de cabras la principal actividad primaria para la región se ha evidenciado que la producción caprina podría verse perjudicada por la infección de *T. cruzi*, ocasionando millonarias pérdidas económicas para la Región de Coquimbo (Aguilera y col., 2015). En el caso de *G. gallus*, se tiene

conocimiento que es una especie refractaria a la infección de *T. cruzi* (Kierszenbaum y col., 1981), sin embargo, distintos estudios postulan que podrían desempeñar un papel indirecto en la mantención del parásito (Jamett y Méndez, 2013; Martínez-Hernández y col., 2022). Por ello, la presencia de gallineros y corrales utilizados para el manejo y mantención del ganado, podrían funcionar como refugio para las vinchucas silvestres, aumentando el riesgo de contacto entre vinchucas, el humano y otros vertebrados asociados al humano (Gorla y col., 2013; Gürtler y col., 2014; Julião y col., 2021).

Al estudiar el grupo de animales de compañía, únicamente se identificó a la especie *Canis lupus familiaris* en la localidad de Totoral (Nº2), representando el 4,18% de la dieta de vinchucas no infectadas. En estudios previos, se ha evidenciado que, geográficamente, la infección por *T. cruzi* en perros no se distribuye homogéneamente, sino que es diferente en cada región del país (Ortiz y col., 2016), lo que podría explicar el resultado obtenido, pues a pesar de ser identificado en sólo una localidad, la contribución porcentual dentro de la dieta no es menor en comparación al resto de vertebrados asociados al humano. Por ello, dicha especie es considerada uno de los principales reservorios en el ciclo doméstico y peridoméstico del parásito, tanto en Chile como en varios países de Latinoamérica, contribuyendo a la mantención y potencial incremento de las poblaciones de vinchucas (Gürtler y col., 2017; Ortiz y col., 2016; Reyes y col., 2022).

En sectores rurales, la presencia del humano, de ganado y animales de compañía pueden favorecer la presencia de roedores invasores sinantrópicos (i.e., *Rattus rattus* y *Mus musculus*) (León y col., 2007; Orduña-Mayares y col., 2022). Dichas especies poseen gran importancia en el mantenimiento de los ciclos de transmisión, ya que funcionan como conexión entre los ambientes domésticos, peridomésticos y silvestres (Ibáñez-Cervantes, 2013; Rojo y col., 2020). Específicamente, *R. rattus* presentó una representatividad del 0,03% en vinchucas infectadas, sin embargo, en estudios realizados en localidades rurales

de la Región de Coquimbo, se ha llegado a detectar una frecuencia de infección del 83,60% en este roedor invasor, información que ha catalogado a la especie como un hospedero relevante en los ciclos domésticos y peridomésticos de zonas endémicas de la enfermedad de Chagas, debido a su alta frecuencia de infección y su alta abundancia poblacional en áreas cercanas a viviendas humanas (Pinto y col., 2006; Yefi-Quinteros y col., 2018).

A pesar de la existencia de contacto entre *M. spinolai* y vertebrados asociados al humano, estudios previos han evidenciado que la disponibilidad total de mamíferos domésticos se relaciona negativamente con la abundancia de vectores infectados (López-Cancino y col., 2015; San Juan y col., 2020). No obstante, el presente estudio deja en evidencia la existencia de oportunidad de transmisión de *T. cruzi* desde el vector silvestre al ganado, animales de compañía y especies invasoras sinantrópicas, potenciando así el riesgo de transmisión a los humanos, relevando la importancia de realizar investigaciones sobre la dieta de *M. spinolai* y sus nuevas interacciones al ingresar a los ambientes domésticos y peridomésticos (Gacitúa, 2020).

Asociación entre distancia de las poblaciones de *M. spinolai* a asentamientos humanos y dieta

Se encontró que la distancia a asentamientos humanos circundantes tuvo un efecto en la proporción de humano y vertebrados asociados al humano en la dieta de vinchucas infectadas, a diferencia de lo observado en vinchucas no infectadas, donde no se detectó asociación significativa. Tal hallazgo se puede asociar a los resultados del estudio de conducta de alimentación realizado por Botto-Mahan y col. (2006), en el cual se observó que *M. spinolai* infectadas con *T. cruzi* detectan más rápido la presencia de vertebrados, en comparación con las vinchucas no infectadas. Asimismo, De Bona y col. (2023) evidencian que las vinchucas infectadas tienden a consumir una mayor diversidad de hospederos en comparación con las vinchucas no infectadas, que se alimentaban

principalmente de mamíferos. En el mismo estudio de Botto-Mahan y col. (2006), se encontró que las vinchucas infectadas defecan más rápido en comparación a las no infectadas, desencadenando en una mayor probabilidad de transmitir el protozoo al alimentarse de mamíferos, como el humano y vertebrados asociados al humano.

Esta mayor capacidad de detección podría responder a la diferencia en conducta de forrajeo entre las vinchucas infectadas y no infectadas. A su vez, la diferencia en la conducta de defecación podría potenciar la probabilidad de transmisión de *T. cruzi* a animales presentes en asentamientos humanos cercanos a colonias de vinchucas infectadas.

Asociación entre el tipo de asentamiento humano asociado a las poblaciones de *M. spinolai* y dieta

En las vinchucas infectadas asociadas a los caseríos se encontró una menor proporción de humanos y vertebrados asociados a la dieta respecto a aquellas asociadas a aldeas y ciudades. Es posible que este resultado se deba a las características de los asentamientos identificados como caseríos en el estudio, pues principalmente correspondieron a casas aisladas, algunas posiblemente deshabitadas, y en su mayoría con ausencia de establos o corrales asociados a las viviendas. A diferencia de los caseríos, las aldeas son asentamientos con mayor riqueza y potenciales lugares de refugio (e.g., establos, gallineros y corrales), representando posiblemente un mejor ambiente para las poblaciones de vinchucas (Coutinho y col., 2012; González-Brítez, 2013; Brenière y col., 2017; Monsalve-Lara y col., 2021). Por ejemplo, un estudio realizado en la localidad rural de la Comuna de Andacollo, Región de Coquimbo, identificó que el 67% de las viviendas representaron un riesgo considerable por el tipo de material de construcción utilizada, mientras que el 100% de las viviendas presentaron riesgo en el peridomicilio por la presencia de matorrales, pircas, gallineros y/o corrales de ganado, cercanos a las viviendas

(2 - 77 m) (Jamett y Méndez, 2013). Además de las fuentes de alimento y los refugios potenciales en las aldeas, se ha detectado que el conocimiento limitado sobre la enfermedad (y su transmisión), el estado socioeconómico y la limpieza del hogar también son factores que facilitan la colonización domiciliaria por las vinchucas (Brenière y col., 2017).

La presencia de vertebrados asociados al humano en el ambiente doméstico podría potenciar la tasa de contacto entre humanos y triatomíneos. Sin embargo, un estudio realizado en localidades rurales del noroeste de Argentina concluyó que la presencia de gallinas y perros en las áreas domésticas disminuye la probabilidad de que las vinchucas se alimenten de sangre humana (Gürtler y col., 1997). De forma similar, Ordóñez-Krasnowski y col. (2020), indican que la presencia de animales domésticos que descansan dentro del domicilio puede modificar en gran medida la tasa de contacto entre humanos y triatomíneos (Ordóñez-Krasnowski y col., 2020). No obstante, cada especie de vinchuca puede presentar diferentes hábitos y comportamientos, por lo que las conclusiones basadas en un estudio particular no son extrapolables a otras especies de triatomíneos. En el estudio realizado por Gacitúa (2020), se encontró evidencia de invasión de viviendas y áreas circundantes por parte de *M. spinolai* después de interrumpir la transmisión vectorial de *Triatoma infestans* en Chile. Esto sugiere que *M. spinolai* podría clasificarse como una especie de triatomíneo silvestre en proceso de domiciliación, es decir, adaptarse al ambiente doméstico y sobrevivir (Gomes, 1986), siendo necesario describir detalladamente la dinámica espacial y temporal de las invasiones de triatomíneos a viviendas.

Al igual que entre caseríos y aldeas, también se observaron diferencias entre la proporción de humano y vertebrados asociados al humano en la dieta de vinchucas infectadas cercanas a caseríos y ciudades, debido posiblemente a que el número de habitantes juegue un papel importante en el contacto entre humanos y vinchucas. En distintos países

de Latinoamérica ya se ha descrito la presencia de triatominos en áreas urbanas, tal es el caso estudiado en México, donde se ha informado la domiciliación de especies de vectores como *Triatoma rubida* y *Triatoma protacta* en áreas urbanas, situación inimaginable dos décadas atrás (Brenière y col., 2017). En el presente estudio se detectó la presencia de colonias de vinchucas infectadas a ~ 250 m de la población urbana de Ciudad de los Valles (Nº 28), donde el humano representó un 40,96% en la dieta de las vinchucas infectadas, junto a constantes notificaciones de ingreso de insectos adultos alados a los domicilios y cacetes de guardias (C. Botto, comunicación personal). Por ello, es fundamental comprender que la prevención y el control de la enfermedad de Chagas no debe centrarse exclusivamente en las localidades rurales, sino también en las áreas urbanas con riesgo de colonización y establecimiento de vinchucas, y por ende de transmisión de *T. cruzi*. Para ello, es necesario llevar a cabo investigaciones adicionales en el país con el objetivo de tomar medidas efectivas y así prevenir la transmisión de *T. cruzi* en entornos urbanos y periurbanos.

Sabiendo que no es posible mover las viviendas humanas establecidas en el hábitat natural de las vinchucas, es fundamental educar a la población humana sobre los factores que pueden potenciar su contacto con vectores de *T. cruzi* en los ambientes domésticos y peridomésticos. Más aún a los habitantes o futuros habitantes de las localidades rurales o urbanas cercanas a poblaciones de vinchucas, siendo de importancia incluir una categorización de riesgos epidemiológicos en la Evaluación de Impacto Ambiental, antes de emplazar un proyecto inmobiliario, tras lo observado en la localidad de Ciudad de los Valles (Nº28). A partir de ello, se propone como medida de control el uso de tecnologías basadas en el análisis geoespacial, herramienta epidemiológica que ha crecido exponencialmente y ya ha sido utilizada en otros países de Latinoamérica, con el fin de anticipar posibles riesgos de transmisión (Coutinho y col., 2012; Chico-Avelino y col., 2022).

Cabe tener en consideración las limitaciones del presente estudio, pues al ser un estudio transversal (i.e., los datos recolectados a partir de las localidades fueron medidos en años distintos, revisar Tabla A1), los resultados de infección tanto en mamíferos y vinchucas y de la dieta del vector podrían cambiar de acuerdo a la estación y al año de recolección de los ejemplares de *M. spinolai*, dependiendo por ejemplo de fenómenos climáticos a gran escala como El Niño o La Niña (Botto-Mahan y col., 2010, 2015, 2020b; Ihle-Soto y col. 2019; Cortés y col., 2022). Por otro lado, al evaluar los tipos de asentamientos humanos más cercanos a las colonias de vinchucas, se identificó que 21 de las 28 localidades correspondieron a caseríos, mientras que sólo cuatro y tres localidades correspondieron a aldeas y ciudades, respectivamente. Tal heterogeneidad en los tamaños de muestra de cada tipo de asentamiento aumenta la probabilidad de no detectar efecto, explicando en parte la ausencia de diferencias significativas entre aldeas-ciudades. En futuros estudios se debieran examinar muestras del mismo año y con tamaños de muestras representativas para los distintos tipos de asentamientos humanos. Finalmente, el presente estudio deja en evidencia la importancia de profundizar en el conocimiento de la enfermedad de Chagas y así, avanzar en la vigilancia de los vectores silvestres en Chile. Es necesario examinar la transmisión vectorial potencial a humanos y vertebrados asociados a éstos, así como sus efectos en la mantención del ciclo de transmisión del protozoo.

Conclusiones

- El humano y sus vertebrados asociados forman parte de la dieta de *M. spinolai*, tanto en vinchucas infectadas como no infectadas por *T. cruzi*. La presencia de vertebrados asociados al humano en la dieta de *M. spinolai* podría ayudar a distinguir posibles hospederos del parásito *T. cruzi*, en el ambiente doméstico y peridoméstico.
- Se encontró que la distancia a asentamientos humanos circundantes se asocia negativamente a la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *M. spinolai* infectadas.
- Las poblaciones de vinchucas infectadas presentaron una amplia variación en la proporción de humano y vertebrados asociados al humano entre los distintos tipos de asentamiento humano, siendo las vinchucas cercanas a los caseríos las que presentaron menor proporción de estos tipos de vertebrados en su dieta.

Bibliografía

- Acuña, M. (2016). La vinchuca silvestre: ¿una amenaza latente?. *TecnoVet*, 8(2), 14-18.
- Aguilera, C., Zulantay, I., Saavedra, M., Apt, W., Martínez, G. & Rodríguez, J. (2015). Pérdida económica por caprinos infectados con *Trypanosoma cruzi*. IV Región de Coquimbo, Chile. *Parasitología Latinoamericana*, 64(2), 23-31.
- Arias-Giraldo, L.M., Muñoz, M., Hernández, C., Herrera, G., Velásquez-Ortiz, N., Cantillo-Barraza, O., Urbano, P., Cuervo, A.M. & Ramírez, J.D. (2020). Identification of blood-feeding sources in *Panstrongylus*, *Psammolestes*, *Rhodnius* and *Triatoma* using amplicon-based next-generation sequencing. *Parasites & Vectors*, 13(1), 434.
- Botto-Mahan, C., Ortiz, S., Rozas, M., Cattán, P.E. & Solari, A. (2005). DNA evidence of *Trypanosoma cruzi* in the Chilean wild vector *Mepraia spinolai* (Hemiptera: Reduviidae). *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 100, 237-239.
- Botto-Mahan, C., Cattán P.E. & Medel, R. (2006). Chagas disease parasite induces behavioural changes in the kissing bug *Mepraia spinolai*. *Acta Tropica*, 98, 219-223.
- Botto-Mahan, C., Acuña-Retamar, M., Campos-Soto, R., Cattán, P.E. & Solari, A. (2009). European rabbits (*Oryctolagus cuniculus*) are naturally infected with different *Trypanosoma cruzi* genotypes. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 80(6), 944-946.
- Botto-Mahan, C., Campos-Soto, R., Acuña-Retamar, M., Coronado, X., Cattán, P.E. & Solari, A. (2010). Temporal variation of *Trypanosoma cruzi* infection in native mammals in Chile. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 10(3), 317-319.
- Botto-Mahan, C., Rojo, G., Sandoval-Rodríguez, A., Peña, F., Ortiz S. & Solari, A. (2015). Temporal variation in *Trypanosoma cruzi* lineages from the native rodent *Octodon degus* in semiarid Chile. *Acta Tropica*, 151, 178-181.
- Botto-Mahan, C., Correa, J.P. & Quiroga J. (2020a). Biología de las vinchucas silvestres: *Mepraia spinolai*, *Mepraia gajardoi* y *Mepraia parapatrica*. En: M. Canals (Ed.), *La enfermedad de Chagas en Chile* (pp. 177-199). Editorial Universitaria.
- Botto-Mahan, C., Bacigalupo, A., Correa, J.P., Fontúrbel, F.E., Cattán, P.E. & Solari, A. (2020b). Prevalence, infected density or individual probability of infection? Assessing vector infection risk in the wild transmission of Chagas disease. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 287, 20193018.
- Brenière, S.F., Villacis, A. & Aznar, C. (2017). Vector transmission: How it works, what transmits, where it occurs. En: J. Telleria, M. Tibayrenc. (Ed.), *American Trypanosomiasis. Chagas Disease: One Hundred Years of Research*. (pp. 497-515). Elsevier.
- Buitrago, R., Bosseno, M.F., Depickère, S., Waleckx, E., Salas, R., Aliaga, C., Barnabé, C. & Brenière, S.F. (2016). Blood meal sources of wild and domestic *Triatoma infestans*

(Hemiptera: Reduviidae) in Bolivia: connectivity between cycles of transmission of *Trypanosoma cruzi*. *Parasites & Vectors*, 9, 214.

Campos-Soto, R., Ortiz, S., Cordova, I., Bruneau, N., Botto-Mahan, C. & Solari, A. (2016). Interactions between *Trypanosoma cruzi* the Chagas disease parasite and naturally infected wild *Mepraia* vectors of Chile. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 16(3), 165-171.

Canals, M., Ehrenfeld, M. & Cattán, P.E. (2000). Situación de *Mepraia spinolai*, vector silvestre de la enfermedad de Chagas en Chile, en relación con otros vectores desde la perspectiva de sus fuentes de alimentación. *Revista Médica de Chile*, 128(10), 1108-1112.

Canals, M., Cruzat, L., Molina, M., Ferreira, A. & Cattán, P. (2001). Blood host sources of *Mepraia spinolai* (Heteroptera: Reduviidae), wild vector of Chagas disease in Chile. *Journal of Medical Entomology*, 38(2), 303-307.

Canals, M., González, C., Canals, L., Canals, A., Cáceres, D., Alvarado, S., Cattán, P.E., Saavedra, M., Zulantay, I. & Apt, W. (2017). ¿Qué dicen los números de la evolución temporal de la enfermedad de Chagas?. *Revista Chilena de Infectología*, 34(2), 120-127.

Chacón, F., Bacigalupo, A., Quiroga, J.F., Ferreira, A., Cattán, P.E. & Ramírez-Tolosa, G. (2016). Feeding profile of *Mepraia spinolai*, a sylvatic vector of Chagas disease in Chile. *Acta Tropica*, 162, 171-173.

Chico-Avelino, M., López-Mejía, A., Ramos-Frías, J., Villafuentes-Téllez, H.A., Menchaca-Armenta, I., Montoya-Ayala, R., Martínez-Calvillo, S. & Manning-Cela, R.G. (2022). Synanthropic triatomines in Hidalgo state, Mexico: Spatial-temporal distribution, domestic transmission cycle, and natural infection with *Trypanosoma cruzi*. *Acta Tropica*, 234, 106618.

Correa, J.P., Bacigalupo, A., Yefi-Quinteros, E., Rojo, G., Solari, A., Cattán, P.E. & Botto-Mahan, C. (2020). Trypanosomatid infections among vertebrates of Chile: A systematic review. *Pathogens*, 9(8), 661.

Cortés, C., San Juan, E., Quiroga, N., Bacigalupo, A., Correa, J.P., Araya-Donoso, R. & Botto-Mahan, C. (2022). Condición corporal, dieta y niveles de infección con *Trypanosoma cruzi* en el vector silvestre *Mepraia spinolai* en dos años con condiciones abióticas contrastantes. *Revista Parasitología Latinoamericana*, 71(2), 157.

Coutinho, C.F., Souza-Santos, R. & Lima, M.M. (2012). Combining geospatial analysis and exploratory study of triatomine ecology to evaluate the risk of Chagas disease in a rural locality. *Acta Tropica*, 121(1), 30-33.

De Bona, S., Correa, J.P., San Juan, E., Estay-Olea, D., Quiroga, N., Bacigalupo, A., Araya-Donoso, R. & Botto-Mahan C. (2023). Opportunistic or selective? Stage-dependent feeding

behavior in a wild vector of Chagas disease. *International Journal for Parasitology*, 53(1), 55-64.

De Fuentes-Vicente, J.A., Gutiérrez-Cabrera, A.E., Flores-Villegas, A.L., Lowenberger, C., Benelli, G., Salazar-Schettino, P.M. & Córdoba-Aguilar, A. (2018). What makes an effective Chagas disease vector? Factors underlying *Trypanosoma cruzi*-triatomine interactions. *Acta Tropica*, 183, 23-31.

Dumonteil, E., Ramirez-Sierra, M.J., Pérez-Carrillo, S., Teh-Poot, C., Herrera, C., Gourbière, S. & Waleckx, E. (2018). Detailed ecological associations of triatomines revealed by metabarcoding and next-generation sequencing: implications for triatomine behavior and *Trypanosoma cruzi* transmission cycles. *Scientific Reports*, 8, 4140.

Estay-Olea, D., Correa, J.P., De Bona, S., Bacigalupo, A., Quiroga, N., San Juan, E., Solari, A. & Botto-Mahan, C. (2020). *Trypanosoma cruzi* could affect wild triatomine approaching behaviour to humans by altering vector nutritional status: a field test. *Acta Tropica*, 210, 105574.

Farfán, A.E., Gutiérrez, R. & Angulo, V.M. (2007). Using ELISA for identifying Triatominae feeding behaviour in Colombia. *Revista de Salud Pública*, 9(4), 602-608.

Galvão, C. (2021). Taxonomy. En: A, Guarneri, M, Lorenzo, (Ed.), *Triatominae - the biology of Chagas disease vectors* (pp. 15-38). Springer Nature.

Gacitúa, R. (2020). Invasión de *Mepraia spinolai* a viviendas rurales de la Región de Coquimbo: Evaluación de niveles de infección por *Trypanosoma cruzi* y fuentes de alimentación. [Memoria de Título, Universidad de Chile].

Garrido, R., Bacigalupo, A., Peña-Gómez, F., Bustamante, R.O., Cattán, P.E., Gorla, D.E. & Botto-Mahan, C. (2019). Potential impact of climate change on the geographical distribution of two wild vectors of Chagas disease in Chile: *Mepraia spinolai* and *Mepraia gajardoi*. *Parasites & Vectors*, 12, 478.

Gomes, A.C. (1986). Mecanismos e significado epidemiológico da domiciliação. *Revista De Saude Publica*, 20(5), 385-390.

González-Brítez, N. (2013). Dinámica poblacional de triatominos (Hemiptera-Reduviidae) relacionados con la transmisión de *Trypanosoma cruzi* en Paraguay, con énfasis en *Triatoma sordida*. *Memorias del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud*, 11(2), 105-111.

González, C.R. & Frías-Lasserre, D. (2020). Las especies chilenas de vinchucas (Hemiptera: Reduviidae: Triatominae), vectores de la enfermedad de Chagas. En: M. Canals (Ed.), *La enfermedad de Chagas en Chile* (pp. 113-132). Editorial Universitaria.

Gorla, D.E., Abraham, L., Hernandez, M.L., Porcasi, X., Hrellac, H.A., Carrizo, H. & Catalá, S.S. (2013). New structures for goat corrals to control peridomestic populations of *Triatoma infestans* (Hemiptera: Reduviidae) in the Gran Chaco of Argentina. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 108(3), 352-358.

Grijalva, M.J., Palomeque-Rodríguez, F.S., Costales, J.A., Davila, S. & Arcos-Teran, L. (2005). High household infestation rates by synanthropic vectors of Chagas disease in southern Ecuador. *Journal of Medical Entomology*, 42(1), 68-74.

Grijalva, M.J., Terán, D. & Dangles, O. (2014). Dynamics of sylvatic Chagas disease vectors in coastal Ecuador is driven by changes in land cover. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(6): e2960.

Gürtler, R.E., Cohen, J.E., Cecere, M.C. & Chuit, R. (1997). Shifting host choices of the vector of Chagas disease, *Triatoma infestans*, in relation to the availability of host in houses in North-West Argentina. *Journal of Applied Ecology*, 34(3), 699-715.

Gürtler, R.E., Cecere, M.C., Fernández, M. del P., Vazquez-Prokopec, G.M., Ceballos, L. A., Gurevitz, J.M., Kitron, U. & Cohen, J.E. (2014). Key source habitats and potential dispersal of *Triatoma infestans* populations in Northwestern Argentina: implications for vector control. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 8(10), e3238.

Gürtler, R.E. & Cardinal, M.V. (2017). Reservoir host competence and the role of domestic and commensal hosts in the transmission of *Trypanosoma cruzi*. *Acta Tropica*, 151, 32-50.

Herrera, H.M., Abreu, U.G.P., Keuroghlian, A., Freitas, T.P. & Jansen, A.M. (2008). The role played by sympatric collared peccary (*Tayassu tajacu*), white-lipped peccary (*Tayassu pecari*), and feral pig (*Sus scrofa*) as maintenance hosts for *Trypanosoma evansi* and *Trypanosoma cruzi* in a sylvatic area of Brazil. *Parasitology Research*, 103, 619-624.

Ibáñez-Cervantes, G., Martínez-Ibarra, A., Noguera-Torres, B., López-Orduña, E., Alonso, A.L., Perea, C., Maldonado, T., Hernández, J.M. & León-Avila, G. (2013). Identification by Q-PCR of *Trypanosoma cruzi* lineage and determination of blood meal sources in triatomine gut samples in México. *Parasitology International*, 62(1), 36-43.

Ihle-Soto, C., Costoya, E., Correa, J.P., Bacigalupo, A., Cornejo-Villar, B., Estadella, V., Solari, A., Ortiz, S., Hernández, H.J., Botto-Mahan, C., Gorla, D.E. & Cattán, P.E. (2015). Spatio-temporal characterization of *Trypanosoma cruzi* infection and discrete typing units infecting hosts and vectors from non-domestic foci of Chile. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 13(2): e0007170.

Instituto Nacional de Estadística. (2019). *Ciudades, pueblos, aldeas y caseríos*. URL: https://geoarchivos.ine.cl/File/pub/Cd_Pb_Al_Cs_2019.pdf

Jamett, C. & Méndez, M. (2013). Análisis epidemiológico de la enfermedad de Chagas, en una localidad rural de la comuna de Andacollo, Región de Coquimbo. [Tesis de pregrado, Universidad Pedro de Valdivia].

Jansen, A.M., Xavier, S.C. & Rodrigues, A.L. (2017). Ecological aspects of *Trypanosoma cruzi*: wild hosts and reservoirs. En: J. Telleria, M. Tibayrenc. (Ed.), *American Trypanosomiasis. Chagas Disease: One Hundred Years of Research*. (pp. 243-264). Elsevier.

Jiménez-Coello, M., Acosta-Viana, K.Y., Guzman-Marin, E. & Ortega-Pacheco, A. (2012). American Trypanosomiasis infection in fattening pigs from the South-East of Mexico. *Zoonoses and Public Health*, *59*, 166-169.

Jiménez, C., Fontúrbel, F.E., Oda, E., Ramírez P.A. & Botto-Mahan, C. (2015). Parasitic infection alters rodent movement in a semiarid ecosystem. *Mammalian Biology*, *80*, 255-259.

Julião, G.R., Pimentel, I.F., de França, A.K., Gil, L.H.S., Simplício, M.F., Santos da Silva, G.D., Katsuragawa, T.H. & De Souza Rodrigues, M.M. (2021). *Rhodnius spp.* infestation in palm trees and natural infection by *Trypanosoma cruzi* and *Trypanosoma rangeli* in periurban and rural areas of state of the Rondônia, in the Brazilian Amazon. *Acta Tropica*, *220*, 105963.

Kierszenbaum, F., Gottlieb, C.A. & Budzko, D.B. (1981). Antibody-independent, natural resistance of birds to *Trypanosoma cruzi* infection. *Journal of Parasitology*, *67*(5), 656-660.

León, V., Guidobono, J.S. & Busch, M. (2007). Abundancia de *Mus musculus* en granjas avícolas: efectos locales vs. efectos espaciales. *Ecología Austral*, *17*(2), 189-198.

López-Cancino, S.A., Tun-Ku, E., De la Cruz-Felix, H.K., Ibarra-Cerdeña, C.N., Izeta-Alberdi, A., Pech-May, A., Mazariegos-Hidalgo, C.J., Valdez-Tah, A. & Ramsey, J.M. (2015). Landscape ecology of *Trypanosoma cruzi* in the southern Yucatan Peninsula. *Acta Tropica*, *151*, 58-72.

Martin, M. (2011). Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet.journal*, *17*, 10-12.

Martínez-Hernández, F., Oria-Martínez, B., Rendón-Franco, E., Villalobos, G. & Muñoz-García, C.I. (2022). *Trypanosoma cruzi*, beyond the dogma of non-infection in birds. *Infection, Genetics and Evolution*, *99*, 105239.

Monsalve-Lara, J., Lilióso, M., Valença-Barbosa, C., Thyssen, P.J., Miguel, D.C., Limeira, C., Gadelha, F.R., Fontes, F.V.H.M., Pires-Silva, D., Dornak, L.L., Lima, M.M., Donalísio, M.R. & Almeida, C.E. (2021). The risk of oral transmission in an area of a Chagas disease outbreak in the Brazilian northeast evaluated through entomological, socioeconomic and schooling indicators. *Acta Tropica*, *215*, 105803.

Noireau, F., Diosque, P. & Jansen, A.M. (2009). *Trypanosoma cruzi*: adaptation to its vectors and its hosts. *Veterinary Research*, 40(2), 26.

Ordóñez-Krasnowski, P.C., Lanati, L.A., Gaspe, M.S., Cardinal, M.V., Ceballos, L.A. & Gürtler, R.E. (2020). Domestic host availability modifies human-triatomine contact and host shifts of the Chagas disease vector *Triatoma infestans* in the humid Argentine Chaco. *Medical and Veterinary Entomology*, 34(4), 459-469.

Orduña-Mayares, D., Hernández-Camacho, N., Escobedo-Ortegón, F.J., Canché-Pool, E. B., Sosa-Gallegos, S.L., Zamora-Ledesma S., Villagrán-Herrera M.E., Jones, R.W. & Camacho-Macías, B. (2022). *Trypanosoma cruzi* and *Leishmania spp.* in rodents in a peri-urban area of Central Mexico. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, 35, 100779.

Ortiz, S., Ceballos, M.J., González, C.R., Reyes, C., Gómez, V., García, A. & Solari, A. (2016). *Trypanosoma cruzi* diversity in infected dogs from areas of the north coast of Chile. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, 5, 42-47.

Pinto, C.M., Ocaña-Mayorga, S., Lascano, M.S. & Grijalva, M.J. (2006). Infection by trypanosomes in marsupials and rodents associated with human dwellings in Ecuador. *Journal of Parasitology*, 92(6), 1251-1255.

Piron, M., Fisa, R., Casamitjana, N., López-Chejade, P., Puig, L., Vergés, M., Gacón, J., Gómez, I., Prat, J., Portús, M. & Sauleda, S. (2007). Development of a real-time PCR assay for *Trypanosoma cruzi* detection in blood samples. *Acta Tropica*, 103, 195-200.

Polonio, R., López-Domínguez, J., Herrera, C. & Dumonteil, E. (2021). Molecular ecology of *Triatoma dimidiata* in southern Belize reveals risk for human infection and the local differentiation of *Trypanosoma cruzi* parasites. *International Journal of Infectious Diseases*, 108, 320-329.

QGIS Development Team (2022). QGIS Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation Project. URL: <https://qgis.org>.

R Core Team. (2022). R: A Language and Environment for Statistical Computing (Versión 4.2.2) [Software]. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL: <https://www.R-project.org/>.

Reyes, C., González, C.R., Alvarado, S., Flores, L., Martín, C., Oyarce, A., Aylwin, M.P., Canals, M., Parra, A. & Valderrama, L. (2022). Chagas disease in northern Chile: Detection of *Trypanosoma cruzi* in children, dogs and triatomine bugs. *Acta Tropica*, 235, 106631.

Ribeiro-Castro, M.A.L., de Souza-Castro, G.V., de Souza, J.L., de Souza, C.R., Ramos, L.J., de Oliveira, J., da Rosa, J.A., Aranha-Camargo, L.M. & Meneguetti, D.U.O. (2018). First report of *Panstrongylus megistus* (Hemiptera, Reduviidae, Triatominae) in the State of Acre and Rondônia, Amazon, Brazil. *Acta Tropica*, 182, 158-160.

- Rives-Blanchard, N., Torres-Pérez, F., Ortiz, S., Solari, A. & Campos-Soto, R. (2017). *Trypanosoma cruzi* over the ocean: Insular zones of Chile with presence of infected vector *Mepraia* species. *Acta Tropica*, 172, 229-231.
- Rognes, T., Flouri, T., Nichols, B., Quince, C. & Mahé, F. (2016). VSEARCH: A versatile open source tool for metagenomics. *PeerJ*, 4, e2584.
- Rojo, G., Yefi-Quinteros, E. & Bacigalupo, A. (2020). El reservorio animal. En: M. Canals (Ed.), *La enfermedad de Chagas en Chile* (pp. 177-199). Editorial Universitaria.
- Roque, A.L., Xavier, S.C., Gerhardt, M., Silva, M.F., Lima, V.S., D'Andrea, P.S. & Jansen, A.M. (2013). *Trypanosoma cruzi* among wild and domestic mammals in different areas of the Abaetetuba Municipality (Pará State, Brazil), an endemic Chagas disease transmission area. *Veterinary Parasitology*, 193, 1-3.
- Rubio, S., Pacheco-Orozco, R.A., Gómez, A.M., Perdomo, S. & García-Robles, R. (2020). Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. *Universitas Medica*, 61(2).
- Saavedra, M., Bacigalupo, A., Barrera, M.V., Vergara, M., Álvarez-Duhart, B., Martín, C.M., Solís, R. & Cattán, P.E. (2022). *Trypanosoma cruzi* infection in the wild Chagas disease vector, *Mepraia spinolai*: parasitic load, discrete typing units, and blood meal sources. *Acta Tropica*, 229, 106365.
- Salas, P. (2020). Epidemiología de la enfermedad de Chagas: alta mortalidad y tasa de incidencia, Región de Coquimbo. *Revista Chilena de Infectología*, 37(4), 402-412.
- Salvatella, R., Calegari, L., Puime, A., Basmadjian, Y., Rosa, R., Guerrero, J., Martínez, M., Mendaro, G., Briano, D., Montero, C. & Wisnivesky-Colli, C. (1994). Perfil alimentario de *Triatoma rubrovaria* (Blanchard, 1843) (Hemiptera, Triatominae) en ámbitos peridomiciliarios, de una localidad rural de Uruguay. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 36(4), 311-320.
- San Juan, E., Araya-Donoso, R., Sandoval-Rodríguez, A., Yáñez-Meza, A., Quiroga, N. & Botto-Mahan, C. (2020). Lizards and rabbits may increase Chagas infection risk in the Mediterranean-type ecosystem of South America. *Scientific Reports*, 10, 1853.
- Schenone, H., Christensen, H., Vásquez, A.M., González, C., Méndez, E., Rojas, A. & Villarroel, F. (1985). Fuentes de alimentación de triatomas domésticos y su implicancia epidemiológica en relación a Enfermedad de Chagas en áreas rurales de siete regiones de Chile. *Boletín Chileno de Parasitología*, 40, 34-38.
- Valente, V.C., Valente, S.A.S., Noireau, F., Carrasco, H.J. & Miles, M.A. (1998). Chagas Disease in the Amazon Basin: Association of *Panstrongylus geniculatus* (Hemiptera: Reduviidae) with Domestic Pigs. *Journal of Medical Entomology*, 35(2), 99-103.

Valenzuela, D. (2017). Prevalencia de *Trypanosoma cruzi* en caprinos asociados a viviendas rurales de la Región de Coquimbo. [Tesis de Pregrado, Universidad de Chile].

Yefi-Quinteros, E., Muñoz San Martín, C., Bacigalupo, A., Correa, J.P. & Cattán, P.E. (2018). *Trypanosoma cruzi* load in synanthropic rodents from rural areas in Chile. *Parasites & Vectors*, 11(1), 171.

Anexo

Tabla A1. Población de *Mepraia spinolai*, año de muestreo, kit de extracción y oligonucleótidos utilizados para la detección de *Trypanosoma cruzi*.

Población	Año	Kit de Extracción	Detección de <i>T. cruzi</i>
Inca de Oro	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Totalal	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Los Tambos	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
La Mina	2019	QIAGEN	Cruzi1 and Cruzei2
La Faena	2019	QIAGEN	Cruzi1 and Cruzei2
Lagunilla	2019	QIAGEN	Cruzi1 and Cruzei2
Pichasca	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Fray Jorge 1	2019	QIAGEN	Cruzi1 and Cruzei2
Fray Jorge 3	2019	QIAGEN	Cruzi1 and Cruzei2
Fray Jorge 4	2019	QIAGEN	Cruzi1 and Cruzei2
El Maitén	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
La Rinconada	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Valle Hermoso	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Los Pozos	2016	MOBIO	Primers 121 and 122
Farellón Sánchez	2014	MOBIO	Primers 121 and 122
Bolsico	2020	QIAGEN	Cruzi1 and Cruzei2
Caña de Michío	2014	MOBIO	Primers 121 and 122
San Agustín	2016	MOBIO	Primers 121 and 122
La Higuerrilla	2016	MOBIO	Primers 121 and 122
La Patagua	2016	MOBIO	Primers 121 and 122
Sahondé	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Piedra Pillo Pillo	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Las Blancas	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
El Pedrero	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Chacabuco	2016	MOBIO	Primers 121 and 122
La Campana	2015	MOBIO	Primers 121 and 122
Tilti	2016	MOBIO	Primers 121 and 122
Ciudad de los Valles	2016	MOBIO	Primers 121 and 122

Tabla A2. Listado de especies de vertebrados identificadas en la dieta de *Mepraia spinolai* por NGS. M = Mamífero silvestre; MAH = Mamífero asociado a humano; A = Ave silvestre; AAH = Ave asociada a humano; R = Reptil; H = Humano.

Grupo	Orden	Nombre Científico	% Dieta Vinchucas Total	% Dieta Vinchucas Infectadas	% Dieta Vinchucas no Infectadas
M	Rodentia	<i>Abrocoma bennettii</i>	17,99	19,12	16,76
M	Rodentia	<i>Phyllotis darwini</i>	13,8	14,75	12,76
M	Rodentia	<i>Octodon degus</i>	12,54	8,54	16,99
M	Rodentia	<i>Octodon lunatus</i>	7,28	6,89	7,71
R	Squamata	<i>Liolaemus fuscus</i>	6,98	9,27	4,45
H	Primates	<i>Homo sapiens</i>	6,33	7,08	5,50
R	Squamata	<i>Garthia gaudichaudii</i>	5,21	5,74	4,64
M	Lagomorpha	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	4,68	0,31	9,53
R	Squamata	<i>Liolaemus monticola</i>	3,97	4,75	3,12
M	Rodentia	<i>Phyllotis limatus</i>	2,88	2,28	3,56
R	Squamata	Iguanidae sp.	2,71	2,48	2,97
A	Passeriformes	<i>Scelorchilus albicollis</i>	2,36	0,07	4,91
MAH	Carnivora	<i>Canis lupus familiaris</i>	1,98	0,00	4,18
MAH	Rodentia	<i>Mus musculus</i>	1,82	3,48	0,00
A	Passeriformes	<i>Sicalis olivascens</i>	1,69	2,02	1,32
MAH	Artiodactyla	<i>Capra hircus</i>	1,58	2,49	0,58
A	Passeriformes	<i>Phrygilus alaudinus</i>	1,44	2,74	0,00
A	Passeriformes	Icteridae sp.	1,36	2,58	0,00
R	Squamata	<i>Liolaemus nitidus</i>	0,8	0,95	0,64
A	Passeriformes	<i>Turdus falcklandii</i>	0,78	1,33	0,16
A	Passeriformes	<i>Diuca diuca</i>	0,76	1,42	0,04
A	Passeriformes	<i>Agriornis lividus</i>	0,31	0,60	0,00
A	Passeriformes	<i>Pteroptochos megapodius</i>	0,29	0,57	0,00
M	Didelphimorphia	<i>Thylamys elegans</i>	0,13	0,00	0,02
A	Accipitriformes	<i>Vultur gryphus</i>	0,12	0,23	0,00
A	Galliformes	<i>Callipepla californica</i>	0,04	0,08	0,00
R	Squamata	<i>Liolaemus lemniscatus</i>	0,04	0,00	0,09
R	Squamata	<i>Liolaemus platei</i>	0,03	0,07	0,00
MAH	Artiodactyla	<i>Sus scrofa scrofa</i>	0,03	0,05	0,02
M	Lagomorpha	<i>Lepus europaeus</i>	0,02	0,04	0,00
MAH	Rodentia	<i>Rattus rattus</i>	0,01	0,03	0,00
A	Passeriformes	<i>Asthenes humicola</i>	0,01	0,00	0,03
A	Passeriformes	<i>Muscisaxicola rufivertex</i>	0,01	0,03	0,00
M	Rodentia	<i>Abrothrix olivaceus</i>	0,01	0,00	0,03
AAH	Galliformes	<i>Gallus gallus</i>	0,01	0,02	0,00

Tabla A3. Listado de la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *Mepraia spinolai*, tanto para pools de vinchucas infectados como no infectadas, para los 28 sitios de muestreo.

Población	Proporción de humano y vertebrados asociados	
	Pools infectadas	Pools no infectadas
Inca de Oro	0,93461	0,02728
Total	0	1
Los Tambos	0,44324	0,13591
La Mina	0	0,07908
La Faena	0	0,01614
Lagunilla	0	0
Pichasca	0	0
Fray Jorge 1	0	0
Fray Jorge 3	0,0502	0
Fray Jorge 4	0	0,00751
El Maitén	0,04103	0,01331
La Rinconada	0,0363	0,01249
Valle Hermoso	0	0,03529
Los Pozos	0,1182	0,77609
Farellón Sánchez	0	0
Bolsico	0,05754	0,04306
Caña de Michío	0	0,2756
San Agustín	0	0
La Higuera	0,4546	0
La Patagua	0	0
Sahondé	0	0
Piedra Pillo Pillo	0,95513	0
Las Blancas	0	0
El Pedrero	0	0
Chacabuco	0	0
La Campana	0	0
Tilti	0,01558	0,04167
Ciudad de los Valles	0,4096	0

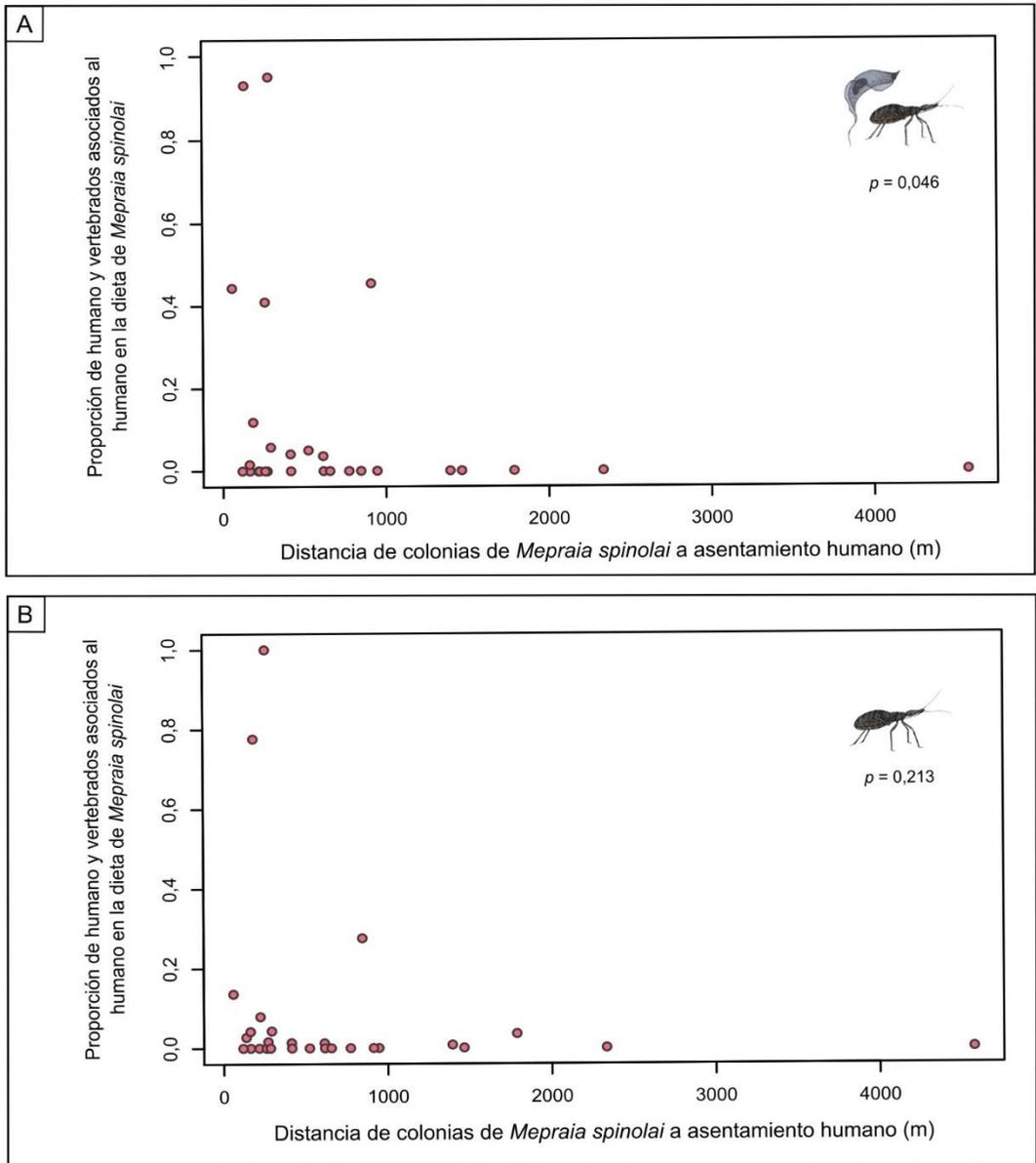


Figura A1. Asociación entre la proporción de humano y sus vertebrados asociados en la dieta de *Mepraia spinolai* y la distancia a asentamiento humano, tanto para pools de vinchucas infectadas (A) y no infectadas (B) con *Trypanosoma cruzi*.