

Artículo Original

La inteligencia espacial en la identificación taxonómica del *Sarcoptes scabiei* (De Geer, 1778)

Spatial intelligence in taxonomic identification of Sarcoptes scabiei (De Geer, 1778)

<https://doi.org/10.52808/bmsa.8e7.632.020>

Yaquini Ticllacuri Huamán^{1,*}

<https://orcid.org/0000-0002-8860-5201>

William Roger Vila Contreras²

<https://orcid.org/0000-0001-9628-1297>

Cinthia Nerly Ramos Ticllacuri³

<https://orcid.org/0009-0004-1672-9880>

Recibido: 02/02/2023
Aceptado: 24/04/2023

RESUMEN

Para mejorar el diagnóstico de la sarna sarcóptica, se propone el uso de técnicas de inteligencia espacial, que combinan el análisis digital de imágenes con herramientas informáticas y estadísticas, en el estudio morfométrico de líneas, formas, texturas, colores y patrones anatómicos que faciliten la identificación taxonómica a nivel de especie de *Sarcoptes scabiei*. Se estimó la morfometría geométrica por contornos para formas biológicas carentes de hitos y las respuestas gaussianas para las estructuras anatómicas. Se encontraron diferencias significativas en la forma y el tamaño de los ácaros encontrados en los pacientes que conviven con perros domésticos y los que no; los primeros presentaron ácaros más pequeños, con forma más redondeada, abdomen menos convexo y quelíceros más largos y delgados que los segundos; estos hallazgos son consistentes con estudios previos que han demostrado la existencia de variabilidad genética entre las poblaciones de *S. scabiei* asociadas a diferentes especies, así como la posibilidad de transmisión zoonótica entre animales domésticos y humanos y. La identificación taxonómica a nivel de especie mediante técnicas de inteligencia especial adquiere un rol de importancia no sólo en el diagnóstico diferencial de sarna o sarna sarcóptica, sino también en el tratamiento integrado del paciente que considere el control sanitario de las mascotas convivientes.

Palabras clave: *Sarcoptes scabiei* var. *hominis*, *Sarcoptes scabiei* var. *canis*, Taxonomía, Inteligencia espacial, Sarna.

ABSTRACT

To improve the diagnosis of sarcoptic mange, the use of spatial intelligence techniques is proposed, which combine the digital analysis of images with computer and statistical tools, in the morphometric study of lines, shapes, textures, colors and anatomical patterns that facilitate the taxonomic identification to the species level of *Sarcoptes scabiei*. Contour geometric morphometry was estimated for biological forms lacking landmarks and Gaussian responses for anatomical structures. Significant differences were found in the shape and size of the mites found in patients who live with domestic dogs and those who do not; The former presented smaller mites, with a more rounded shape, a less convex abdomen, and longer and thinner chelicerae than the latter; these findings are consistent with previous studies that have demonstrated the existence of genetic variability among *S. scabiei* populations associated with different species, as well as the possibility of zoonotic transmission between domestic animals and humans. Taxonomic identification at the species level through special intelligence techniques acquires an important role not only in the differential diagnosis of mange or sarcoptic mange, but also in the integrated treatment of the patient that considers the health control of living pets.

Keywords: *Sarcoptes scabiei* var. *hominis*, *Sarcoptes scabiei* var. *canis*, Taxonomy, Spatial intelligence, Scabies.

¹ Universidad César Vallejo, Lima, Perú.

² Universidad Tecnológica del Perú, Huancayo, Perú.

³ Universidad Nacional de Huancavelica. Huancavelica, Peru.

*Autor de Correspondencia: yticllacuri@ucvvirtual.edu.pe

Introducción

El *Sarcoptes scabiei* es un ácaro microscópico (200 a 400 µm de longitud) de cuerpo ovalado y aplanado dorsoventralmente, cubierto de espinas y pelos sensoriales y cuatro pares de patas cortas. Es ectoparásito de gran variedad de mamíferos incluyendo el hombre, en los que causa la sarna o escabiosis, una enfermedad cutánea que se transmite principalmente por contacto directo con un hospedador infestado; una vez en la piel, la hembra fecundada excava túneles en la epidermis donde deposita sus huevos, los cuales eclosionan en 3-4 días y se convierten en adultos en 1-2 semanas. Después de 4-6 semanas, el paciente presenta una reacción alérgica a la presencia de proteínas y heces de los aradores en la galería de la sarna, lo que causa prurito intenso y exantema, así como posibles complicaciones con infección bacteriana, lo que da lugar a la aparición de llagas en la piel que, a su vez, pueden ocasionar consecuencias más graves, como septicemia, cardiopatías e insuficiencia renal crónica. Se estima que unos 200 millones de personas en el mundo padecen esta enfermedad, siendo más frecuente en países tropicales y en zonas con condiciones de hacinamiento y pobreza (Leung *et al.*, 2020; Organización Mundial de la Salud, 2022).

Según su clasificación taxonómica, *Sarcoptes scabiei* (DeGeer, 1778) pertenece al superorden Acariformes, orden Sarcoptiformes, grupo Astigmata y familia Sarcoptidae, y fue conocido como *Acarus scabiei* antes de que se estableciera el género *Sarcoptes* (Latreille 1802). A nivel de especie, se ha clasificado principalmente según sus hospedadores y sus características morfológicas, identificándose 28 especies y 15 subespecies. Sin embargo, estudios moleculares han demostrado que existe una gran variabilidad genética dentro del *S. scabiei*, lo que ha llevado a proponer la existencia de distintas unidades discretas de tipificación (DTUs) que se asocian con diferentes hospedadores. De acuerdo a Arlian & Morgan, (2017) hasta el momento se han descrito DTUs que infectan a humanos (*S. scabiei* var. *hominis*), perros (*S. scabiei* var. *canis*), zorros (*S. scabiei* var. *vulpes*), cerdos (*S. scabiei* var. *suis*), caballos (*S. scabiei* var. *equi*), camellos (*S. scabiei* var. *cameli*), marsupiales (*S. scabiei* var. *wombati*), conejos (*S. scabiei* var. *rabbit*), koalas (*S. scabiei* var. *koalae*), canguros (*S. scabiei* var. *macropodis*), leones (*S. scabiei* var. *leonis*) y osos polares (*S. scabiei* var. *ursi*); no obstante, muchas de estas variedades tienen la capacidad de cruzar especies y causar enfermedades, inclusive en los humanos, lo que se denomina sarna sarcóptica. Aunque se piensa que los ácaros *S. scabiei* de los animales no pueden reproducirse con éxito y persistir en la piel humana, varios informes de casos de sarna sarcóptica en personas han mencionado la persistencia de síntomas y, en ocasiones, de ácaros durante semanas (Gallegos *et al.*, 2014; Arlian & Morgan, 2017; Moroni *et al.*, 2022).

El diagnóstico de sarna sarcóptica se sospecha con los hallazgos clínicos, sobre todo la presencia de surcos, el prurito que no guarda proporción con los signos físicos, y la presencia de síntomas en animales o contactos convivientes del paciente. Sin embargo, la confirmación diagnóstica requiere evidencia parasitológica, que se obtiene mediante el examen microscópico de una muestra de piel raspada (Dinulos, 2021). Aunque existen pruebas moleculares para la detección (Hahm *et al.*, 2018; Chng *et al.*, 2021), métodos tradicionales como la morfometría geométrica por contornos son más utilizados para la identificación taxonómica a nivel de especie (Buttachon *et al.*, 2022).

Para mejorar el diagnóstico de la sarna sarcóptica, se propone el uso de técnicas de inteligencia espacial, que combinan el análisis digital de imágenes con herramientas informáticas y estadísticas, en el estudio morfométrico de líneas, formas, texturas, colores y patrones anatómicos que faciliten la identificación taxonómica a nivel de especie de *S. scabiei*.

Materiales y métodos

Para este estudio, utilizamos una combinación de herramientas de la taxonomía clásica y un componente de cibertaxonomía para detectar, describir y comparar características en las imágenes basado en el uso de filtros de Haar y respuestas gaussianas que extraen puntos de interés invariantes a la escala y la rotación para obtener vectores de características que representen la apariencia local de cada punto.

Se utilizaron las muestras tomadas de 93 pacientes que asistieron a la consulta por prurito y lesiones cutáneas sugestivas a sarna entre el 2021 y 2022, y dieron su consentimiento escrito, posterior a la explicación de los beneficios y objetivos de la investigación. A los autorizados se les solicitó que cumplimentaran un cuestionario donde especificaron la edad, lugar de residencia, educación, género, peso y talla corporal, convivencia con animales, presencia y duración de lesiones cutáneas. En el examen clínico se evaluó la superficie corporal ocupada por las lesiones, de las cuales se tomaron las muestras para el diagnóstico del ectoparásito mediante raspado de surcos con glicerol, se tomaron 4 muestras por cada paciente, se colocó el material entre dos placas. Se observaron las láminas en un microscopio óptico binocular marca Nikon con el objetivo de 100X; con micrómetro escala de 0 a 10 μ ; se tomaron las siguientes mediciones: longitud y ancho del soma del ectoparásito. Y utilizándose como herramienta una cámara digital (marca Sony modelo DSC-W570) colocada sobre un trípode y enfocada sobre las preparaciones a través de un microscopio óptico (marca Optima) con un ocular micrométrico incorporado y siendo estas observadas bajo objetivo de inmersión.

Identificación taxonómica

Para la identificación a nivel de especie de los especímenes de ácaros adultos encontrados, se utilizó la clave para las especies más comunes de sarcoptiforme modificada por González *et al.*, (2005). Además, mediante técnicas de análisis de imagen, se estimó la morfometría geométrica por contornos para formas biológicas carentes de hitos descripta por Toro Ibacache *et al.*, (2010) y las respuestas gaussianas para las estructuras anatómicas por el método Speeded Up Robust Features (SURF) descrito por Bay *et al.*, (2006) y adaptado para esta investigación.

Morfometría geométrica por contornos

Se obtuvieron los contornos mediante una configuración constituida por 4 landmarks y 22 semilandmarks utilizando el módulo tpsDig2 v2.31 del módulo computacional TPS. El deslizamiento de los semilandmarks y la corrección de efectos de rotación, traslación y escala fueron realizados mediante el Análisis Generalizado de Procrustes (AGP) utilizando la serie tpsRelw. Se realizó una regresión multivariada utilizando a las coordenadas alineadas de Procrustes (forma) como variable dependiente y el tamaño o centroid size (CS) como variable independiente. Para observar el espectro de variación en forma (morfoespacio) y determinar las principales variaciones en forma, la dirección y magnitud del cambio, se realizó el análisis de variables canónicas (AVC). La igualdad de las formas medias entre los sitios se puso

a prueba mediante la prueba estadística de T de Hotelling el cual otorga un valor de p calculado mediante permutación con iteraciones (1000).

Respuestas gaussianas de las estructuras anatómicas

Para determinar y comparar los puntos anatómicos de interés, se aplicó la metodología SURF, el cual se basa en la matriz Hessiana, que es una matriz cuadrada que contiene las segundas derivadas parciales de una función a partir de la codificación de diferencia de intensidades en la imagen mediante la captura de contraste entre regiones, y permite medir la variación local de la intensidad en una imagen, mientras que su determinante se usa para seleccionar los puntos de interés. Dado un punto $p = (x, y)$ de la imagen I, la matriz Hessiana $H(p, \sigma)$ del punto p perteneciente a la escala σ se define como:

$$H(p, \sigma) = \begin{bmatrix} L_{xx}(p, \sigma) & L_{xy}(p, \sigma) \\ L_{xy}(p, \sigma) & L_{yy}(p, \sigma) \end{bmatrix}$$

donde $L_{xx}(p, \sigma)$ representa la convolución de la derivada parcial de segundo orden de la Gaussiana

$$\frac{\partial^2}{\partial x^2} g(\sigma)$$

con la imagen I en el punto p, y de manera análoga con los términos $L_{xy}(p, \sigma)$, $L_{yy}(p, \sigma)$ de la matriz. Seguidamente, el determinante de la matriz Hessiana, queda definido de la siguiente manera:

$$\det(H_{approx.}) = D_{xx}D_{yy} - (0,9D_{xy})^2$$

donde la constante de 0,9 se comporta como un factor de aproximación del filtro gaussiano, y D_{xx} , D_{xy} , y D_{yy} corresponden a las aproximaciones de las derivadas parciales.

Posteriormente, para la detección de puntos anatómicos de interés, se interpolaron los máximos determinantes de la matriz Hessiana en la escala y posición de la imagen, otorgando al descriptor de cada punto la invarianza ante la rotación mediante su orientación. Estas respuestas fueron representadas como vectores en los 256 centroides de la cuadrícula colocando la respuesta horizontal y vertical en el eje de abscisas y ordenadas, respectivamente. Finalmente, se obtuvo una orientación dominante mediante la suma de todas las respuestas dentro de una ventana de orientación móvil cubriendo un ángulo de $\pi/3$.

Resultados

En el análisis microscópico de las 372 muestras se observaron 78 especímenes de ácaros adultos, de los cuales, 56 correspondieron a hembras, para las cuales se realizó la identificación taxonómica a nivel de especie mediante técnicas de morfología geométrica por contornos (Figura 1, izquierda) y respuestas gaussianas de las estructuras anatómicas (Figura 1, derecha).

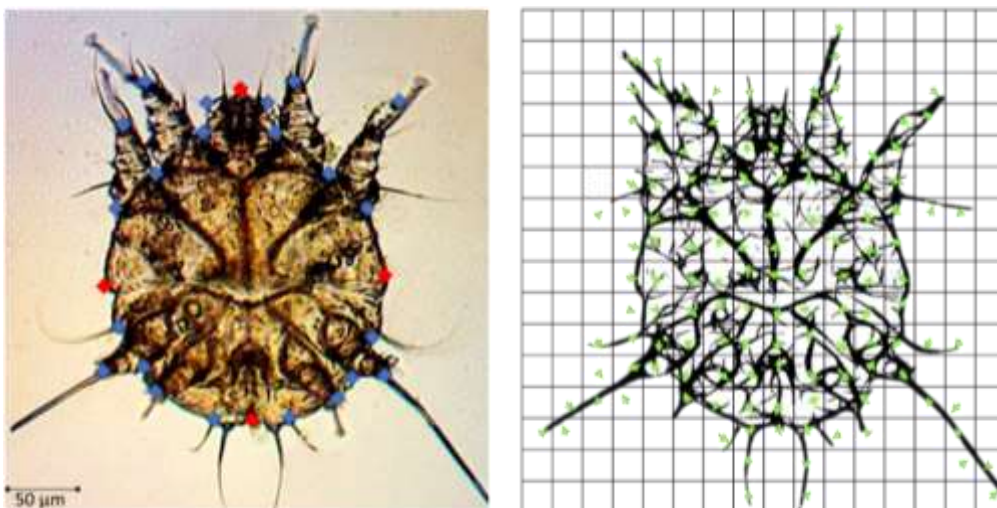


Figura 1. Identificación taxonómica de *Sarcoptes scabiei* mediante técnicas de morfología geométrica por contornos (izquierda) y respuestas gaussianas de las estructuras anatómicas (derecha)

La regresión morfométrica mostró significancia ($p=0,013$), por lo cual se se trabajó con los residuos de la regresión como nuevas variables de forma, descartando los componentes: edad, lugar de residencia, educación, género, peso, talla corporal y convivencia con *Felis catus*, *Cavia porcellus* y *Oryctolagus cuniculus*. El Análisis de Variables Canónicas (AVC) indicó variaciones en la forma de los especímenes asociada a la convivencia de los pacientes con *Canis lupus*

familiaris (31/56) donde el eje VC1 explica un 56,35% de la variación en forma y los valores positivos en esta componente están representados por histerosomas más convexos; mientras que el eje VC2 explica un 39,64% de la variación en forma, indicando idiosomas más alargados con gnatosomas más prominentes en los componentes positivos. El análisis de la dispersión de las variables canónicas morfométricas mostrada en la figura 2 permite establecer dos agrupaciones, una tendiente a valores negativos en ambos ejes correspondiente a las muestras de pacientes que conviven con animales domésticos (color naranja), donde los especímenes evidencian menor longitud y ancho del soma, y otra tendiente a valores positivos en ambos ejes, correspondiente a las muestras de pacientes que no conviven con animales domésticos (color verde), que indican especímenes de mayor tamaño, con forma más ovalada, abdomen más convexo y con el cuarto par de patas más prominentes.

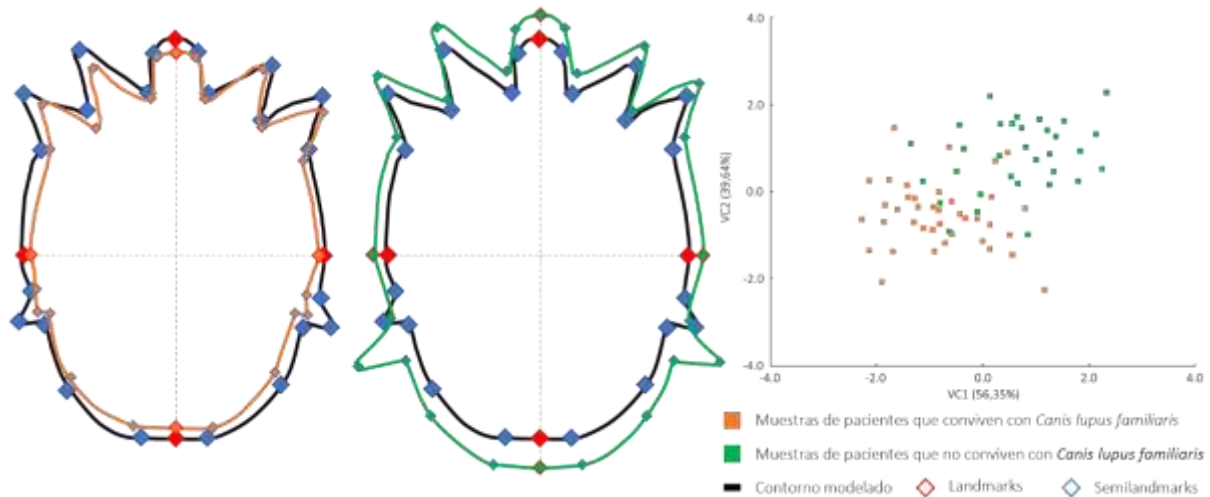


Figura 2. Dispersión de variables canónicas morfométricas de los especímenes según la convivencia de los pacientes con *Canis lupus familiaris*

Por otra parte, la ventana de orientación mostrada en la figura 3, indica respuestas gaussianas diferenciales en las estructuras anatómicas de estos mismos grupos, donde los especímenes encontrados en las muestras de pacientes que no conviven con animales evidenciaron abdomen con menos surcos, espinas más prominentes y quelíceros más cortos y gruesos en comparación a los especímenes obtenidos de los pacientes en convivencia con animales domésticos. En conjunto, los hallazgos derivados de la aplicación de métodos de taxonomía clásica y un componente de cibertaxonomía permiten inferir la infestación ectoparasitaria de al menos dos variedades de *S. scabiei* en los pacientes, en dependencia de su convivencia con *Canis lupus familiaris*, lo que es indicativo de transmisión zoonótica de *S. scabiei* var *canis* en el grupo conviviente.

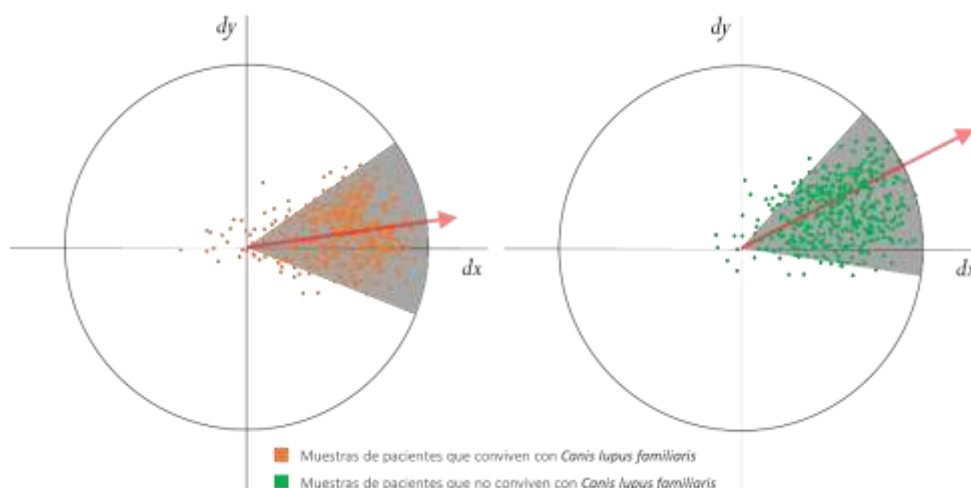


Figura 3. Ventanas de orientación dominante de las respuestas gaussianas de las estructuras anatómicas de los especímenes según la convivencia de los pacientes con *Canis lupus familiaris*

Discusión

En este estudio se aplicó una combinación de herramientas de la taxonomía clásica y un componente de cibertaxonomía para identificar y comparar las características morfológicas de los ácaros *Sarcoptes scabiei* encontrados

en pacientes con diagnóstico sugestivo de sarna, empleando filtros de Haar y respuestas gaussianas para extraer puntos de interés invariantes a la escala y la rotación en las imágenes de los ácaros, obteniendo vectores de características que representan la apariencia local de cada punto. Estos vectores se utilizaron para realizar análisis de morfología geométrica por contornos y regresión morfométrica, así como para determinar la orientación de las estructuras anatómicas. Los resultados obtenidos mostraron diferencias significativas en la forma y el tamaño de los ácaros encontrados en los pacientes que conviven con perros domésticos y los que no; los primeros presentaron ácaros más pequeños, con forma más redondeada, abdomen menos convexo y quelíceros más largos y delgados que los segundos; estos hallazgos son consistentes con estudios previos que han demostrado la existencia de variabilidad genética entre las poblaciones de *S. scabiei* asociadas a diferentes especies, así como la posibilidad de transmisión zoonótica entre humanos y animales domésticos.

En cuanto a las diferencias entre las variedades de *S. scabiei* específicas para perros y humanos, autores como Zhao *et al.*, (2014) han aportado evidencia molecular de que *S. scabiei* var. *hominis* y *S. scabiei* var. *canis* son especies distintas, con una divergencia genética de al menos 2,6%. En esta investigación, se extrajo ADN de ácaros individuales de pacientes con sarna y perros con sarna sarcóptica, y se amplificaron las secuencias de tres marcadores moleculares para realizar análisis filogenéticos y de divergencia. Estos autores apoyan la hipótesis de que *S. scabiei* var. *hominis* se originó a partir de una especie ancestral de *S. scabiei* animal y se adaptó de forma específica a los humanos, mientras que *S. scabiei* var. *canis* se mantiene como una especie generalista que puede parasitar a varios animales. Estos hallazgos apoyan resultados previos de otros estudios que han analizado la relación intraespecífica de *S. scabiei* var. *hominis* con *S. scabiei* var. *canis* mediante un sistema de marcadores de microsatélites nucleares expandidos, donde se demostraron relaciones significativas entre los haplotipos de ADN mitocondrial de *S. scabiei* y la especie hospedadora (Walton *et al.*, 2004; Walton & Currie, 2007).

Según Arlian & Morgan, (2017) esta variabilidad genética entre *S. scabiei* var. *hominis* con *S. scabiei* var. *canis* en al menos 9 haplotipos distintos basados en el gen mitocondrial *cox1*, tiene implicaciones diferenciales en varios aspectos morfológicos e inmunológicos que determinan su especificidad y su capacidad de infestación. De acuerdo a los reportes documentales de estos autores, *S. scabiei* var. *hominis* presenta en general mayor tamaño que *S. scabiei* var. *canis*, lo cual apoya los hallazgos morfométricos obtenidos en esta investigación (Figura 2). Por otra parte, se señala que la variedad humana de *S. scabiei* tiene un ciclo de vida más corto y menor capacidad supervivencia fuera del hospedador que la variedad canina. Adicionalmente, aunque *S. scabiei* var. *hominis* induce una respuesta inmune más fuerte que *S. scabiei* var. *canis*, con una mayor producción de anticuerpos IgE e IgG, y una mayor infiltración de eosinófilos y mastocitos en la piel del hospedador, también tiene una mayor capacidad de evadir la respuesta inmune, mediante la secreción de proteínas inmunomoduladoras que inhiben la activación del complemento, la quimiotaxis de los neutrófilos y la liberación de histamina por los mastocitos (Arlian & Morgan, 2017).

Estas diferencias intraespecíficas son consistentes con la variabilidad morfométrica y morfológica encontrada entre los especímenes de *S. scabiei* estudiados (Figuras 1 a 3), en dos grupos de ácaros con diferencias significativas en la forma y el tamaño del soma, asociadas a la convivencia o no con *Canis lupus familiaris*, lo que sugiere una transmisión zoonótica de *S. scabiei* var. *canis* en el grupo de pacientes que convivían con perros. Sin embargo, cabe mencionar que en análisis estadístico no se encontró significancia morfométrica entre los ácaros obtenidos en muestras de pacientes que convivían con gatos, cuyes ni conejos. En el primer caso, existe fuerte evidencia documental referida a la poca adaptabilidad de las especies de *Sarcoptes* en *Felis catus*, que sugieren que las infecciones infrecuentes por sarna sarcóptica en este felino pueden depender de las interacciones entre diferentes hospedantes que viven en el mismo nicho ecológico, en lugar de una simple infección entre hospedantes que pertenecen al mismo taxón (Moroni *et al.*, 2022, 2023). En cuanto a las infecciones reportadas de *Cavia porcellus* y *Oryctolagus cuniculus* con *S. scabiei*, la literatura científica indica la manipulación de mascotas infestadas que puede representar un problema de salud pública de transmisión indirecta (Sajid *et al.*, 2017; De Sousa Brito *et al.*, 2021; D'Ovidio & Santoro, 2022), no obstante, la exclusión de ambas variables de convivencia en los modelos de regresión de esta investigación podría estar relacionada a la baja frecuencia reportada por los pacientes.

Los resultados de esta investigación son consistentes con los hallazgos de Arlian *et al.*, (1984) quienes demostraron que los ácaros *S. scabiei* var. *canis* y var. *hominis* presentan diferencias en el tamaño, la forma y la ornamentación del cuerpo, así como en la longitud y el grosor de los quelíceros y las patas. Estos autores sugirieron que estas diferencias podrían deberse a una adaptación morfológica de los ácaros a los distintos hospedadores o a una divergencia evolutiva entre las cepas de *S. scabiei*. Sin embargo, a diferencia del estudio de Arlian *et al.*, (1984) que se basó en medidas lineales y angulares de las estructuras anatómicas de los ácaros, este estudio empleó técnicas de cibertaxonomía para extraer puntos de interés invariantes a la escala y la rotación en las imágenes de los ácaros, obteniendo vectores de características que representan la apariencia local de cada punto. Estos vectores se utilizaron para realizar análisis de morfología geométrica por contornos y regresión morfométrica, así como para determinar la orientación de las estructuras anatómicas mediante respuestas gaussianas. Estas técnicas permitieron obtener una mayor precisión y detalle en la descripción y comparación de las características morfológicas de los ácaros, así como una mayor objetividad y reproducibilidad en el proceso de identificación taxonómica. Por lo tanto, este estudio aporta evidencias adicionales y complementarias sobre la transmisión zoonótica de *S. scabiei* var. *canis* a sus convivientes humanos.

Finalmente, las diferencias intraespecíficas entre *S. scabiei* var. *hominis* con *S. scabiei* var. *canis* ya consideradas tienen implicaciones en la gravedad y evolución clínica de la lesión cutánea en el hospedador (Moroni *et al.*, 2022), por lo cual, la identificación taxonómica a nivel de especie mediante técnicas de inteligencia especial propuestas en esta investigación, adquieren un rol de importancia no sólo en el diagnóstico diferencial de sarna o sarna sarcóptica, sino también en el tratamiento integrado del paciente que considere el control sanitario de las mascotas convivientes; lo cual se alinea, además, a los objetivos globales del enfoque una-salud (Organización Mundial de la Salud, 2021; Organización Mundial de Sanidad Animal, 2022).

Conflicto de intereses

No se reporta conflicto de intereses.

Agradecimientos

A nuestras Universidades y personal de apoyo.

Referencias

- Arlian, L. G., & Morgan, M. S. (2017). A review of *Sarcoptes scabiei*: past, present and future. *Parasites & Vectors*, 10(1). <https://doi.org/10.1186/s13071-017-2234-1>
- Arlian, L. G., Runyan, R. A., Achar, S., & Estes, S. A. (1984). Survival and infectivity of *Sarcoptes scabiei* var. *canis* and var. *hominis*. *Journal of the American Academy of Dermatology*, 11(2 Pt 1), 210–215. [https://doi.org/10.1016/s0190-9622\(84\)70151-4](https://doi.org/10.1016/s0190-9622(84)70151-4)
- Bay, H., Tuytelaars, T., & Van Gool, L. (2006). SURF: Speeded Up Robust Features. *Notes in Computer Science*, 3951, 404-417. https://doi.org/10.1007/11744023_32
- Boullosa, O. (2011). Detección y descripción robustas e invariantes a escala y rotación: aplicación al reconocimiento facial. (Tesis doctoral). Universidad Autónoma de Madrid. Disponible en: https://repositorio.uam.es/bitstream/handle/10486/9977/51258_20110318OscarBoullosa.pdf;sequence=1 (Acceso enero 2023).
- Buttachon, S., Arikrit, S., Nuchchanart, W., Puangmalee, T., Duanchay, T., Jampameung, N., & Sanguansub, S. (2022). Geometric Morphometric Analysis and Molecular Identification of Coconut Mite, *Aceria guerreronis* Keifer (Acari: Eriophyidae) Collected from Thailand. *Insects*, 13(11), 1022. <https://doi.org/10.3390/insects13111022>
- Chng, L., Holt, D. C., Field, M., Francis, J. E., Tilakaratne, D., Dekkers, M. H., Robinson, G., Mounsey, K. E., Pavlos, R., Bowen, A. C., Fischer, K., Papenfuss, A. T., Gasser, R. B., Korhonen, P. K., Currie, B. J., McCarthy, J. S., & Pasay, C. (2021). Molecular diagnosis of scabies using a novel probe-based polymerase chain reaction assay targeting high-copy number repetitive sequences in the *Sarcoptes scabiei* genome. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 15(2), e0009149. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0009149>
- D'Ovidio, D., & Santoro, D. (2022). Efficacy of a spot-on combination of fluralaner plus moxidectin against naturally acquired *Sarcoptes scabiei* infestation in 10 pet rabbits: Retrospective case series. *Veterinary Dermatology*, 34(1), 3-6. <https://doi.org/10.1111/vde.13120>
- De Sousa Brito, A. I., De Souza Lima, M., Pires, G. G., Da Silva Pereira, R. I., & De Almeida, P. S. (2021). Sarna sarcóptica em porquinho-da-india (*Cavia porcellus*): relato de caso. *Brazilian Journal of Development*, 7(10), 97303-97307. <https://doi.org/10.34117/bjdv7n10-170>
- Dinulos, J. G. H. (2021). Sarna. En Manual MSD versión para profesionales. Disponible en: <https://www.msdmanuals.com/es-mx/professional/trastornos-dermatol%C3%B3gicos/infecciones-cut%C3%A1neas-parasitarias/sarna> (Acceso noviembre 2022).
- Gallegos, J. L., Budnik, I., Peña, A., Canales, M., Concha, M., & López, J. (2014). Sarna sarcóptica: comunicación de un brote en un grupo familiar y su mascota. *Revista chilena de infectología*, 31(1), 47-52. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182014000100007>
- Hahm, J. E., Kim, C. W., & Kim, S. S. (2018). The efficacy of a nested polymerase chain reaction in detecting the cytochrome c oxidase subunit 1 gene of *Sarcoptes scabiei* var. *hominis* for diagnosing scabies. *The British journal of dermatology*, 179(4), 889–895. <https://doi.org/10.1111/bjd.16657>
- Heukelbach, J., Feldmeier, H., & Jackson, A. (2006). Ectoparasitoses e saúde pública: desafios para o controle. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 39(5), 483-487. <https://doi.org/10.1590/S0102-311X2003000500032>

- Leung, A. K. C., Lam, J. M., & Leong, K. F. (2020). Scabies: A Neglected Global Disease. *Current pediatric reviews*, 16(1), 33–42. <https://doi.org/10.2174/1573396315666190717114131>
- Moroni, B., Rossi, L., Bernigaud, C., & Guillot, J. (2022). Zoonotic Episodes of Scabies: A Global Overview. *Pathogens (Basel, Switzerland)*, 11(2), 213. <https://doi.org/10.3390/pathogens11020213>
- Moroni, B., Albanese, F., Rita Molinar Min, A., Pasquetti, M., Guillot, J., Pisano, S. R. R., Ryser-Degiorgis, M. P., Rüfenacht, S., Gauthier, D., Cano-Terriza, D., Scaravelli, D., Rossi, L., & Peano, A. (2023). Sarcoptic mange in Felidae: does *Sarcoptes scabiei* var. *felis* exist? A first molecular study. *Parasite (Paris, France)*, 30, 11. <https://doi.org/10.1051/parasite/2023012>
- Mounsey, K. E., Holt, D. C., McCarthy, J., Currie, B. J., & Walton, S. F. (2008). Scabies: molecular perspectives and therapeutic implications in the face of emerging drug resistance. *Future microbiology*, 3(1), 57–66. <https://doi.org/10.2217/17460913.3.1.57>
- Organización Mundial de la Salud. (2021). CD59/9 - Una Salud: un enfoque integral para abordar las amenazas para la salud en la interfaz entre los seres humanos, los animales y el medioambiente. Disponible en: <https://www.paho.org/es/documentos/cd599-salud-enfoque-integral-para-abordar-amenazas-para-salud-interfaz-entre-seres> (Acceso noviembre 2022).
- Organización Mundial de la Salud. (2022). Sarna. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/scabies> (Acceso noviembre 2022).
- Organización Mundial de Sanidad Animal. (2022). Una sola salud. Disponible en: <https://www.woah.org/es/que-hacemos/iniciativas-mundiales/una-sola-salud/> (Acceso noviembre 2022).
- Sajid, M. S., Naeem, M. A., Kausar, A. S. M. A., Jawad-Ul-Hassan, M., & Saleemi, M. K. (2017). *Sarcoptes scabiei* (Acari: Sarcoptidae) infestation in rabbits (*Oryctolagus cuniculus*): A case study. *Revista Colombiana de Entomología*, 43(1), 51-54.
- Shumaila, N., Farhana Riaz, C., Dilawar Abbas, R., & Muhammad, I. (2018). Genetic characterization of *Sarcoptes scabiei* var. *hominis* from scabies patients in Pakistan. *Tropical biomedicine*, 35(3), 796–803. Disponible en: <https://www.msptm.org/files/Vol35No3/796-803-Shumaila-Naz.pdf>
- Toro Ibacache, M. V., Manriquez Soto, G., & Suazo Galdames, I. (2010). Geometric Morphometry and the Biologic Shapes Study: From the Descriptive Morphology to the Quantitative Morphology. *International Journal of Morphology*, 28(4), 977-990. Disponible en: https://www.scielo.cl/scielo.php?pid=S0717-95022010000400001&script=sci_arttext&tlang=pt (Acceso noviembre 2022).
- [Walton, S. F., Dougall, A., Pizzutto, S., Holt, D., Taplin, D., Arlian, L. G., Morgan, M., Currie, B. J., & Kemp, D. J. \(2004\). Genetic epidemiology of *Sarcoptes scabiei* \(Acari: Sarcoptidae\) in northern Australia. *International journal for parasitology*, 34\(7\), 839–849. <https://doi.org/10.1016/j.ijpara.2004.04.002>](#)
- Walton, S. F., & Currie, B. J. (2007). Problems in diagnosing scabies, a global disease in human and animal populations. *Clinical microbiology reviews*, 20(2), 268–279. <https://doi.org/10.1128/CMR.00042-06>
- Zhao, Y., Cao, Z., Cheng, J., Hu, L., Ma, J., Yang, Y., Wang, X., Zeng, J., & Wang, T. (2014). Population identification of *Sarcoptes hominis* and *Sarcoptes canis* in China using DNA sequences. *Parasitology Research*, 114(3), 1001-1010. <https://doi.org/10.1007/s00436-014-4266-1>