



Revista MINERVA

Plataforma digital de la revista: <https://minerva.sic.ues.edu.sv>

Artículo Científico | Scientific Article

Prevalencia de *Trypanosoma cruzi* en murciélagos de la familia *Phyllostomidae* en la finca La Estancia de Malena, cantón Planes de Renderos, San Salvador, El Salvador

Prevalence of *Trypanosoma cruzi* in bats of the *Phyllostomidae* family at the La Estancia de Malena farm, Planes de Renderos cantón, San Salvador, El Salvador

Kevin Siliézar Madrid^{1,4}, Alberto Rafael Grande², Pamela Michelle Cornejo^{2,5}, Jairo Galileo Marroquín^{3,6}, Marvin Stanley Rodríguez^{2,7}

¹Celia Scott Weatherhead School of Public Health and Tropical Medicine, Tulane University. New Orleans, USA

² Centro de Investigación y Desarrollo en la Salud (CENSALUD), Universidad de El Salvador

³ Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Universidad de El Salvador

⁴  <https://orcid.org/0009-0006-6450-017X>

⁵  <https://orcid.org/0000-0002-0505-8880>

⁶  <https://orcid.org/0009-0000-4948-223X>

⁷  <https://orcid.org/0000-0001-9484-5431>

RESUMEN

Los tripanosomátidos son un grupo de parásitos protozoarios pertenecientes a la familia *Trypanosomatidae*, se caracterizan por poseer un único flagelo y un orgánulo llamado cinetoplasto que contiene ADN mitocondrial y es fundamental para su metabolismo y supervivencia. Estos parásitos son de gran importancia médica y veterinaria, ya que incluyen géneros como *Trypanosoma* y *Leishmania*, responsables de enfermedades que afectan a millones de personas en el mundo, como la enfermedad de Chagas, la

DOI: <https://doi.org/10.66778/RM.v09ed01.10>

Enviado: 8 de abril de 2025

Aceptado: 2 de febrero de 2026

Palabras clave: Reservorio, tripanosomátidos, enfermedad de Chagas, prevalencia, *Trypanosoma cruzi*.

Keywords: Reservoir, trypanosomatids, Chagas disease, prevalence, *Trypanosoma cruzi*.



Este contenido está protegido bajo la licencia CC BY (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

tripanosomiasis africana y la leishmaniasis. Se estima que seis millones de personas están infectadas de la enfermedad de Chagas en las Américas. Los murciélagos son el principal reservorio de tripanosomátidos en la naturaleza, estos ayudan a dispersar estos parásitos protozoarios a otros mamíferos. Aunque los murciélagos muestran poco o ningún daño al ser parasitados por tripanosomátidos, estos desempeñan un papel crucial en mantener estable esta población. Además, algunos de los tripanosomátidos que albergan los murciélagos son médicamente importantes para los humanos, como *Trypanosoma cruzi*, que es el agente etiológico de la enfermedad de Chagas. En este estudio, se exploró la frecuencia de infección de *T. cruzi* en murciélagos en el municipio de San Salvador, mediante PCR usando los primers 121/122, dando como resultado 30.2% (26/86) de murciélagos positivos a *Trypanosoma cruzi*. Además, se encontraron cuatro especímenes correspondientes al género *Trypanosoma sp*, de los cuales, no se pudo determinar la especie. Los resultados son similares a los reportados por distintos autores, especialmente en países como Colombia y Brasil, confirmado la amplia distribución biogeográfica de los tripanosomátidos en el continente, siendo de vital importancia el hecho que durante esta investigación los murciélagos capturados se hayan encontrado cerca de grandes poblaciones humanas, siendo un importante hallazgo para la salud pública.

ABSTRACT

Trypanosomatids are a group of protozoan parasites belonging to the Trypanosomatidae family, characterized by a single flagellum and an organelle called the kinetoplast, which contains mitochondrial DNA and is essential for their metabolism and survival. These parasites are of significant medical and veterinary importance, as they include genera such as *Trypanosoma* and *Leishmania*, responsible for diseases like Chagas disease, African

trypanosomiasis, and leishmaniasis, affecting millions worldwide. It is estimated that 6 million people are infected with Chagas disease in the Americas. Bats are the primary reservoir of trypanosomatids in nature, facilitating the spread of these protozoan parasites to other mammals. Although bats show little to no harm from trypanosomatid infections, they play a crucial role in maintaining stable parasite populations. Some trypanosomatids hosted by bats, such as *Trypanosoma cruzi*, the causative agent of Chagas disease, are medically significant for humans. In this study, the frequency of *T. cruzi* infection in bats in the municipality of San Salvador was investigated using PCR with primers 121/122, revealing a 30.2% (26/86) positivity rate for *Trypanosoma cruzi*. Additionally, four specimens of the *Trypanosoma* genus were identified, though their specific species could not be determined. These results align with findings reported by various authors, particularly in countries like Colombia and Brazil, confirming the wide biogeographical distribution of trypanosomatids across the continent. The fact that the captured bats were found near large human populations is a significant finding for public health.

INTRODUCCIÓN

Los tripanosomátidos son protozoarios que pertenecen al orden de los kinetoplástidos, su principal característica es una altamente inusual, concatenación de la estructura del ADN mitocondrial (Diosque et al., 2014). Los tripanosomátidos más comúnmente detectados en el neotrópico son *Trypanosoma cruzi*, *T. dionisii*, *T. rangeli* y *T. conorhini*. Actualmente se divide a *T. cruzi* en dos subespecies, en *Trypanosoma cruzi cruzi*, el cual es el agente etiológico de la enfermedad de Chagas en humanos y en *Trypanosoma cruzi marinkellei*. Se considera que *T. c. cruzi* tiene una estructura poblacional predominantemente clonal, donde la reproducción sexual ocurre raramente entre poblaciones, esto ha dado

lugar al surgimiento de siete subpoblaciones claramente distinguibles de *T. c. cruzi*, estas son clasificadas como TcI-TcVI y TcBat (Marcili et al., 2009; J. Ramírez et al., 2014; Ramos-Ligonio et al., 2012).

Un reservorio es definido como el conjunto de especies que permiten el mantenimiento de un patógeno en la naturaleza, de una forma sostenible en un periodo indeterminado de tiempo (Jansen et al., 2018). Los murciélagos son dispersores altamente exitosos, que ocupan una amplia variedad de nichos ecológicos, estos organismos corresponden a aproximadamente el 20% de los mamíferos conocidos. Los murciélagos influyen la dinámica ecosistémica donde quiera que se encuentren, actuando como polinizadores, dispersores de semillas, y reservorios de virus, hongos y parásitos. Los Tripanosomátidos son un grupo de especies que están distribuidos en todos los continentes (Butenko et al., 2018), a excepción de la Antártida; infecciones han sido reportadas en primates de África, marsupiales de Australia y en una amplia variedad de mamíferos terrestres y voladores de América.

Los murciélagos corresponden a aproximadamente el 20% de las especies de mamíferos conocidos, estos son importantes componentes de las comunidades tropicales, debido a que ocupan una amplia variedad de nichos ecológicos (Reid, 2009). La ecología de estos mamíferos resalta su relevancia como reservorio debido a su gran capacidad de desplazamiento, amplia distribución geográfica y comportamiento social. En el pasado se ha ligado a los murciélagos con el surgimiento y dispersión de enfermedades emergentes como Rabia, SARS, Hantavirus, Ébola y Tripanosomátidos (Moratelli R. et al., 2015; Melaun C. et al., 2014).

Las infecciones con tripanosomátidos, interacciones ecológicas y sus implicaciones epidemiológicas respecto a los murciélagos representan una línea de investigación muy activa en la última década. En Panamá en

2012, como parte de un estudio de parásitos asociados a murciélagos, fue observada una prevalencia del 11.6% (Pinto et al., 2015), para el mismo año en Bolivia, fue conducido un estudio en más de 90 especímenes de *Carollia perspicillata* y se detectó en la sangre de esta especie a *T. c. marinkellei* y *T. dionisii* (García et al., 2012). En el 2014 un estudio en Perú analizó la prevalencia de *Trypanosoma spp* y *T. cruzi* en más 121 murciélagos, la mayoría pertenecientes a la familia Phyllostomidae, los investigadores observaron una prevalencia del 34.7% y 5% respectivamente (Villena F. et al., 2018). En un estudio conducido en Colombia en el 2014, examinaron un total de 175 especímenes de murciélagos, en su mayoría de la familia Phyllostomidae, los investigadores encontraron que el 61% especímenes presentaban infecciones positivas para Tripanosomátidos; las prevalencias respectivas fueron de *T. cruzi* (51%), *T. c. marinkellei* (9%), *T. dionisii* (13%), *T. rangeli* (21%), *T. evansi* (4%) and *T. theileri* (2%), mientras que las subpoblaciones de *T. c. cruzi* fueron TcI (60%), TcII (15%), TcIII (7%), TcIV (7%) and TcBat (11%) (J. D. Ramírez et al., 2014).

Respecto a Brasil, diversos estudios se han llevado a cabo sobre la distribución y diversidad genética de especies de tripanosomátidos. En el 2018, en la selva amazónica del estado de Acre Brasil fueron capturados más de 367 murciélagos, pertenecientes a tres familias (Phyllostomidae, Emballonuridae y Vespertilionidae), de estos, 81 murciélagos presentaron hemocultivos positivos de Tripanosomátidos, además de diversas subpoblaciones y especies como *T. rangeli* y *T. dionisii* (Dos Santos et al., 2018) (Da Costa A et al., 2016). Para el mismo año, en los bosques de galería de la sabana tropical brasileña, fueron capturados y analizados más de 146 especímenes de murciélagos, de los cuales 111 mostraron resultados positivos para tripanosomátidos por qPCR, de estos, 17 muestras fueron positivas para coinfecciones con *T. dionisii* y *Leishmania spp*, siendo el último de importancia epidemiológica por ser el agente causal de Leishmaniasis (Lourenço et

al., 2018). Se siguen encontrando y descubriendo nuevas especies de tripanosomátidos asociados a murciélagos, como es el caso de *Trypanosoma madeirae* la cual es una nueva especie descrita de Tripanosomátidos asociados a *Desmodus rotundus* “murciélago vampiro” (Barros et al., 2019).

En la actualidad, la investigación científica respecto a la enfermedad de Chagas en El Salvador, se ha enfocado en comprender y monitorear los ciclos de transmisión doméstica de *T. cruzi*, principalmente en humanos y en *T. dimidiata* (Aiga et al., 2012; Peterson et al., 2019); sin embargo el estudio de murciélagos como reservorios de tripanosomátidos cobra especial relevancia, dado su potencial rol en la transmisión silvestre de *Trypanosoma cruzi* y otras especies relacionadas. La evidencia generada en países como Brasil, Colombia, Perú y Panamá demuestra una alta diversidad genética de Tripanosomátidos en murciélagos, incluyendo DTUs de *T. cruzi* presentes en ciclos silvestres. Dado que, El Salvador comparte características ecológicas y faunísticas similares con estas regiones es fundamental investigar la presencia y diversidad de estos parásitos en murciélagos locales, no solo para comprender su dinámica de transmisión, sino también para fortalecer la vigilancia epidemiológica y prevenir posibles escenarios de transmisión zoonótica, poco o nada ha sido hecho para estudiar reservorios naturales del parásito para el país y aunque no estén directamente relacionados a la transmisión de la enfermedad a humanos, se desconoce cómo pueden estar influenciando los ciclos de transmisión.

En este estudio exploratorio y longitudinal, se llevó a cabo un muestreo aleatorio simple de Quirópteros para determinar la frecuencia de casos positivos a *Trypanosoma cruzi* y *Trypanosoma spp* en su sangre. Este estudio tiene como objetivo explorar los ciclos de transmisión selvática de la enfermedad de Chagas en murciélagos de San Salvador.

MATERIALES Y MÉTODOS

Este es un estudio de tipo exploratorio y prospectivo. Los muestreos de Quirópteros tomaron lugar entre marzo y julio, específicamente durante las fases lunares de cuarto menguante y luna llena del año 2022, con la autorización del Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales (MARN), para la captura se usaron redes de neblina de 6 m x 12 m y se empleó la clave taxonómica de México para realizar la identificación de las especies (Anthony et al., 2013). El tipo de muestreo usado fue aleatorio simple, como es descrito por previos autores (Argibay et al., 2016; Dos Santos et al., 2018; Jansen et al., 2018; L. J. Wang et al., 2019). Se seleccionaron machos y hembras no grávidas adultas para la toma de muestra sanguínea, cualquier especie que estuviera amenazada fue excluida. Una vez capturado, los especímenes fueron llevados a laboratorio de campo donde se realizó una inspección sobre el estado del espécimen para determinar si cumplía con el criterio de inclusión. Posteriormente, se suministraba una solución rehidratante de sacarosa y se preparaban para la extracción de muestra, realizando una esterilización en el área. Se extrajo sangre mediante punción de la vena superior del antebrazo de los murciélagos y se procedió a colectar a medida fluida, asegurando el buen manejo y recuperación del espécimen, se extrajo 100 ~200 µL por espécimen, si se obtenía muy poca muestra, esta era descartada. Una vez que se confirmaba que el espécimen se encontraba estable se procedía a su liberación. La sangre colectada se trasladó a un tubo de microcentrífuga de 1.5 mL con 200 µL de Solución de Guanidina-HCl a 6 M y 2 M de EDTA, los tubos fueron guardados y transportados en una hielera a refrigeración por -20°C hasta ser procesados en el laboratorio. Se usó el Kit de High Pure PCR Template Preparation de Roche para la extracción de ADN. Los primers usados para la amplificación por PCR fueron 121 F 5' AAATAATGTACGGGKGAGATGCATGA-3' y 122 R 5'-GGTTCGATTGGGGTTGCTG TAATATA-3' (García et al., 2012). La concentración de la master mix

fue de 12.5 µL de Gotaq® Green Máster Mix, 2.5 µL de primers y 5.0 µL de agua ultrapura para obtener un volumen final de 20 µL por muestra y el periodo de incubación de desnaturalización inicial por 5 minutos a 95°C, desnaturalización a 95°C por un minuto, alineamiento por 1 minuto a 65°C, extensión final por 10 minutos a 72°C durante un periodo comprendido de 35 ciclos (Vergara et al., 2019). Para la observación de los productos de PCR se realizó electroforesis en gel de agarosa al 2%, para observar si el patrón de banda coincide con *Trypanosoma cruzi cruzi* con 330 bp, para *Trypanosoma rangeli* entre 350 y 380 bp, para *T. cruzi marinkellei* entre 250-350 bp y *T. dionisii* con 600 bp (Garcia et al., 2012).

RESULTADOS

Se capturaron un total de 95 especímenes de murciélagos en cuatro viajes de campo, de los cuales nueve fueron excluidos de la fase de laboratorio, por haberse obtenido una cantidad insuficiente de sangre, contándose con 86 especímenes para este estudio (tabla 1); se obtuvieron representantes de las familias Phyllostomidae y Vespertilionidae. La primera contó con 82 individuos distribuidos en 3 subfamilias y 8 especies, de la familia Vespertilionidae se colectaron 4 individuos pertenecientes a *Rhogeessa bickham*.

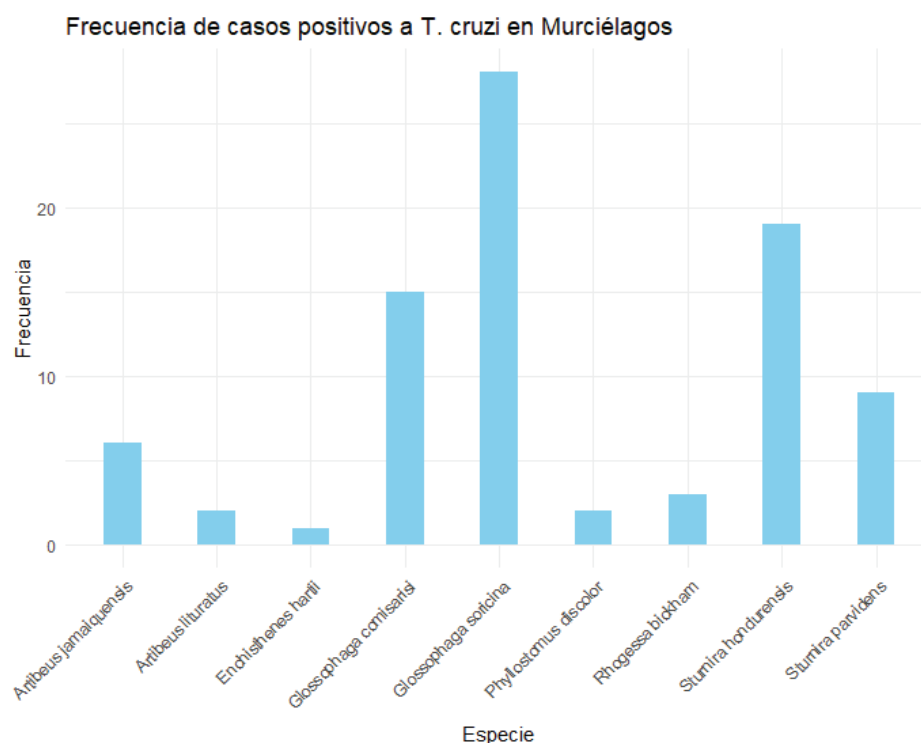
Tabla 1

Distribución de familias, subfamilias y especies capturadas de quirópteros

Subfamilias	Especie	Frecuencia
Glossophaginae	<i>Glossophaga comisarisi</i>	15
	<i>Glossophaga soricina</i>	28
Phyllostominae	<i>Phyllostomus discolor</i>	2
	<i>Artibeus lituratus</i>	2
	<i>Artibeus jamaicensis</i>	6
Sternodermatinae	<i>Sturnira hondurensis</i>	19
	<i>Enchisthenes hartii</i>	1
	<i>Sturnira parvidens</i>	9
Vespertilioninae	<i>Rhogeessa bickham</i>	3
Total		86

Figura 1

Frecuencia de pruebas positivas para *Trypanosoma cruzi* por especie encontrada



Como se observa en la figura 1 la distribución total observada para *T. cruzi* fue del 30.2% (26/86), adicionalmente, hubo 4 muestras que resultaron positivas para la presencia de *Trypanosoma*, pero para la cual no fue posible determinar la especie, debidos a los métodos empleados para este estudio, por lo cual, fueron clasificadas como *Trypanosoma spp.* reportando una frecuencia del 4.6% (4/86), por lo cual, la distribución total de tripanosomátidos fue del 34.8% (30/86). La presencia de tripanosomátidos fue observada en 30 especímenes de Quirópteros distribuidos en 7 especies, 2 familias y 4 subfamilias. La prevalencia de *T. cruzi* en los especímenes capturados de la familia Phyllostomidae fue del 30.4 % (25/82), mientras que la prevalencia para *Trypanosoma spp* en la misma familia fue del 4.8% (4/82); mientras que la frecuencia de *T. cruzi* para de la familia Vespertilionidae fue

del 25% (1/4), para esta última no se observó la presencia de otros tripanosomátidos.

DISCUSIÓN

Respecto a las muestras clasificadas como *Trypanosoma spp.*, existe evidencia que de acuerdo con el peso molecular observado (Souto y Zingales, 1993) podrían clasificarse como *T. rangeli*, aunque para clasificarlo filogenéticamente, es necesario utilizar primers específicos para la especie o herramientas de secuenciación y aunque no ha sido posible clasificarlos certeramente con las herramientas empleadas en este estudio, existe evidencia previa de la circulación de este *T. rangeli* en el país (Sasagawa et al., 2014). Para la detección de Tripanosomátidos empleamos el set primers 121 y 122, los cuales amplifican una región

mitocondrial altamente conservada entre Tripanosomátidos. En estudios previos, se ha reportado la capacidad del set para detectar y diferenciar a *T. c. cruzi*, *T. c. marinkelli*, *T. rangeli* y *T. dionisii* de acuerdo al patrón de bandas observados pero, para este estudio se reportó únicamente la presencia de *T. cruzi* y posiblemente la de *T. rangeli*, señalando una posible limitante del set para identificar a los tripanosomátidos antes mencionados; este set solo ha sido empleado exitosamente en condiciones de laboratorio con cultivos de cepas ya establecidas (Botero et al., 2010; García et al., 2012; Vallejo et al., 1999). Una de las principales limitantes del set es la incapacidad de poder detectar coinfecciones de tripanosomátidos en un mismo hospedero, las cuales se han reportado como comunes en otros estudios previos, por lo cual, ante una examinación más extensiva, podría variar las prevalencias de los tripanosomátidos antes mencionada (Bento et al., 2018; Pegorari et al., 2018). Respecto a *T. dionisii*, no podemos descartar la idea de que esté circulando en el país, debido a que se ha reportado previamente en Oceanía, Europa, América y Asia (Qiu et al., 2019).

Los sitios de muestreos utilizados en esta investigación estaban cerca de centros de urbanos y ciudades importantes en El Salvador y aunque existe muy poca evidencia de la transmisión de la enfermedad de Chagas por parte de Quirópteros a humanos, estos representan un riesgo potencial para la salud de las personas, debido a que traen la presencia del patógeno a la proximidad humana (L. F. Wang y Anderson, 2019), además es común encontrar Quirópteros dentro viviendas, en especial en zonas rurales y semirurales, favoreciendo así las interacciones que puedan surgir del mismo junto con otras especies vectores y reservorios (Bergner et al., 2021) tales como *Triatoma dimidiata* quien tiene la capacidad de alimentarse de murciélagos y es el principal vector de la enfermedad para El Salvador (OPS, 2010; Hashimoto K. et al., 2012; Zamora D.M.B et al., 2015; Dorn P.L et al., 2017).

Aunque en este estudio, no se abordó la variabilidad genética de *T. cruzi* presente en los especímenes capturados y tampoco se comparó esta con respecto a las cepas de interés clínico, se puede afirmar que es un paso clave en la comprensión de los ciclos de transmisión selvática de *T. cruzi* para el país y reforzar aún más la evidencia del rol que juegan los murciélagos como reservorios de patógenos (Austen J.M y Barbosa A.D. 2021). Es importante reconocer que los hallazgos de este estudio presentan un patrón similar de prevalencia a la encontrada en otros países de Latinoamérica (Pinto M. et al., 2012; Anthony S.J et al., 2013; Pérez-Molina J.A et al., 2014; Alves F.M et al., 2021).

Respecto a la distribución de las especies capturadas, la especie con más individuos positivos es *Glossophaga soricina*, reportando 14/28 individuos positivos capturados, aunque no es el primer estudio en reportar la presencia de tripanosomátidos en esta especie (Torres-Castro M. et al., 2021), no deja de señalar el rol epidemiológico que esta especie tiene como reservorio de tripanosomátidos es importante denotar que los hábitos alimenticios de esta especie son nectarívoros, señalando una posible ruta de contagio no ligada al consumo de insectos portadores de tripanosomátidos, si no a la posible interacción de esta especie con otros murciélagos infectados u vectores como triatomíneos. Por su parte *Stunira parvidens*, cuyos hábitos alimenticios son omnívoros, reportó una prevalencia mayor al 50% (5/9) para tripanosomátidos, aunque esta no puede considerarse representativa debido al bajo número de individuos capturados, si podemos señalar su rol epidemiológico como reservorio (Lima L. et al., 2015). Aunque los murciélagos sean considerados reservorios de tripanosomátidos en la naturaleza, esto no significa que estos no estén siendo afectados por el patógeno y que en consecuencia reduzca su posibilidad para sobrevivir en el medio, hacen falta muchos más estudios, para dilucidar el rol ecológico, que los Tripanosomátidos juegan respecto como hospederos en Quirópteros (Lourenço J.L.M et

al.,2018).Respecto a otras especies capturadas como *Phyllostomus discolor* y *Artibeus jamaicensis*, muy pocos especímenes fueron capturados en este estudio para hacer estimaciones respecto la prevalencia de dichas especies, aunque la última tiene varios reportes de infecciones con tripanosomátidos (Cottontail V.M *et al.*, 2014).

AGRADECIMIENTOS

Al Centro de Investigación y Desarrollo en Salud (CENSALUD) por permitirnos hacer uso de las instalaciones y por su apoyo. Al Licenciado Luis Girón por dar su cooperación y ayuda durante los muestreos en campo. Y a la Escuela de Biología de la Facultad de Ciencias Naturales y Matemática por guiarnos en nuestra formación académica.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aiga, H., Sasagawa, E., Hashimoto, K., Nakamura, J., Zúñiga, C., Chévez, J. E. R., Hernández, H. M. R., Nakagawa, J., & Tabaru, Y. (2012). Chagas Disease: Assessing the Existence of a Threshold for Bug Infestation Rate. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 86(6), 972. <https://doi.org/10.4269/AJTMH.2012.11-0652>
- Anthony, S. J., Ojeda-Flores, R., Rico-Chávez, O., Navarrete-Macias, I., Zambrana-Torrelío, C. M., Rostal, M. K., Epstein, J. H., Tipps, T., Liang, E., Sanchez-Leon, M., Sotomayor-Bonilla, J., Aguirre, A. A., Ávila-Flores, R. A., Medellín, R. A., Goldstein, T., Suzán, G., Daszak, P., & Lipkin, W. I. (2013). Coronaviruses in bats from Mexico. *Journal of General Virology*, 94(PART 5), 1028–1038. <https://doi.org/10.1099/vir.0.049759-0>
- Argibay, H. D., Orozco, M. M., Cardinal, M. V., Rinas, M. A., Arnaiz, M., Mena Segura, C., & Gürtler, R. E. (2016). First finding of *Trypanosoma cruzi* II in vampire bats from a district free of domestic vector-borne transmission in Northeastern Argentina. *Parasitology*, 143(11). <https://doi.org/10.1017/S0031182016000925>
- Barros, J. H. S., Lima, L., Schubach, A. O., & Teixeira, M. M. G. (2019). *Trypanosoma madeirae* sp. n.: A species of the clade *T. cruzi* associated with the neotropical common vampire bat *Desmodus rotundus*. *International Journal for Parasitology: Parasites and Wildlife*, 8, 71–81. <https://doi.org/10.1016/J.IJPPAW.2018.12.009>
- Bento, E. C., Gómez-Hernández, C., Batista, L. R., Anversa, L., Pedrosa, A. L., Lages-Silva, E., Ramírez, J. D., & Ramirez, L. E. (2018). Identification of bat trypanosomes from Minas Gerais state, Brazil, based on 18S rDNA and Cathepsin-L-like targets. *Parasitology Research*, 117(3), 737–746. <https://doi.org/10.1007/s00436-017-5744-z>

- Bergner, L. M., Becker, D. J., Tello, C., Carrera, J. E., & Streicker, D. G. (2021). Detection of *Trypanosoma cruzi* in the saliva of diverse neotropical bats. *Zoonoses and Public Health*, 68(3), 271–276. <https://doi.org/10.1111/zph.12808>
- Botero, A., Ortiz, S., Muñoz, S., Triana, O., & Solari, A. (2010). Differentiation of *Trypanosoma cruzi* and *Trypanosoma rangeli* of Colombia using minicircle hybridization tests. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 68(3), 265–270. <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2010.06.020>
- Butenko, A., Maslov, D. A., Lukeš, J., Yurchenko, V., Hashimi, H., & Votýpka, J. (2018). Trypanosomatids Are Much More than Just Trypanosomes: Clues from the Expanded Family Tree. *Trends in Parasitology*. <https://doi.org/10.1016/j.pt.2018.03.002>
- Diosque, P., Tomasini, N., Lauthier, J. J., Messenger, L. A., Monje Rumi, M. M., Ragone, P. G., Alberti-D'Amato, A. M., Pérez Brandán, C., Barnabé, C., Tibayrenc, M., Lewis, M. D., Llewellyn, M. S., Miles, M. A., & Yeo, M. (2014). Optimized Multilocus Sequence Typing (MLST) Scheme for *Trypanosoma cruzi*. *PLoS Neglected Tropical Diseases*. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003117>
- Dos Santos, F. C. B., Lisboa, C. V., Xavier, S. C. C., Dario, M. A., Verde, R. D. S., Calouro, A. M., Roque, A. L. R., & Jansen, A. M. (2018). *Trypanosoma* sp. diversity in Amazonian bats (Chiroptera; Mammalia) from Acre State, Brazil. *Parasitology*, 145(6), 828–837. <https://doi.org/10.1017/S0031182017001834>
- García, L., Ortiz, S., Osorio, G., Torrico, M. C., Torrico, F., & Solari, A. (2012). Phylogenetic analysis of Bolivian bat trypanosomes of the subgenus *schizotrypanum* based on cytochrome b sequence and minicircle analyses. *PLoS ONE*, 7(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0036578>
- Jansen, A. M., Xavier, S. C., & Rodrigues, A. I. (2018). *Trypanosoma cruzi* transmission in the wild and its most important reservoir hosts in Brazil. *Parasites and Vectors*, 11(1), 1–25. <https://doi.org/10.1186/s13071-018-3067-2>
- Lourenço, J. L. M., Minuzzi-Souza, T. T. C., Silva, L. R., Oliveira, A. C., Mendonça, V. J., Nitz, N., Aguiar, L. M. S., & Gurgel-Gonçalves, R. (2018). High frequency of trypanosomatids in gallery forest bats of a Neotropical savanna. *Acta Tropica*, 177, 200–206. <https://doi.org/10.1016/J.ACTATROPICA.2017.10.012>
- Marcili, A., Lima, L., Cavazzana, M., Junqueira, A. C. V., Veludo, H. H., Maia Da Silva, F., Campaner, M., Paiva, F., Nunes, V. L. B., & Teixeira, M. M. G. (2009). A new genotype of *Trypanosoma cruzi* associated with bats evidenced by phylogenetic analyses using SSU rDNA, cytochrome b and Histone H2B genes and genotyping based on ITS1 rDNA. *Parasitology*, 136(6), 641–655. <https://doi.org/10.1017/S0031182009005861>
- Pegorari, P. de O., Gómez-Hernández, C., Barbosa, C. G., Rezende-Oliveira, K., Pedrosa, A. L., Ramirez, J. D., & Ramirez, L. E. (2018). Bat trypanosomatids (first report of *T. wauwau*) in Triângulo Mineiro, Brazil. *BioRxiv*, 347146. <https://doi.org/10.1101/347146>
- Peterson, J. K., Yoshioka, K., Hashimoto, K., Caranci, A., Gottdenker, N., Monroy, C., Saldaña, A., Rodriguez, S., Dorn, P., & Zúniga, C. (2019). Chagas Disease Epidemiology in Central America: an Update. In *Current Tropical Medicine Reports* (Vol. 6, Issue 2, pp. 92–105). Springer Verlag. <https://doi.org/10.1007/s40475-019-00176-z>

- Pinto, C. M., Ocaña-Mayorga, S., Tapia, E. E., Lobos, S. E., Zurita, A. P., Aguirre-Villacís, F., Macdonald, A., Villacís, A. G., Lima, L., Teixeira, M. M. G., Grijalva, M. J., & Perkins, S. L. (2015). Bats, trypanosomes, and triatomines in Ecuador: New insights into the diversity, transmission, and origins of *trypanosoma cruzi* and chagas disease. *PLoS ONE*, 10(10). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0139999>
- Qiu, Y., Kajihara, M., Harima, H., Hang'ombe, B. M., Nakao, R., Hayashida, K., Mori-Kajihara, A., Changula, K., Eto, Y., Ndebe, J., Yoshida, R., Takadate, Y., Mwizabi, D., Kawabata, H., Simuunza, M., Mweene, A., Sawa, H., Takada, A., & Sugimoto, C. (2019). Molecular characterization and phylogenetic analysis of *Trypanosoma* spp. detected from striped leaf-nosed bats (*Hipposideros vittatus*) in Zambia. *International Journal for Parasitology. Parasites and Wildlife*, 9, 234–238. <https://doi.org/10.1016/j.ijppaw.2019.04.009>
- Ramírez, J. D., Hernández, C., Montilla, M., Zambrano, P., Flórez, A. C., Parra, E., & Cucunubá, Z. M. (2014). First Report of Human *Trypanosoma cruzi* Infection Attributed to TcBat Genotype. *Zoonoses and Public Health*, 61(7), 477–479. <https://doi.org/10.1111/zph.12094>
- Ramírez, J., Tapia-Calle, G., Muñoz-Cruz, G., Poveda, C., Rendón, L. M., Hincapié, E., & Guhl, F. (2014). Trypanosome species in neo-tropical bats: Biological, evolutionary and epidemiological implications. *Infection, Genetics and Evolution*, 22, 250–256. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2013.06.022>
- Ramos-Ligonio, A., Torres-Montero, J., López-Monteón, A., & Dumonteil, E. (2012). Extensive diversity of *Trypanosoma cruzi* discrete typing units circulating in *Triatoma dimidiata* from central Veracruz, Mexico. *Infection, Genetics and Evolution*. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2012.04.024>
- Reid, F. A. (2009). A Field Guide to the Mammals of Central America and Southeast Mexico. In *Oxford, New York: Oxford University Press.: Vol. Volumen 1* (Segunda ed). Oxford University Press (OUP). <https://doi.org/10.1093/jmammal/81.3.912>
- Sasagawa, E., Guevara de Aguilar, A. V., Hernández de Ramírez, M. A., Romero Chévez, J. E., Nakagawa, J., Cedillos, R. A., Misago, C., & Kita, K. (2014). Prevalence of *Trypanosoma cruzi* infection in blood donors in El Salvador between 2001 and 2011. *Journal of Infection in Developing Countries*. <https://doi.org/10.3855/jidc.4035>
- Souto, R. P., & Zingales, B. (1993). Sensitive detection and strain classification of *Trypanosoma cruzi* by amplification of a ribosomal RNA sequence. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 62(1), 45–52. [https://doi.org/10.1016/0166-6851\(93\)90176-X](https://doi.org/10.1016/0166-6851(93)90176-X)
- Vallejo, G. A., Guhl, F., Chiari, E., & Macedo, A. M. (1999). Species specific detection of *Trypanosoma cruzi* and *Trypanosoma rangeli* in vector and mammalian hosts by polymerase chain reaction amplification of kinetoplast minicircle DNA. In *Acta Tropica* (Vol. 72).
- Vergara, C., Muñoz, G., Martínez, G., Apt, W., & Zulantay, I. (2019). Detection of *Trypanosoma cruzi* by PCR in adults with chronic Chagas disease treated with nifurtimox. *PLoS ONE*, 14(8). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0221100>
- Wang, L. F., & Anderson, D. E. (2019). Viruses in bats and potential spillover to animals and humans. In *Current Opinion in Virology* (Vol. 34). <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2018.12.007>
- Wang, L. J., Han, H. J., Zhao, M., Liu, J. W., Luo, L. M., Wen, H. L., Qin, X. R., Zhou, C. M., Qi, R., Yu, H., & Yu, X. J. (2019). *Trypanosoma dionisii* in insectivorous bats from northern China. *Acta Tropica*, 193, 124–128. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2019.02.028>