



**La coproparasitología como herramienta para la vigilancia zoonótica: Revisión sistemática
en poblaciones caninas en Colombia**

Autora

Kenny Alejandra Santana Rodriguez

**Título por el que opta
Médico Veterinario**

Director

Carlos Mario Ospina Varón

**Grupo de Investigación
ECOBIO**

**Línea de Investigación
Medicina de la Conservación Animal**

**Facultad de Ciencias Básicas
Programa de Medicina Veterinaria
Universidad Santiago de Cali
Santiago de Cali – Colombia
Año 2026**

IMPACTOS

IMPACTO	PRODUCTO	BENEFICIARIO(S)
Económico		
Responsabilidad social		
Científico	Monografía de investigación	Comunidad estudiantil de la Universidad Santiago de Cali
Indicadores de Gestión		
Tecnológico		
Técnico		
Ambiental		
Social		
Cultural		

LA COPROPARASITOLOGÍA COMO HERRAMIENTA PARA LA VIGILANCIA ZONÓTICA: REVISIÓN SISTEMÁTICA EN POBLACIONES CANINAS EN COLOMBIA

Kenny Alejandra Santana Rodriguez (Kenny.santana00@usc.edu.co)

Grupo de Investigación ECOBIO, Programa de Medicina Veterinaria. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Santiago de Cali. Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia

RESUMEN

Esta revisión sistemática aborda la problemática de los parásitos zoonóticos transmitidos por cánidos domésticos en Colombia, un escenario donde las técnicas coproparasitológicas tradicionales presentan limitaciones críticas de sensibilidad ante prevalencias alarmantes. El objetivo central fue analizar cómo la integración de métodos cuantitativos, epidemiología molecular y modelos predictivos optimiza la vigilancia bajo el enfoque One Health. A nivel metodológico, se sintetizaron investigaciones sobre tecnologías avanzadas, destacando la qPCR para cuantificar Genomas Parasitarios por Gramo (GPG) y superar las deficiencias de métodos semicuantitativos como Kato-Katz. Asimismo, se examinó el rol de la epidemiología molecular para genotipificar cepas zoonóticas (ej. *Giardia duodenalis*) y detectar resistencia antihelmíntica. También se evaluó el uso de aprendizaje automático (ML) para mitigar el retraso epidemiológico, y la Evaluación Cuantitativa del Riesgo Microbiológico (QMRA) para estimar riesgos de exposición humana en el marco de la vigilancia comunitaria. Los hallazgos evidencian que estas herramientas alcanzan sensibilidades diagnósticas de hasta el 100 %, permiten anticipar brotes con gran precisión y generan beneficios económicos preventivos sustanciales. En conclusión, la convergencia de estas tecnologías consolida a la coproparasitología canina como un componente vital de la bioseguridad y salud pública global, aunque exige superar importantes desafíos técnicos y de gobernanza.

Palabras clave: Cánidos domésticos; Coproparasitología; One Health, Vigilancia Zoonótica, Revisión Sistemática.

COPROPARASITOLOGY AS A TOOL FOR ZONOTIC SURVEILLANCE: SYSTEMATIC REVIEW IN CANINE POPULATIONS IN COLOMBIA

ABSTRACT

This systematic review addresses the problem of zoonotic parasites transmitted by domestic canids in Colombia, a scenario where traditional coproparasitological techniques present critical sensitivity limitations in the face of alarming prevalence rates. The central objective was to analyze how the integration of quantitative methods, molecular epidemiology, and predictive models optimizes surveillance under the One Health approach. Methodologically, research on advanced technologies was synthesized, highlighting qPCR to quantify Parasite Genomes per Gram (PGG) and overcome the deficiencies of semi-quantitative methods such as Kato-Katz. Likewise, the role of molecular epidemiology in genotyping zoonotic strains (e.g., *Giardia duodenalis*) and detecting anthelmintic resistance was examined. The use of machine learning (ML) to mitigate epidemiological delays, and Quantitative Microbiological Risk Assessment (QMRA) to estimate human exposure risks within the framework of community surveillance, were also evaluated. The findings show that these tools achieve diagnostic sensitivities of up to 100%, allow for the anticipation of outbreaks with high precision, and generate substantial preventive economic benefits. In conclusion, the convergence of these technologies consolidates canine coproparasitology as a vital component of global biosecurity and public health, although it requires overcoming significant technical and governance challenges.

Keywords: *Domestic canids; Coproparasitology; One Health, Zoonotic Surveillance, Systematic Review.*

HIGHLIGHTS

- La qPCR en coproparasitología canina mostró una sensibilidad diagnóstica de hasta el 100% para protozoos y helmintos en una sola muestra fecal, superando el 74.72% de métodos tradicionales como Kato-Katz para *Toxocara canis*.
- Los modelos de Machine Learning con Bosques Aleatorios redujeron el retraso epidemiológico en 12 días y permitieron intervenciones dentro de las primeras 48 horas, logrando una precisión AUC de 0.95, sensibilidad del 91% y especificidad del 88% para clasificar brotes.
- La implementación de marcos de ML predictivo puede reducir pérdidas económicas globales en 20-25 mil millones de dólares anuales al mejorar los tiempos de respuesta ante brotes. En el Reino Unido, las medidas actuales contra nematodos zoonóticos previenen alrededor de 5.5 millones de infecciones cada año en perros y gatos.

1. INTRODUCCIÓN

La milenaria relación entre los seres humanos y los cánidos domésticos (*Canis lupus familiaris*) ha forjado una interdependencia emocional y social que posiciona al perro como un miembro esencial del núcleo familiar contemporáneo. Sin embargo, esta estrecha convivencia y el uso compartido de entornos urbanos exponen a ambas especies a riesgos epidemiológicos de gran impacto. Los caninos actúan como reservorios primarios de una vasta diversidad de parásitos zoonóticos que, a pesar de los continuos avances en la medicina veterinaria, persisten como un desafío crítico para la salud pública mundial, afectando con especial severidad a las regiones tropicales y subtropicales de América Latina (Meriguetti et al., 2022). La magnitud de esta amenaza queda demostrada en reportes epidemiológicos recientes, los cuales advierten sobre la alta prevalencia de microorganismos zoonóticos como *Ancylostoma caninum*, *Toxocara canis* y *Giardia* spp., en áreas urbanas latinoamericanas. Los datos evidencian factores de riesgo determinantes para la diseminación ambiental de estadios infectantes, sobresaliendo las poblaciones caninas jóvenes (menores de 24 meses), las hembras y los individuos carentes de esquemas profilácticos antiparasitarios.

El impacto de esta dinámica es alarmante; la toxocariasis, por ejemplo, es catalogada por los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) como una de las cinco

infecciones parasitarias más desatendidas, principalmente porque su cuadro clínico inespecífico en humanos propicia diagnósticos tardíos o erróneos, así como morbilidades extendidas (Rivera et al., 2025). Frente a este contexto, resulta apremiante que la coproparasitología canina evolucione de ser un mero recurso de diagnóstico clínico individual hacia un sistema integral de vigilancia activa.

Esta transición requiere la adopción de métodos cuantitativos de alta precisión, la implementación de herramientas de epidemiología molecular, el uso de modelos predictivos y la incorporación transversal del paradigma One Health. En consonancia con estas necesidades, en la presente monografía se estructuró un análisis sistemático de la evidencia científica concerniente a la aplicación de dichos métodos diagnósticos y predictivos bajo el enfoque One Health. El objetivo fundamental consistió en definir estrategias que consoliden la coproparasitología como un pilar en la vigilancia zoonótica y la toma de decisiones en salud pública. Para alcanzar este propósito, se examinó el desempeño y validación de los ensayos cuantitativos en caninos, se evaluó la utilidad de técnicas moleculares como la qPCR y la genotipificación, y se revisó el alcance de los modelos predictivos en el rastreo de parásitos zoonóticos. Asimismo, se sintetizaron las estrategias óptimas para la comunicación del riesgo sanitario. De este modo, se busca dar respuesta a la pregunta central: ¿De qué manera la integración de métodos cuantitativos validados y herramientas de epidemiología molecular puede fortalecer el papel de la coproparasitología canina como instrumento efectivo para la vigilancia zoonótica y la respuesta oportuna en salud pública?

2. METODOLOGÍA

2.1. Diseño de búsqueda y selección de estudios

La presente investigación consistió en una revisión sistemática de la literatura científica, orientada a recopilar y analizar la evidencia sobre las técnicas coproparasitológicas aplicadas a la detección de parásitos zoonóticos en poblaciones caninas y su integración en los sistemas de vigilancia epidemiológica. Para garantizar la transparencia, reproducibilidad y el rigor metodológico, el proceso de búsqueda, selección y extracción de datos se ejecutó siguiendo los lineamientos de la declaración PRISMA 2020.

La formulación de la pregunta de investigación se estructuró mediante la estrategia PICO modificada, lo que permitió delimitar el alcance de la revisión y definir con precisión la evidencia requerida. La recopilación de información se llevó a cabo consultando bases de datos de alto impacto en ciencias biomédicas y medicina veterinaria, específicamente: PubMed, Web of Science, Scopus y Food Science and Technology Abstracts (FSTA).

La estrategia de búsqueda se diseñó combinando descriptores específicos en inglés relacionados con la temática, tales como: canine coproparasitology, zoonotic parasites, molecular epidemiology, zoonotic surveillance, One Health, predictive modelling y machine learning. Estos términos se enlazaron mediante los operadores booleanos (AND, OR y NOT) para estructurar ecuaciones de búsqueda precisas, logrando combinaciones como canine coproparasitology AND zoonotic surveillance; molecular epidemiology AND canine parasites; y machine learning AND zoonotic diseases.

El proceso de tamizaje inicial consistió en la evaluación de títulos y resúmenes, seguida de la eliminación de registros duplicados. Posteriormente, se procedió a la lectura a texto completo de los artículos preseleccionados para verificar su pertinencia y confirmar su elegibilidad con base en los criterios preestablecidos.

2.2. Criterios de inclusión.

Se incluyeron investigaciones que cumplieran con los siguientes parámetros:

- Publicaciones primarias como estudios observacionales, ensayos clínicos, casos y series de casos publicadas preferentemente en inglés, admitiendo literatura relevante en español

y portugués.

- Investigaciones enfocadas en perros (*Canis lupus familiaris*) e investigaciones en humanos que aportaran evidencia sustancial sobre la transmisión zoonótica bajo el enfoque *One Health*.
- Estudios orientados al diagnóstico de helmintos (ej. *Ancylostoma caninum*, *Toxocara canis*) y protozoos (ej. *Giardia* spp., *Entamoeba* spp., *Isospora* spp., *Cryptosporidium parvum*).
- Investigaciones desarrolladas en poblaciones de América Latina y Colombia que evaluaran la utilidad de las técnicas coproparasitológicas en la vigilancia epidemiológica.
- Artículos que detallaran protocolos estandarizados para el manejo preanalítico, incluyendo la recolección, conservación y transporte de muestras fecales. Asimismo, estudios que evaluaran técnicas cuantitativas como Kato-Katz para la determinación de Huevos Por Gramo (HPG) y ensayos moleculares como qPCR para la cuantificación de GPG.
- Investigaciones que aplicaran modelos de Evaluación Cuantitativa del Riesgo Microbiológico (QMRA), análisis estadísticos de prevalencia y factores de riesgo, o que reportaran indicadores de rendimiento diagnóstico como sensibilidad, especificidad, y valores predictivos positivo y negativo.

2.3. Criterios de exclusión.

Se excluyeron los documentos que presentaran alguna de las siguientes características:

- Estudios realizados en especies distintas al perro que no aportaran datos relevantes para la vigilancia zoonótica, así como investigaciones enfocadas en enfermedades de origen no intestinal.
- Editoriales, cartas al editor, manuscritos sin acceso a texto completo y estudios carentes de confirmación diagnóstica rigurosa.
- Investigaciones que no evaluaran técnicas coproparasitológicas o que omitieran detalles metodológicos críticos, tales como variables preanalíticas, tiempos de procesamiento o una descripción clara del método diagnóstico empleado.
- Estudios que emplearan tecnologías cuya validez y aplicabilidad clínica o epidemiológica no pudieran ser verificadas debido a deficiencias en la descripción del procedimiento analítico.

3. DESARROLLO Y DISCUSIÓN

3.1. Limitaciones de la sensibilidad diagnóstica en la coproparasitología tradicional

La coproparasitología convencional, fundamentada en técnicas cualitativas de flotación, frotis directo o sedimentación, ha sido históricamente el estándar de oro en la clínica veterinaria diaria. No obstante, estas herramientas enfrentan limitaciones técnicas críticas cuando se aplican a la vigilancia epidemiológica, especialmente en escenarios de baja prevalencia o carga parasitaria reducida. El objetivo fundamental de la vigilancia en salud pública no es únicamente la detección de la enfermedad clínica manifiesta, sino la identificación precisa de reservorios asintomáticos y cargas subclínicas que perpetúan el ciclo de transmisión en la comunidad (Miswan et al., 2022).

La evidencia científica actual subraya que métodos ampliamente difundidos, como el de Kato-Katz, a pesar de ser superiores a otras técnicas manuales, alcanzan una sensibilidad global de apenas el 74.72% para la detección de parásitos de interés en caninos como *Toxocara canis*. Un factor determinante es su incapacidad para detectar estadios parasitarios en concentraciones bajas, particularmente en rangos de 10 a 50 huevos por gramo (hpg). Esta deficiencia implica que aproximadamente una cuarta parte de la población canina infectada es clasificada erróneamente como negativa, subestimando la prevalencia real y obstaculizando la implementación de medidas de control en áreas críticas de tránsito público, donde la contaminación del suelo y fuentes hídricas es constante (Keegan et al., 2025).

La problemática se agrava por la excreción intermitente de huevos y quistes. Mientras que la microscopía tradicional requiere analizar múltiples muestras recolectadas en días alternos para mejorar su rendimiento, lo que resulta en un proceso costoso y logísticamente complejo para programas masivos; Sin embargo, la incorporación de la PCR en tiempo real (qPCR) ha demostrado una sensibilidad de hasta el 100% en una sola muestra fecal, permitiendo además la identificación simultánea de múltiples patógenos mediante formatos multiplex (Tamás et al., 2018) (**Tabla 1**).

Tabla 1. Comparación de rendimiento entre técnicas coproparasitológicas convencionales y avanzadas.

Método	Tipo de Diagnóstico	Sensibilidad	Límite de Detección	Limitaciones Técnicas
Frotis Directo	Cualitativo	Muy Baja	Muy Alto	Volumen de muestra insuficiente.
Flotación Simple	Cualitativo	Moderada	Alto	Interferencia por densidad de solución.
Kato-Katz	Semicuantitativo	Moderada	50 hpg	Subjetividad del observador.
Mini-FLOTAC	Cuantitativo	Alta	10-15 hpg	Requiere equipo específico.
qPCR Multiplex	Cuantitativo	Muy Alta	< 1 GPG	Costo y necesidad de infraestructura.

Fuente: Adaptado de Miswan et al. (2022).

3.2. Transición hacia la cuantificación de precisión: de hpg a GPG

El fortalecimiento de la vigilancia zoonótica exige migrar de resultados binarios cualitativos hacia mediciones cuantitativas estandarizadas. La carga parasitaria es el parámetro esencial para evaluar tanto el estado del animal como el riesgo de "derrame" (spillover) hacia los seres humanos. Aunque tradicionalmente se ha utilizado el conteo de huevos por gramo (hpg) mediante McMaster o Kato-Katz, estas técnicas sufren de una alta variabilidad inter-operador y baja precisión en infecciones leves (Dunn et al., 2020).

En respuesta, la investigación veterinaria de vanguardia está adoptando el concepto de Genomas Parasitarios por Gramo (GPG) mediante qPCR. Esta métrica ofrece una lectura objetiva basada en la fluorescencia, eliminando la subjetividad del microscopista y permitiendo detectar niveles de ADN equivalentes a fracciones mínimas de un solo huevo. Existe una correlación negativa significativa entre los valores del ciclo umbral (Ct) y los conteos microscópicos, lo que valida esta técnica para ensayos clínicos y estudios de campo con una precisión sin precedentes (Lotz et al., 2025).

Para integrar estas herramientas en políticas públicas, es imperativo seguir los criterios de validación de la Organización Mundial de Sanidad Animal (WOAH por sus siglas en ingles), asegurando que los ensayos sean aptos para su propósito; Esta validación incluye la estimación de la precisión analítica y diagnóstica, cuyas formulas se presentan en la **Figura 1** (World Organization for Animal Health, 2026). La calibración del punto de corte (cut-off) es estratégica: en vigilancia de erradicación se maximiza la sensibilidad para no omitir reservorios, mientras que en estudios de prevalencia se prioriza la especificidad para evitar intervenciones innecesarias (Parikh et al., 2008).

$$DSe = \frac{\text{Verdaderos Positivos}}{\text{Total de Enfermos (Gold Standard)}}$$

$$DSp = \frac{\text{Verdaderos Negativos}}{\text{Total de Sanos (Gold Standard)}}$$

Figura 1. Formula de estimación de la precisión analítica y diagnóstica (World Organization for Animal Health, 2026).

La validación de los ensayos de qPCR para la detección de parásitos zoonóticos caninos requiere la evaluación de diversos parámetros de desempeño analítico. En la **Tabla 2** se resumen estos parámetros, sus valores de referencia y su importancia en el contexto de la salud pública.

Tabla 2. Parámetros de validación de qPCR para parásitos zoonóticos caninos.

Parámetro	Valor Típico (%)	Implicación en Salud Pública
Sensibilidad Diagnóstica (DSe)	93.0 - 100.0	Minimiza el riesgo de omitir reservorios infectantes.
Especificidad Diagnóstica (DSp)	76.7 - 99.4	Garantiza la identificación correcta de especies no patógenas.

Valor Predictivo Positivo (VPP)	Variable según prevalencia	Probabilidad de que un animal positivo realmente represente un riesgo.
Valor Predictivo Negativo (VPN)	> 99.0 en baja prevalencia	Certeza de que un área o animal está libre del parásito.

Fuente: Adaptado de Alemán (2011).

3.3. Epidemiología molecular y genotipificación de cepas zoonóticas

La coproparasitología convencional presenta limitaciones importantes para la identificación precisa de los agentes parasitarios, particularmente cuando diferentes especies o variantes genéticas presentan características morfológicas similares. En este contexto, la epidemiología molecular, mediante la aplicación de herramientas genéticas para caracterizar la diversidad y distribución de los agentes infecciosos, ha transformado la comprensión de la dinámica poblacional y de los ciclos de transmisión de las enfermedades zoonóticas (Lymbery & Thompson, 2012). En las parasitosis de importancia zoonótica, estas herramientas permiten superar la identificación basada exclusivamente en características morfológicas y alcanzar una resolución taxonómica más precisa, posibilitando la diferenciación a nivel de especie y, en determinados organismos, la identificación de ensamblajes, genotipos o variantes genéticas con distintos patrones de hospedador, distribución y potencial zoonótico (Sprong, Cacciò, & van der Giessen, 2009).

Esta resolución molecular es particularmente relevante para establecer el verdadero potencial zoonótico de determinados parásitos, ya que no todas las especies o variantes genéticas detectadas en animales presentan la misma capacidad de infectar al ser humano. La identificación precisa de estos grupos permite distinguir aquellos linajes adaptados predominantemente a hospedadores animales de aquellos capaces de participar en ciclos de transmisión entre animales y humanos, aportando evidencia fundamental para la evaluación del riesgo y la vigilancia en salud pública (Lymbery & Thompson, 2012; Thompson & Ash, 2019). Así, mientras los métodos coproparasitológicos convencionales permiten establecer la presencia de estructuras parasitarias y, en algunos casos, realizar una identificación taxonómica general, las herramientas moleculares permiten profundizar en la identidad genética del agente y, por tanto, aportar información más precisa sobre su epidemiología y

relevancia zoonótica.

Un ejemplo representativo es *Giardia duodenalis*, un complejo de especies en el que la identificación microscópica no permite discriminar entre los diferentes ensamblajes genéticos. En particular, los ensamblajes C y D se encuentran asociados principalmente con cánidos, mientras que los ensamblajes A y B presentan un mayor potencial zoonótico. Por ello, la caracterización molecular resulta indispensable para determinar qué variantes circulan en las poblaciones caninas y establecer su posible participación en ciclos de transmisión entre animales y humanos (Sprong, Cacciò, & van der Giessen, 2009). En este sentido, estudios recientes basados en genotipificación multilocus han aportado evidencia de posibles intercambios de transmisión entre humanos y caninos, especialmente en contextos caracterizados por condiciones sanitarias deficientes (Nahar et al., 2026).

Una situación similar se observa en los nematodos del género *Ancylostoma*, donde la diferenciación entre especies tiene implicaciones epidemiológicas y clínicas relevantes. *Ancylostoma caninum* se ha asociado principalmente con la larva migrans cutánea en humanos, mientras que *A. ceylanicum* posee la capacidad de completar su ciclo de vida en el hospedador humano y, por tanto, representa un riesgo zoonótico de mayor relevancia. En estos casos, la identificación molecular permite superar las limitaciones de la identificación morfológica y determinar con mayor precisión las especies presentes en las poblaciones caninas y su importancia para la salud pública (Masseti et al., 2020). De manera complementaria, el desarrollo de ensayos de PCR y qPCR multiplex ha permitido la detección y diferenciación simultánea de diversas especies de parásitos intestinales en una misma reacción, incrementando la capacidad diagnóstica frente a métodos convencionales y a técnicas como la PCR-RFLP (Dunn et al., 2020).

Entre las herramientas empleadas para alcanzar esta resolución se encuentra la PCR-RFLP (reacción en cadena de la polimerasa–polimorfismo de la longitud de los fragmentos de restricción), que permite diferenciar especies o variantes genéticas mediante la amplificación de regiones específicas del ADN y el análisis de los patrones generados después de la digestión enzimática. Aunque esta metodología ha sido útil para la caracterización molecular de parásitos de importancia zoonótica, su aplicación puede ser más laboriosa y presentar una capacidad de procesamiento inferior a la de los ensayos de qPCR multiplex, particularmente cuando se requiere analizar múltiples agentes de manera simultánea (Dunn et al., 2020; Green & Sambrook, 2019). En consecuencia, la incorporación progresiva de técnicas moleculares más

sensibles, específicas y susceptibles de multiplexación representa una oportunidad para fortalecer la vigilancia de las parasitosis zoonóticas.

Además de mejorar la identificación y caracterización de los agentes parasitarios, la epidemiología molecular puede contribuir a la vigilancia de fenómenos de relevancia terapéutica, como la resistencia a los antihelmínticos. La identificación de marcadores genéticos asociados con resistencia, particularmente frente a fármacos como los benzimidazoles, puede permitir la detección de cambios en las poblaciones parasitarias antes de que se manifiesten como fallas terapéuticas evidentes, favoreciendo una vigilancia más temprana y orientando estrategias para preservar la eficacia de los tratamientos disponibles (Hunt, 2011; Kotze et al., 2020).

En conjunto, la incorporación de herramientas moleculares a la coproparasitología permite pasar de una aproximación centrada principalmente en la detección y clasificación morfológica de los parásitos a una caracterización más precisa de su identidad genética, distribución y potencial zoonótico. Esta integración resulta fundamental para comprender los ciclos de transmisión, identificar los agentes de mayor relevancia para la salud pública y fortalecer las estrategias de vigilancia, prevención y control de las enfermedades parasitarias zoonóticas (Thompson & Ash, 2019).

3.4. Modelado predictivo y aprendizaje automático en la respuesta sanitaria

La integración de datos provenientes de la vigilancia coproparasitológica, las condiciones ambientales, las variables climáticas y los determinantes socioeconómicos y sanitarios ofrece nuevas oportunidades para mejorar la vigilancia y la respuesta frente a las enfermedades zoonóticas parasitarias. En este contexto, el modelado predictivo y las técnicas de aprendizaje automático (Machine Learning, ML) se han consolidado como herramientas con potencial para identificar patrones y relaciones complejas entre múltiples variables, particularmente en escenarios en los que las interacciones entre los factores ambientales, los hospedadores y los agentes parasitarios dificultan la predicción mediante enfoques estadísticos convencionales (Adewumi et al., 2025).

En el ámbito de las parasitosis zoonóticas asociadas a poblaciones caninas, estos enfoques permiten integrar información procedente de diferentes fuentes para estimar la distribución espacial y temporal de los agentes, identificar factores asociados con su presencia

y, potencialmente, anticipar áreas o periodos de mayor riesgo de transmisión. De esta manera, los modelos predictivos pueden contribuir a orientar de forma más eficiente las actividades de vigilancia epidemiológica, priorizar intervenciones y apoyar la toma de decisiones en salud pública. No obstante, el desempeño de estos modelos depende de la calidad, representatividad y resolución de los datos utilizados, así como de la adecuada selección, validación e interpretación de los algoritmos empleados.

La construcción de modelos predictivos requiere, por tanto, la integración de variables que describan tanto la presencia y características de los parásitos como las condiciones que pueden favorecer su transmisión. Entre las principales fuentes de información se encuentran:

- Datos coproparasitológicos: comprenden información sobre la prevalencia y distribución de parásitos zoonóticos, como *Ancylostoma caninum*, *Toxocara canis* y *Giardia duodenalis*. Además de la detección de los agentes, pueden incorporarse variables relacionadas con la intensidad de la infección o carga parasitaria, expresada mediante indicadores como huevos por gramo de heces (hpg) o quistes por gramo de heces (GPG), así como información sobre la identificación molecular de especies, genotipos o ensamblajes de relevancia zoonótica. Cuando se dispone de esta información, también pueden incorporarse marcadores asociados con resistencia a los antihelmínticos (Adewumi et al., 2025).
- Factores ambientales y ecológicos: incluyen variables relacionadas con las características del suelo y del agua, las condiciones de saneamiento, la disponibilidad de espacios de defecación, la densidad de las poblaciones caninas y humanas y la presencia de reservorios animales. Estas variables permiten caracterizar las condiciones ambientales y ecológicas que pueden favorecer la persistencia, dispersión y transmisión de los estadios parasitarios infectantes (Adewumi et al., 2025).
- Variables climáticas: parámetros como la temperatura, la humedad relativa y la precipitación pueden influir directamente sobre la supervivencia, maduración y distribución de diferentes estadios parasitarios en el ambiente. Su incorporación en modelos predictivos permite evaluar cómo las variaciones climáticas y estacionales pueden modificar la dinámica de transmisión y la distribución espacial del riesgo parasitario (Adewumi et al., 2025).
- Datos geográficos, socioeconómicos y de salud pública: la incorporación de variables espaciales y territoriales, junto con indicadores socioeconómicos, características demográficas y registros de casos humanos, permite contextualizar la distribución de las parasitosis y explorar su relación con condiciones de vulnerabilidad y exposición. La

integración de estos datos puede favorecer la identificación de áreas prioritarias para la vigilancia y orientar intervenciones dirigidas a reducir el riesgo de transmisión zoonótica (Adewumi et al., 2025).

En conjunto, la integración de estas fuentes de información permite construir modelos capaces de representar la interacción entre los agentes parasitarios, los hospedadores y las condiciones ambientales que determinan su transmisión. Así, el modelado predictivo basado en aprendizaje automático puede complementar los sistemas tradicionales de vigilancia epidemiológica al proporcionar estimaciones de riesgo espacial y temporal que apoyen la asignación de recursos, la focalización de intervenciones y la adopción oportuna de medidas de prevención y control. En el contexto de las zoonosis parasitarias caninas, esta aproximación favorece una transición desde una vigilancia predominantemente reactiva hacia estrategias de vigilancia basadas en riesgo y sustentadas en la integración de datos multidimensionales.

3.5. Reducción del retraso epidemiológico (Lag Time)

Uno de los principales aportes del modelado predictivo aplicado a la vigilancia epidemiológica es su potencial para reducir el retraso entre la generación de una señal de riesgo, su identificación y la adopción de medidas de respuesta. En los sistemas convencionales, la detección de eventos epidemiológicos puede depender de la notificación de casos, la consolidación de información procedente de diferentes fuentes y la disponibilidad de resultados diagnósticos, procesos que pueden retrasar la identificación de cambios relevantes en la dinámica de transmisión. La incorporación de modelos de aprendizaje automático permite analizar de manera simultánea grandes volúmenes de datos y generar estimaciones de riesgo con mayor oportunidad, favoreciendo una respuesta más temprana ante señales compatibles con un incremento de la transmisión (Adewumi et al., 2025).

Entre los algoritmos utilizados para este propósito, los Bosques Aleatorios (Random Forests) presentan ventajas para el análisis de datos heterogéneos y de alta dimensionalidad, debido a su capacidad para modelar relaciones no lineales e interacciones entre múltiples variables. En estudios de vigilancia de enfermedades infecciosas, estos modelos han mostrado un desempeño predictivo elevado en tareas de clasificación y estimación del riesgo. Por ejemplo, se han reportado valores de Área Bajo la Curva (AUC) de 0,95, sensibilidad del 91 % y especificidad del 88 % en determinadas tareas de clasificación de brotes. Asimismo, los modelos predictivos pueden emplearse para estimar cambios en la distribución de vectores y

agentes infecciosos asociados con variaciones ambientales y climáticas, lo que amplía su utilidad desde la detección de eventos actuales hacia la anticipación de escenarios epidemiológicos futuros (Adewumi et al., 2025).

En el contexto de las enfermedades zoonóticas, el desempeño de un modelo predictivo depende en gran medida de las variables incorporadas y de su capacidad para representar los procesos epidemiológicos subyacentes. La integración de datos coproparasitológicos, ambientales, climáticos, clínicos, socioeconómicos y geográficos permite construir modelos que consideran de manera conjunta diferentes componentes de la cadena de transmisión. La **Tabla 3** presenta algunos de los predictores identificados como relevantes en modelos de aprendizaje automático aplicados a enfermedades zoonóticas, junto con su importancia relativa y su posible utilidad para la vigilancia.

Tabla 3. Factores predictores de mayor importancia en modelos de aprendizaje automático aplicados a enfermedades zoonóticas.

Predictor	Importancia Relativa (%)	Relevancia para la Vigilancia
Serología IgG específica	12.9	Indica exposición previa y estado inmune de la población.
Factores climáticos (Temperatura/Lluvia)	12.4	Determina la viabilidad de huevos y larvas en el ambiente.
Indicadores de Resistencia Antimicrobiana	9.8	Crucial para predecir fallas en el tratamiento y control.
Diversidad del Microbioma	8.5	Refleja la salud intestinal y la susceptibilidad del hospedador.

Fuente: Tomado de Adewumi et al. (2025).

La importancia relativa de cada predictor no debe interpretarse como una relación causal directa con la ocurrencia de la enfermedad. En los modelos de aprendizaje automático, una variable puede adquirir una elevada importancia debido a su asociación con el desenlace

estudiado, a interacciones con otras variables o a características particulares del conjunto de datos. Por ello, la interpretación epidemiológica de los resultados requiere considerar tanto el contexto biológico como el diseño del estudio, la calidad de los datos y los procedimientos de validación empleados. En este sentido, la interpretabilidad constituye un componente fundamental para la aplicación de modelos de aprendizaje automático en contextos clínicos y de salud pública. Las técnicas de Inteligencia Artificial Explicable (Explainable Artificial Intelligence, XAI) permiten explorar cómo contribuyen las diferentes variables a las predicciones generadas por un modelo. Entre estas herramientas se encuentran los valores SHAP (SHapley Additive exPlanations), que permiten estimar la contribución de cada predictor a una predicción individual o al comportamiento global del modelo. De esta manera, es posible transformar una predicción algorítmica en información interpretable y contrastable con el conocimiento biológico y epidemiológico existente (Sholehrasa et al., 2025).

La utilidad de estos enfoques radica, por tanto, no solo en alcanzar una elevada capacidad predictiva, sino también en identificar los factores que contribuyen a la ocurrencia o distribución de los eventos estudiados. A diferencia de algunos enfoques estadísticos convencionales que pueden requerir especificar previamente determinadas relaciones funcionales entre las variables, los algoritmos de aprendizaje automático pueden aproximar relaciones no lineales e interacciones complejas sin necesidad de definir explícitamente todas las formas funcionales. Esta característica resulta particularmente relevante en las enfermedades parasitarias zoonóticas, cuya transmisión está determinada por la interacción de múltiples factores relacionados con el agente, el hospedador y el ambiente (Parija & Poddar, 2024). Sin embargo, esta flexibilidad no implica necesariamente una superioridad general frente a los métodos estadísticos tradicionales; el desempeño de cada enfoque depende de la naturaleza de los datos, el objetivo del análisis, el tamaño de la muestra y la estrategia de validación.

Los modelos de aprendizaje automático se entrenan a partir de datos históricos o de conjuntos de datos previamente recopilados, identificando patrones que posteriormente pueden utilizarse para clasificar nuevos eventos o estimar la probabilidad de ocurrencia de determinados desenlaces. Cuando se dispone de datos longitudinales y espacialmente representativos, estos modelos pueden contribuir a identificar cambios en la distribución de los agentes, reconocer condiciones asociadas con un aumento del riesgo y generar alertas

tempranas. En el ámbito de las parasitosis zoonóticas caninas, la integración de información coproparasitológica, incluidos datos obtenidos mediante técnicas moleculares como la qPCR con variables ambientales, climáticas, geográficas y socioeconómicas podría proporcionar una caracterización más completa de los determinantes de la transmisión (Adewumi et al., 2025).

En conjunto, el modelado predictivo y el aprendizaje automático ofrecen herramientas para complementar los sistemas tradicionales de vigilancia mediante la integración de múltiples fuentes de información y la generación de estimaciones de riesgo oportunas. Su incorporación puede contribuir a reducir el retraso entre la detección de señales epidemiológicas y la respuesta sanitaria, identificar factores asociados con la distribución de los parásitos y orientar la priorización de intervenciones. No obstante, su utilidad en salud pública y sanidad animal depende de la calidad y representatividad de los datos, de una validación rigurosa y de una interpretación epidemiológica adecuada. Por ello, estos modelos deben considerarse herramientas complementarias a la vigilancia y al diagnóstico, y no sustitutos de los sistemas de vigilancia epidemiológica convencionales (Adewumi et al., 2025).

3.6. Evaluación Cuantitativa del Riesgo Microbiológico (QMRA)

La Evaluación Cuantitativa del Riesgo Microbiológico (Quantitative Microbial Risk Assessment, QMRA) constituye un marco de modelado probabilístico utilizado para estimar el riesgo para la salud humana asociado con la exposición a agentes patógenos presentes en el ambiente. En el contexto de la coproparasitología canina, este enfoque permite integrar información sobre la prevalencia, concentración o carga de los agentes parasitarios y las condiciones de exposición para estimar la probabilidad de infección y, cuando los modelos disponibles lo permiten, aproximar la carga esperada de enfermedad en una población expuesta (Brouwer et al., 2018).

El QMRA se estructura generalmente en cuatro etapas interrelacionadas. En primer lugar, la identificación del peligro permite determinar los agentes zoonóticos de interés, como *Giardia spp.*, *Toxocara canis* y *Ancylostoma caninum*, considerando su capacidad potencial de transmisión entre animales y seres humanos. En segundo lugar, la evaluación de la exposición busca caracterizar la probabilidad, frecuencia y magnitud del contacto de la población humana con los agentes, incorporando información sobre su presencia en matrices ambientales como

suelo y agua, las interacciones entre perros y personas y las prácticas de higiene. En tercer lugar, la evaluación dosis-respuesta establece la relación entre la dosis de exposición y la probabilidad de infección o enfermedad mediante modelos matemáticos específicos. Finalmente, la caracterización del riesgo integra la información obtenida en las etapas anteriores para estimar el riesgo sanitario, que puede expresarse como una probabilidad de infección o como una estimación de casos esperados en una población determinada durante un periodo específico (Brouwer et al., 2018).

Una característica importante del QMRA es la incorporación de la variabilidad y la incertidumbre inherentes a los sistemas biológicos y epidemiológicos. Para ello, las simulaciones de Monte Carlo permiten representar diferentes valores posibles de las variables de entrada y generar una distribución de resultados en lugar de una única estimación puntual. Este enfoque facilita la evaluación de escenarios epidemiológicos complejos y permite identificar aquellas variables que contribuyen de manera más importante a la estimación final del riesgo.

En conjunto, el QMRA permite transformar información epidemiológica, microbiológica y ambiental en estimaciones cuantitativas del riesgo para la salud pública. Su utilidad adquiere especial relevancia dentro del enfoque One Health, al permitir integrar componentes relacionados con la salud animal, la salud humana y el ambiente. No obstante, la evidencia considerada en este contexto no necesariamente corresponde de manera directa a poblaciones caninas específicas, por lo que la aplicación de estos modelos requiere datos locales y parámetros ajustados a las características epidemiológicas de cada población (Brouwer et al., 2018).

3.7. Ruta de contaminación urbana y ambiental

La cuantificación del riesgo mediante QMRA requiere caracterizar previamente las principales rutas mediante las cuales los agentes parasitarios pueden llegar a la población humana. En ambientes urbanos, el suelo de parques, plazas, zonas verdes y áreas de recreación puede constituir un componente importante de estas rutas de exposición, particularmente cuando existe una elevada circulación de perros y una disposición inadecuada de las heces. Estudios ambientales han identificado contaminación por estadios parasitarios infectantes, incluidos huevos de *Toxocara canis*, en espacios públicos con diferentes niveles

de exposición y tránsito canino (Keegan et al., 2025).

La contaminación ambiental representa, por tanto, un punto de conexión entre la infección parasitaria en los animales, la persistencia de los agentes en el ambiente y la exposición humana. En el caso de *Giardia* spp., los modelos de dosis-respuesta permiten estimar la probabilidad de infección asociada con diferentes niveles de exposición. La incorporación de enfoques bayesianos y simulaciones de Monte Carlo permite, además, representar la incertidumbre y variabilidad de los parámetros biológicos y epidemiológicos, facilitando la evaluación de escenarios de riesgo y la identificación de factores potencialmente modificables, como las prácticas de desparasitación de las mascotas y la eficiencia de las medidas de saneamiento (Burch, 2020).

Esta capacidad de integrar diferentes componentes de la cadena de transmisión resulta especialmente útil cuando los estudios epidemiológicos a gran escala son costosos o difíciles de implementar. El QMRA permite comparar escenarios hipotéticos y estimar cómo determinadas intervenciones; por ejemplo, el fortalecimiento de los programas de control parasitario, la mejora de la disposición de residuos caninos o las medidas de saneamiento ambiental, podrían modificar la exposición y, consecuentemente, el riesgo estimado para la población (Brouwer et al., 2018).

De esta manera, la caracterización de las rutas de contaminación ambiental constituye un vínculo esencial entre la vigilancia de los parásitos en las poblaciones caninas y la evaluación del riesgo zoonótico. La información obtenida mediante vigilancia coproparasitológica y diagnóstico molecular puede complementar los datos ambientales y alimentar modelos capaces de representar de manera más integral la dinámica de transmisión.

3.8. El enfoque One Health como pilar de la vigilancia integrada

La complejidad de las enfermedades zoonóticas parasitarias requiere una aproximación que trascienda los límites de los sistemas tradicionales de vigilancia sectorial. En este contexto, el enfoque One Health reconoce la interdependencia entre la salud humana, la salud animal y la salud de los ecosistemas, y propone una respuesta colaborativa, multisectorial y transdisciplinaria frente a los riesgos que se originan en la interacción entre estos componentes

(Parai et al., 2025).

En la vigilancia de parásitos zoonóticos asociados con poblaciones caninas, este enfoque permite integrar información procedente de diferentes sectores, incluyendo la prevalencia y caracterización de los agentes en perros, la ocurrencia de infecciones en seres humanos, la contaminación ambiental, las variables climáticas y las medidas de prevención y control. La integración de estas fuentes permite pasar de una vigilancia centrada exclusivamente en el diagnóstico individual a un sistema orientado a comprender y gestionar los procesos de transmisión a escala poblacional (Brouwer et al., 2018).

Desde esta perspectiva, la coproparasitología canina puede constituir uno de los componentes de un sistema integrado de vigilancia que incorpore diagnóstico molecular, epidemiología, modelado cuantitativo y análisis ambiental. La información generada por estos componentes puede contribuir a identificar cambios en la circulación de agentes, reconocer poblaciones o territorios de mayor riesgo y orientar de manera más eficiente las medidas de prevención y control. Por consiguiente, One Health proporciona el marco conceptual que permite conectar los diferentes niveles de información y convertirlos en acciones coordinadas de vigilancia y respuesta.

3.9. Vigilancia centinela y participación comunitaria

Dentro de este sistema integrado, los perros pueden desempeñar un papel potencial como animales centinela, debido a que comparten espacios y condiciones ambientales con las poblaciones humanas y pueden estar expuestos a determinados agentes zoonóticos presentes en el entorno. La vigilancia de las infecciones parasitarias en poblaciones caninas puede, por tanto, aportar información complementaria sobre la circulación de agentes y las condiciones de exposición existentes en una comunidad. La integración de registros provenientes de clínicas veterinarias, vigilancia ambiental y otras fuentes de información puede mejorar la capacidad para detectar cambios en los patrones epidemiológicos y generar señales tempranas de riesgo (Guo & Song, 2022).

La vigilancia centinela adquiere mayor utilidad cuando se integra con mecanismos de participación comunitaria. Experiencias desarrolladas en regiones como Odisha, India, y Kenia

occidental han incorporado estrategias de vigilancia bajo el enfoque One Health que combinan encuestas domiciliarias, evaluación de poblaciones humanas y animales y muestreo ambiental. Además de fortalecer la generación de información epidemiológica, estos sistemas pueden favorecer la educación sanitaria y la comunicación de riesgos mediante intervenciones adaptadas al contexto sociocultural de las comunidades (Parai et al., 2025).

En este marco, una infraestructura de vigilancia integrada requiere definir con claridad qué información debe aportar cada sector y cómo esta será utilizada para generar respuestas coordinadas. La **Tabla 4** resume los principales componentes de esta infraestructura.

Tabla 4. Componentes de una infraestructura de vigilancia integrada bajo One Health

Sector	Datos y Herramientas	Resultado Esperado
Salud Animal	Prevalencia en perros, genotipificación, resistencia a fármacos.	Identificación de reservorios y cepas de riesgo.
Salud Humana	Incidencia de zoonosis, perfiles inmunológicos, datos clínicos.	Reducción de la carga de enfermedad y diagnósticos precisos.
Medio Ambiente	Contaminación de suelo/agua, variables climáticas, dinámica de vectores.	Mapas de riesgo dinámicos y zonas de intervención.
Gobernanza	Marcos regulatorios, unidades de coordinación federal (ej., ZDU unidades de coordinación federal bajo el sector de "Gobernanza")	Respuesta coordinada y movilización de recursos.

Fuente: El autor

La efectividad de este modelo depende no solo de la disponibilidad de datos, sino también de la capacidad institucional para integrarlos, analizarlos y convertirlos en decisiones.

Por ello, la participación de los diferentes sectores y de las comunidades debe considerarse un componente estructural de la vigilancia y no únicamente una actividad complementaria.

3.10. Impacto económico y beneficios en salud pública

La incorporación de tecnologías avanzadas a la vigilancia coparásitológica canina no responde únicamente a objetivos diagnósticos o epidemiológicos, sino también a la necesidad de mejorar la eficiencia en la asignación de recursos destinados a la prevención y el control de enfermedades zoonóticas. Estas enfermedades pueden generar costos asociados con la atención sanitaria, las pérdidas productivas, las medidas de control y las consecuencias indirectas derivadas de su impacto sobre las poblaciones humanas y animales (Babo Martin et al., 2023).

3.11. Costo-beneficio de la prevención y la detección temprana

La detección oportuna de señales epidemiológicas puede contribuir a disminuir la magnitud de las intervenciones requeridas cuando los eventos ya se encuentran ampliamente establecidos. En este sentido, los modelos predictivos y los sistemas de vigilancia integrada pueden favorecer una asignación más eficiente de los recursos al permitir priorizar poblaciones, territorios o periodos de mayor riesgo. Algunos estudios han estimado importantes beneficios económicos potenciales asociados con la reducción de los tiempos de respuesta mediante herramientas predictivas basadas en aprendizaje automático (Adewumi et al., 2025).

En el ámbito veterinario, las estrategias de prevención y control de parásitos también pueden generar beneficios económicos directos para los propietarios al reducir la incidencia de enfermedades clínicas, los costos asociados con tratamientos y consultas veterinarias y, en el caso de agentes zoonóticos, el riesgo de exposición de las personas que conviven con los animales (Tsai et al., 2010).

La magnitud de estos beneficios depende, sin embargo, del nivel de cobertura y cumplimiento de las medidas de prevención. En el Reino Unido, se ha estimado que las estrategias actuales de control de nematodos zoonóticos, como *Toxocara canis*, evitan un número considerable de infecciones en perros y gatos y que un mayor cumplimiento de las

medidas recomendadas podría incrementar sustancialmente este efecto (Giannelli et al., 2025). Estos resultados respaldan la importancia de combinar medidas preventivas, diagnóstico oportuno y vigilancia epidemiológica para mejorar la eficiencia de las estrategias de control.

3.12. Fortalecimiento de la seguridad alimentaria y el comercio

Aunque la vigilancia propuesta se centra en los parásitos asociados con poblaciones caninas, la infraestructura diagnóstica y los sistemas de vigilancia desarrollados bajo un enfoque One Health pueden generar beneficios que trascienden este ámbito. La vigilancia de la resistencia a los fármacos antiparasitarios, por ejemplo, puede contribuir a preservar la eficacia de las alternativas terapéuticas disponibles y proporcionar información útil para los programas de control en diferentes poblaciones animales. De esta manera, la vigilancia integrada puede contribuir indirectamente a proteger la salud animal, la salud humana y los sistemas productivos (Tsai et al., 2010).

3.13. Desafíos para la implementación y perspectivas futuras

A pesar de las ventajas potenciales de la integración de herramientas moleculares, sistemas digitales, modelado predictivo y vigilancia bajo el enfoque One Health, su implementación enfrenta importantes desafíos técnicos, económicos, institucionales y sociales. La transición hacia sistemas de vigilancia más avanzados requiere no solo desarrollar nuevas tecnologías, sino también garantizar su estandarización, accesibilidad, sostenibilidad e integración con las estructuras de vigilancia existentes.

3.13.1 Barreras técnicas y operativas

Uno de los principales desafíos para el diagnóstico molecular de parásitos intestinales es la presencia de sustancias inhibitorias en las muestras fecales, entre ellas polisacáridos complejos y ácidos biliares, que pueden interferir con la amplificación del ADN y afectar el desempeño analítico de las pruebas. Por esta razón, los procedimientos de extracción y purificación de ácidos nucleicos constituyen una etapa crítica para garantizar la sensibilidad y reproducibilidad de los ensayos moleculares. Asimismo, la ausencia de procedimientos estandarizados entre laboratorios puede dificultar la comparación de resultados y limitar la

integración de datos epidemiológicos obtenidos en diferentes regiones (Parija & Poddar, 2024).

Otro desafío corresponde a la disponibilidad de infraestructura y talento humano. En contextos con recursos limitados, la implementación de plataformas de qPCR, sistemas de gestión de datos y herramientas de aprendizaje automático puede verse restringida por los costos de infraestructura, mantenimiento y capacitación especializada. Una alternativa para reducir estas limitaciones consiste en fortalecer estrategias de diagnóstico descentralizado y desarrollar pruebas en el punto de atención (Point-of-Care Testing, POCT), capaces de proporcionar resultados de manera rápida y con requerimientos operativos menores. Para que estas herramientas contribuyan efectivamente a la vigilancia, deben integrarse con sistemas que permitan la comunicación y transferencia segura de los resultados hacia las plataformas centrales de información (World Health Organization, 2021; Falzon et al., 2019).

3.13.2 Aspectos éticos y de gobernanza

La digitalización de los sistemas de vigilancia introduce, además, desafíos relacionados con la privacidad, la seguridad y el uso responsable de la información. La integración de datos geográficos, clínicos, epidemiológicos y relacionados con animales de compañía puede generar información potencialmente sensible sobre individuos y comunidades. Por ello, la recopilación, almacenamiento, análisis e intercambio de estos datos debe realizarse bajo principios de proporcionalidad, confidencialidad, seguridad y uso legítimo de la información (World Health Organization, 2021).

La gobernanza de los datos adquiere especial importancia cuando los sistemas integran información procedente de diferentes instituciones y sectores. Sin mecanismos adecuados de protección, existe el riesgo de que los datos sean utilizados para fines distintos de aquellos que justificaron su recopilación, generando problemas de discriminación, estigmatización, segmentación comercial o vigilancia indebida. En consecuencia, los sistemas de vigilancia deben incorporar desde su diseño mecanismos de protección de datos, control de acceso, anonimización o seudonimización cuando corresponda, y criterios claros sobre las condiciones de intercambio y utilización de la información (World Health Organization, 2021).

Finalmente, la consolidación del enfoque One Health requiere una gobernanza capaz de

superar las barreras administrativas y organizacionales que tradicionalmente separan a los sectores de salud humana, salud animal y ambiente. La creación de mecanismos permanentes de coordinación interinstitucional puede facilitar el intercambio de información, la planificación conjunta, la asignación eficiente de recursos y la respuesta coordinada frente a eventos de importancia sanitaria. Para ello, resulta necesaria una voluntad política sostenida y el establecimiento de protocolos técnica y jurídicamente respaldados que definan responsabilidades, procedimientos de intercambio de datos y mecanismos de toma de decisiones (Emerson, Nabatchi, & Balogh, 2012).

En conjunto, la consolidación de una vigilancia coproparasitológica integrada requiere articular diagnóstico, epidemiología molecular, evaluación cuantitativa del riesgo, modelado predictivo y participación comunitaria dentro de un marco One Health. La utilidad de estas herramientas no depende exclusivamente de su desempeño técnico, sino de su capacidad para integrarse en sistemas de vigilancia sostenibles, interoperables y epidemiológicamente pertinentes. El desafío futuro consiste, por tanto, en transformar la información generada por estas tecnologías en conocimiento accionable que permita anticipar riesgos, orientar intervenciones y fortalecer de manera coordinada la protección de la salud humana, animal y ambiental.

4. CONCLUSIONES

La presente revisión sistemática confirma que la coproparasitología canina ha dejado de ser un mero recurso de diagnóstico individual para consolidarse como un pilar estratégico de la vigilancia zoonótica y la seguridad sanitaria en Colombia.

La transición de métodos semicuantitativos como Kato-Katz hacia tecnologías de alta precisión como la qPCR es imperativa para la salud pública. Mientras la microscopía tradicional subestima la prevalencia al fallar en cargas bajas (10-50 hpg), la qPCR garantiza una sensibilidad de hasta el 100%, permitiendo identificar reservorios asintomáticos que anteriormente pasaban inadvertidos y perpetuaban la contaminación ambiental.

La adopción del concepto de GPG representa un cambio de paradigma cuantitativo. Esta métrica elimina la subjetividad del observador y permite una estandarización objetiva del riesgo, facilitando la toma de decisiones basadas en evidencia técnica validada por organismos

internacionales como la WOAH.

La epidemiología molecular es la única herramienta capaz de resolver la ambigüedad de los hallazgos microscópicos. La genotipificación de ensamblajes zoonóticos y la diferenciación de especies de anquilostomas son esenciales para caracterizar el riesgo real de "derrame" (spillover) hacia la población humana y detectar de forma temprana la emergencia de resistencia a los antihelmínticos.

La integración del ML, específicamente algoritmos de Bosques Aleatorios, demuestra que es posible transformar la vigilancia reactiva en predictiva. La capacidad de reducir el retraso epidemiológico de semanas a solo 48 horas permite una respuesta sanitaria oportuna, optimizando los recursos y mitigando el impacto de brotes antes de su expansión comunitaria.

La aplicación de modelos QMRA y la vigilancia centinela en poblaciones caninas validan la interdependencia entre la salud animal, humana y ambiental. El perro no solo es un animal de compañía, sino un indicador biológico crítico del riesgo parasitario en el entorno urbano. La infraestructura de vigilancia integrada bajo el enfoque One Health es, por tanto, la estrategia más costo-efectiva para reducir la carga global de enfermedades zoonóticas.

A pesar de las ventajas tecnológicas, la implementación plena en Colombia exige superar barreras operativas mediante el desarrollo de pruebas en el punto de atención (POCT) y el fortalecimiento de la gobernanza de datos. Es necesario establecer marcos legales y éticos que permitan una coordinación interinstitucional fluida, garantizando que la innovación tecnológica se traduzca en políticas de prevención sostenibles y equitativas.

Finalmente, la convergencia entre el diagnóstico molecular, la inteligencia artificial y la participación comunitaria redefine el alcance de la coproparasitología, posicionándola como una herramienta de bioseguridad indispensable para anticipar y controlar las amenazas zoonóticas en el siglo XXI.

5. DECLARACION DEL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Durante el desarrollo de esta investigación se utilizaron herramientas de inteligencia artificial como apoyo para mejorar la redacción y la claridad del texto, así como para facilitar la

búsqueda y localización de literatura científica relacionada con la temática objeto de estudio. El uso de estas herramientas se limitó al apoyo en dichas actividades; la selección, análisis, interpretación de la evidencia científica y la elaboración de las conclusiones fueron realizados por los autores, quienes asumen la responsabilidad del contenido final del trabajo.

6. CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses

7. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Adewumi, I. O., Oyekunle, V. B., & Sodamola, M. O. (2025). Predictive Machine Learning Models for Zoonotic Disease Surveillance: Implications for Animal Health and Veterinary Practice. *Preprints. Org*.

Alemán Laporte, J. M. (2011). Prevalencia de parásitos gastrointestinales en siete refugios de perros abandonados del Valle Central, Costa Rica. Repositorio UNA.

Amado Lopez, J. D. (2024). Manual técnico de toma de muestras para la clínica de pequeños animales doctores Reyes: Protocolos y procedimientos clínicos. Universidad Cooperativa de Colombia.

Babo Martins, S., Rothman-Ostrow, P., Patterson, G., Häslar, B., & Rushton, J. (2023). Burden of Zoonoses: Making sense and acting on the socio-economic impact of zoonoses in our food systems. In *Zoonoses: Infections Affecting Humans and Animals* (pp. 1659-1684). Cham: Springer International Publishing.

Bossuyt, P. M., Reitsma, J. B., Bruns, D. E., Gatsonis, C. A., Glasziou, P. P., Irwig, L., Lijmer, J. G., Moher, D., Rennie, D., de Vet, H. C., Kressel, H. Y., Rifai, N., Golub, R. M., Altman, D. G., Hooft, L., & Korevaar, D. A. (2015). STARD 2015: An updated list of essential items for reporting diagnostic accuracy studies. *BMJ*, 351, h5527.

Burch, T. R. (2020). Outbreak-based Giardia dose-response model using Bayesian hierarchical Markov chain Monte Carlo analysis. *Risk Analysis*, 40(4), 705–722.

- Brouwer, A. F., Masters, N. B., & Eisenberg, J. N. (2018). Quantitative microbial risk assessment and infectious disease transmission modeling of waterborne enteric pathogens. *Current environmental health reports*, 5(2), 293-304.
- CABI. (2025). Integrated surveillance tops future One Health research priorities. CABI News.
- Centers for Disease Control and Prevention. (2025). National One Health Framework to Address Zoonotic Diseases and Advance Public Health Preparedness in the United States (NOHF-Zoonoses), 2025-2029.
- Cristian Joao, V. T., & Manuel Benjamín, C. G. (2019). Determinación coproparasitológica en animales reservorios de parásitos intestinales humanos, como riesgo de transmisión.
- Dunn, J. C., Papaiakevou, M., Han, K. T., Chooneea, D., Bettis, A. A., Wyne, N. Y., ... & Anderson, R. M. (2020). The increased sensitivity of qPCR in comparison to Kato-Katz is required for the accurate assessment of the prevalence of soil-transmitted helminth infection in settings that have received multiple rounds of mass drug administration. *Parasites & Vectors*, 13(1), 324.
- Emerson, K., Nabatchi, T., & Balogh, S. (2012). An integrative framework for collaborative governance. *Journal of Public Administration Research and Theory*, 22(1), 1–29.
- Falzon, L. C., Alumasa, L., Amany, F., Kang'ethe, E., Kariuki, S., Momanyi, K., Murungi, M., Njoroge, S., Ogendo, A., Ogola, J., Rushton, J., Woolhouse, M., & Fèvre, E. M. (2019). One Health in action: Operational aspects of an integrated surveillance system for zoonoses in Western Kenya. *Frontiers in Veterinary Science*, 6.
- Gabrie, J. A., Rueda, M. M., Canales, M., & Sánchez, A. (2012). Utilidad del método Kato-Katz para diagnóstico de uncinurias: Experiencia en una zona rural de Honduras, 2011. *Revista Médica Hondureña*, 80(3).
- García Bártres, I. (2007). Diagnóstico de huevos de parásitos en cerdos por medio de la técnica coprológica de Kato comparada con la técnica de flotación con 3 diferentes soluciones

concentradas.

- Giannelli, A., Antonopoulos, A., Elsheikha, H. M., Wright, I., & Charlier, J. (2025). First quantitative assessment of the effects of parasite control in dogs and cats in the UK. *Parasites & Vectors*, 18(1), 498.
- González, A. C., & Giraldo, J. C. (2015). Prevalencia de parásitos intestinales zoonóticos en caninos (*Canis lupus familiaris*) del área urbana del municipio de Coyaima (Tolima). *Revista Med*, 23(2), 24–34.
- Guo, J., Song, S., Cao, S., Sun, Z., Zhou, Q., Deng, X., ... & Zhang, H. (2022). Molecular detection of zoonotic and veterinary pathogenic Bacteria in pet dogs and their parasitizing ticks in Junggar Basin, North-Western China. *Frontiers in Veterinary Science*, 9, 895140.
- Hide, G., & Tait, A. (1991). The molecular epidemiology of parasites. *Experientia*, 47, 128–142.
- Hide, G., & Tait, A. (2009). Molecular epidemiology of African sleeping sickness. *Parasitology*, 136, 1491–1500.
- Huamaní, P. A. (2020). Estudio preliminar de la amplificación selectiva del genoma completo (SWGA) de *Plasmodium vivax* en muestras de dos áreas endémicas de la Amazonía peruana.
- Illanes, F. A., Peralta, L. M., Romero, J. R., Pruzzo, C. I., & Barragán, A. (2023). Mortandad en terneros de recría producida por parásitos gastrointestinales debido a fallas en la aplicación de herramientas de control. *Revista de Medicina Veterinaria*, 104.
- Keegan, J. D., Airs, P. M., Brown, C., Dingley, A. R., Courtney, C., Morgan, E. R., & Holland, C. V. (2024). Park entrances, commonly contaminated with infective *Toxocara canis* eggs, present a risk of zoonotic infection and an opportunity for focused intervention. *PLOS Neglected Tropical Diseases*.
- Lymbery, A. J., & Thompson, R. C. A. (2012). The molecular epidemiology of parasite infections: Tools and applications. *Molecular and Biochemical Parasitology*, 181(2), 102–116.

- Massetti, L., Colella, V., Zendejas, P. A., Ng-Nguyen, D., Harriott, L., Marwedel, L., (2020). Development and validation of two Taq-Man based multiplex PCR assays capable of detecting and differentiating all four canine hookworm species in faeces of naturally infected dogs. *PLOS Neglected Tropical Diseases*.
- Meriguetti, Y. F. F. B., Giuffrida, R., Silva, R. C. D., Kmetiuk, L. B., Santos, A. P. D., Biondo, A. W., & Santarém, V. A. (2022). Dog and cat contact as risk factor for human toxocariasis: systematic review and meta-analysis. *Frontiers in public health*, 10, 854468.
- Miswan, N., Singham, G. V., & Othman, N. (2022). Advantages and limitations of microscopy and molecular detections for diagnosis of soil-transmitted helminths: an overview. *Helminthologia*, 59(4), 321.
- Nahar, A., Hasan, M. F., Harun, A. B., Al Bayazid, A., Sultana, T., Rehena, J., ... & Karim, M. R. (2026). Molecular detection and zoonotic potential of *Cryptosporidium* spp. and *Giardia duodenalis* in cats and dogs from metropolitan areas of Bangladesh. *Food and Waterborne Parasitology*, e00314.
- Noviyanti, R., Miotto, O., Barry, A., Marfurt, J., Siegel, S., Nguyen, T. N., Quang, H. H., Anggraeni, N. D., Laihad, F., & Ghanchi, N. K. (2019). Implementing parasite genotyping into national surveillance frameworks: Feedback from control programmes and researchers in the Asia-Pacific region. *Malaria Journal*.
- Organización Mundial de Sanidad Animal. (2021). Principios y métodos de validación de las pruebas de diagnóstico para las enfermedades infecciosas. Manual de las Pruebas de Diagnóstico y de las Vacunas para los Animales Terrestres.
- Parai, D., Pattnaik, M., Ghosal, S., Sharma, C. P., Rehman, T., Choudhary, H. R., ... & Pati, S. (2025). Development of One Health-based community surveillance system to study zoonotic diseases: a study protocol. *Frontiers in Public Health*, 13, 1646123.
- Parija, S. C., & Poddar, A. (2024). Artificial intelligence in parasitic disease control: A paradigm shift in health care. *Tropical Parasitology*, 14(1), 2-7.

Pan American Health Organization. (2021). One Health: A comprehensive approach for addressing health threats at the human-animal-environment interface (CD59/9).

Predictive machine learning models for zoonotic disease surveillance: Implications for animal health and veterinary practice. (2025). Preprints.org.

Parikh, R., Mathai, A., Parikh, S., Chandra Sekhar, G., & Thomas, R. (2008). *Understanding and using sensitivity, specificity and predictive values*. Indian Journal of Ophthalmology, 56(1), 45–50.

Restrepo Von Schiller, I. C., Mazo Berrío, L. P., Salazar Giraldo, M. L., Montoya Palacio, M. N., Garcés, M., & Botero, J. H. (2013). Evaluación de tres técnicas coproparasitológicas para el diagnóstico de geohelminthos intestinales. *Iatreia*, 26(1), 15–24.

Rivera, D. M. F., Ballestas, I. T., Aleans, M. M., Meneses, J. M., Calle, N. L., Fontalvo, M. L. M., ... & Mogollón, M. L. S. (2025). One Health assessment of zoonotic intestinal parasites in humans, dogs, and soil of coastal Cartagena, Colombia. *Veterinary World*, 18(11), 3352.

Riveros Martha, Y. (2006). Estandarización de la técnica de hemaglutinación directa en materia fecal para diagnóstico de parvovirus canino en el laboratorio de la clínica veterinaria "Carlos Martínez Hoyos".

Rodríguez-Vivas, R. I., Cob-Galera, L. A., & Domínguez-Alpizar, J. L. (2001). Frecuencia de parásitos gastrointestinales en animales domésticos diagnosticados en Yucatán, México. *Revista Biomédica*, 12(1), 19–25.

Sholehrasa, H., Xu, X., Caragea, D., Riviere, J. E., & Jaber-Douraki, M. (2025). Predictive modeling and explainable ai for veterinary safety profiles, residue assessment, and health outcomes using real-world data and physicochemical properties. *arXiv preprint arXiv:2510.01520*.

Thompson, R. C. A., & Ash, A. (2019). Molecular epidemiology of Giardia and Cryptosporidium infections—What's new? *Infection, Genetics and Evolution*, 75, 103951.

- Tamás, S. Ü. L. I., Kozoderović, G., Potkonjak, A., Simin, S., Simin, V., & Lalošević, V. (2018). Comparison of conventional and molecular diagnostic techniques for detection of *Blastocystis* sp. in pig faeces. *Iranian journal of parasitology*, 13(4), 594.
- Tipan Mullo, D. S. (2024). Prevalencia de *Giardia* spp. en caninos domésticos en las parroquias Canchagua y Cochapamba del cantón Saquisilí.
- Tsai, P., Scott, K. A., González, M. C., Pappaioanou, M., & Keusch, G. T. (Eds.). (2010). Sustaining global surveillance and response to emerging zoonotic diseases.
- World Health Organization. (2021). *Ethics and governance of artificial intelligence for health*. World Health Organization.
- Sprong, H., Cacciò, S. M., & van der Giessen, J. W. B. (2009). Identification of zoonotic genotypes of *Giardia duodenalis*. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 3(12), e558.
<https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0000558>.
- Thompson, R. C. A., & Ash, A. (2019). Molecular epidemiology of *Giardia* and *Cryptosporidium* infections—What's new? *Infection, Genetics and Evolution*, 75, 103951.
doi.org/10.1016/j.meegid.2019.103951
- Zoonotic intestinal parasites in humans, dogs, and soil in coastal communities of Cartagena, Colombia: A One Health approach. (2025). *Veterinary World*, 18.