



PROTOZOARIOS INTESTINALES COMENSALES: ACTUALIZACIÓN SOBRE SU ROL EN LA MICROBIOTA INTESTINAL

COMMENSAL INTESTINAL PROTOZOA: AN UPDATE ON THEIR ROLE IN THE INTESTINAL MICROBIOTA

Karen Mishel Santana Celi ^{1*}

¹ Universidad Técnica de Ambato, Facultad Ciencias de la Salud, Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-5836-489X>. Correo: ksantana2640@uta.edu.ec

Ana Verónica De la Torre Fiallos²

² Universidad Técnica de Ambato, Facultad Ciencias de la Salud, Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8668-1518>. Correo: anavdelatorre@uta.edu.ec

* Autor para correspondencia: ksantana2640@uta.edu.ec

Resumen

La microbiota intestinal constituye un ecosistema complejo, compuesto por bacterias, hongos y parásitos, que habitan de manera simbiótica en el intestino humano y participan en procesos metabólicos e inmunológicos que contribuyen al mantenimiento de la homeostasis. Por el contrario, cuando ocurre una disbiosis, esta aparentemente se asocia con diversas enfermedades. Investigaciones recientes han evidenciado que algunas especies de protozoarios comensales podrían influir de manera beneficiosa en la salud intestinal. Las investigaciones realizadas en humanos han señalado que especies como *Entamoeba dispar* no alteran la composición de la microbiota. Por el contrario, *Entamoeba hartmanni*, *Entamoeba moshkovskii*, *Entamoeba coli* y *Endolimax nana* han demostrado un posible papel beneficioso, al favorecer la proliferación de bacterias como *Coprococcus*, *Akkermansia* y *Alistipes*, así como la producción de ácidos grasos de cadena corta, los cuales se han asociado con una microbiota más saludable. A diferencia de *Pentatrichomonas hominis* y algunos subtipos de *Blastocystis* spp., estos aparentemente están vinculados a una posible disminución de las bacterias protectoras. No obstante, especies como *Chilomastix mesnili*, *Entamoeba polecki* y *Retortamonas intestinalis* carecen de investigaciones suficientes para establecer su papel en la microbiota humana. Este estudio resalta la importancia de la investigación para comprender la interacción entre los protozoarios y la microbiota humana.

Palabras clave: parásitos; microbiota gastrointestinal; comensales; protozoarios



Esta obra está bajo una licencia *Creative Commons* de tipo (CC-BY-NC-SA).

Sociedad Ecuatoriana de Investigación Científica. E-mail: revistabiosana@gmail.com



Abstract

The intestinal microbiota constitutes a complex ecosystem composed of bacteria, fungi, and parasites that symbiotically inhabit the human intestine and participate in metabolic and immunological processes that contribute to the maintenance of homeostasis. In contrast, when dysbiosis occurs, it appears to be associated with various diseases. Recent research has shown that some species of commensal protozoa may have a beneficial influence on intestinal health. Studies conducted in humans have indicated that species such as Entamoeba dispar do not alter the composition of the microbiota. Conversely, Entamoeba hartmanni, Entamoeba moshkovskii, Entamoeba coli, and Endolimax nana have demonstrated a possible beneficial role by promoting the proliferation of bacteria such as Coprococcus, Akkermansia, and Alistipes, as well as the production of short-chain fatty acids, which have been associated with a healthier microbiota. In contrast, Pentatrichomonas hominis and some subtypes of Blastocystis spp. appear to be linked to a possible reduction of protective bacteria. Nevertheless, species such as Chilomastix mesnili, Entamoeba polecki, and Retortamonas intestinalis lack sufficient research to establish their role in the human microbiota. This study highlights the importance of research to better understand the interaction between protozoa and the human microbiota.

Keywords: parasites; gut microbiota; comensal; protozoans

Fecha de recibido: 14/09/2025

Fecha de aceptado: 14/11/2025

Fecha de publicado: 19/11/2025

Introducción

La microbiota intestinal constituye un ecosistema complejo que habita en un entorno específico, donde se encuentra una amplia diversidad de microorganismos (1). En su mayoría, está compuesta por bacterias ($\approx 93\%$), hongos ($\approx 0.1\%$) y parásitos ($\approx 0.2\%$), que habitan de forma simbiótica en el intestino humano (1). El intestino se divide en una sección superior, compuesta por el duodeno y el yeyuno, y en una sección inferior que incluye el íleon, el ciego, el colon y el recto. Cada una cumple funciones esenciales, como regular el pH, la concentración de oxígeno, la cual disminuye progresivamente desde las zonas proximales hacia las distales, y la disponibilidad de nutrientes.

Estas funciones permiten que las bacterias aerobias de la sección superior proliferen y, de igual forma, las bacterias anaerobias de la sección inferior (2). La microbiota intestinal humana normal desempeña funciones esenciales al estar involucrada en procesos bioquímicos y metabólicos importantes para el huésped, ya que se ha comprobado que el intestino envía señales que modulan la homeostasis a través de vías neuronales, endocrinas e inmunológicas entre el intestino y el cerebro, esto se conoce como eje intestino-cerebro (3).

En relación con la respuesta inmunitaria, la microbiota intestinal estimula la diferenciación y la función de las células T reguladoras (Tregs), esenciales para mantener la diversidad microbiana. Este eje, conocido como



Esta obra está bajo una licencia Creative Commons de tipo (CC-BY-NC-SA).

Sociedad Ecuatoriana de Investigación Científica. E-mail: revistabiosana@gmail.com



eje intestino-Tregs, está compuesto por metabolitos microbianos como el polisacárido A, los β -glucanos, los ácidos grasos de cadena corta (AGCC) y los ácidos biliares, que modulan a los Tregs. Cuando estos metabolitos se alteran, se produce una disfunción inmune que contribuye al desarrollo de enfermedades o a la proliferación de microorganismos patógenos. Por lo tanto, la microbiota intestinal actúa como un regulador central del sistema inmunológico e influye en la homeostasis, afectando tanto la respuesta innata como la adaptativa.

La microbiota se considera como un segundo genoma que tiene cierta relación simbiótica con el hospedador, esta relación puede ser positiva, negativa o neutral, por lo que desempeña un papel importante en la salud humana. El papel beneficioso de la microbiota se debe a mantener la salud del huésped con su homeostasis, al contrario, la disbiosis microbiana es vinculada con el desarrollo de enfermedades (4), por ejemplo, una disbiosis suele presentarse cuando disminuyen las bacterias productoras de butirato, un ácido esencial para la salud del colon, como lo es la bacteria *Fusobacterium*, una bacteria comensal proveniente de la boca y si existe alguna disbiosis puede convertirse en oportunista y contribuye a una progresión de cáncer colorrectal (5).

Uno de los microorganismos presente en la microbiota son las bacterias intestinales con mayor abundancia que habitan en el colon e intestino grueso y pocas en el estómago e intestino delgado, los filos predominantes son Firmicutes y Bacteroides que representa un 90% en la microbiota intestinal, el filo Firmicutes incluye alrededor de 200 especies diferentes, entre ellos encontramos *Bacillus*, *Lactobacillus*, *Enterococcus*, *Clostridium* y *Rumicoccus*. En relación con bacterias beneficiosas, tenemos los *Lactobacillus*, pero especies como *Staphylococcus aureus* y *Clostridium perfringens* son patógenas cuando proliferan en exceso.

En el filo Bacteroides, las especies predominantes son *Bacteroides* y *Prevotella*; en el filo *Actinobacteria*, que incluye especies beneficiosas para la salud, como *Bifidobacterium*; y en el filo *Proteobacteria*, que incluye especies patógenas como *Enterobacter*, *Helicobacter*, *Shigella*, *Salmonella* y *Escherichia coli*. Las bacterias intestinales no patógenas como *Akkermansia muciniphila* ha tenido relación en tratamientos de enfermedades cardiometabólicas como obesidad y diabetes (4), en el caso de diarreas suelen coincidir con el sobrecrecimiento de especies patógenas como *Clostridioides difficile* causante de la colitis pseudomembranosa (5).

Otra de las especies presentes en la microbiota intestinal son los hongos; constituyen una pequeña proporción en comparación con las bacterias. Se han identificado entre los principales filos Ascomycota, Basidiomycota y Mucoromycota (antes Zygomycota); tanto Ascomycota como Basidiomycota constituyen el 70% y el 95% de la microbiota intestinal, respectivamente (6). Dentro de Ascomycota, las especies más frecuentes son: *Aspergillus spp.*, *Candida spp.*, *Penicillium spp.*, *Saccharomyces spp.*, y *Fusarium spp.*, (8), entre Basidiomycota tenemos: *Malassezia*, *Cryptococcus spp.* y *Trichosporon spp.*

En el género Mucoromycota tenemos *Rhizopus spp.* (7). A diferencia de las bacterias, los hongos en su mayoría son comensales, se adaptan al entorno sin causar daño al huésped y muy pocos son patógenos obligados, los cuales necesitan infectar al huésped para sobrevivir. Las especies como *Candida albicans* son comensales en el intestino y se vuelven patógenas en condiciones especiales como el uso de antibióticos o una disbiosis intestinal. *Candida* se mantiene comensal gracias a las bacterias de *Lactobacillus*, ya que estas producen compuestos antimicrobianos que impiden que *Candida* sobrecrezca. Al contrario, si se vuelve





patógena, los colonocitos, células epiteliales del colon, la devuelven a su forma comensal mediante señalización hacia las células del sistema inmune, lo que induce la activación de IL-22, que estimula la producción de IgA secretora y de β -defensinas, moléculas importantes para el control y el mantenimiento del equilibrio del huésped. Otra especie, *Candida tropicalis* está asociada con una mayor inflamación en la enfermedad de Crohn (8).

Otro microorganismo que forman parte de la microbiota intestinal se encuentran los parásitos intestinales. Dentro de la clasificación actual, se dividen en dos grandes grupos: helmintos y protozoos. Al hablar de helmintos, se trata de parásitos patógenos que inician su ciclo evolutivo en el ser humano sin causar signos y síntomas evidentes. Aun así, con el transcurso del tiempo, estos generan sintomatología propia de cada parásito. Son organismos pluricelulares que se agrupan en filos como Nematoda y Platyhelminthes, y en estos se encuentran dos grupos: Cestoda y Trematoda. Otros grupos, como Acanthocephala y Pentastomida, aunque muy poco frecuentes, han recibido varias clasificaciones taxonómicas, ya que presentan formas de gusanos, aun así, no son considerados como parte de los grupos de helmintos (9).

El otro grupo de interés clínico son los protozoarios, tiene como característica principal en ser células eucariotas unicelulares muy diversos que tradicionalmente se clasifican en 4 subgrupos según su morfología y sus movimientos que son: amebas, flagelados, coccidios y ciliados, su clasificación depende de su morfología como la estructura y su motilidad (10). Con los avances de la biología molecular, se nos propone una clasificación más actualizada desde el punto de vista evolutivo, por ende, se han descrito 4 grupos que son: Amoebozoa (amebas), Metamonada (flagelados), Ciliophora (ciliados) y Apicomplexa (coccidios) (11).

Entre los protozoarios patógenos se encuentran varias especies agrupadas en diferentes filos: en Amoebozoa se encuentra *Entamoeba histolytica*, agente causal de la amebiasis intestinal, que causa diarrea y dolor abdominal, puede ser mortalmente grave tras infectar el colon y diseminar a otros órganos. En el filo Metamonada tenemos *Giardia lamblia*, también conocida como *Giardia duodenalis* o *intestinalis*, responsable de giardiasis, una infección que causa malabsorción, diarrea por tapizar el epitelio del intestino delgado que es frecuente en niños.

El filo Apicomplexa incluye las especies *Cryptosporidium parvum* y *Cryptosporidium hominis*, las cuales causan criptosporidiosis, enfermedad transmitida por agua y alimentos contaminados (15), *Cystoisospora belli* provoca isosporosis que causa diarreas persistentes, *Cyclospora cayetanensis* provoca ciclosporiasis, diarrea prolongada (12). Por último, del filo Ciliophora tenemos a *Balantioides coli*, único protozoario ciliado patógeno en humanos que causa colitis y rara vez puede provocar perforaciones extracelulares y dirigirse a otros órganos, está relacionado con el contacto en cerdos y es muy frecuente en niños (13).

En este contexto, la presente investigación tiene como objetivo realizar una Revisión Sistemática de la Literatura científica sobre los protozoarios intestinales comensales y su relación con la microbiota.

Materiales y métodos

La investigación es de tipo documental y descriptivo, con un enfoque cualitativo basado en la revisión, que permite recopilar, analizar y sintetizar la información científica sobre los protozoarios intestinales comensales y su relación con la microbiota. La búsqueda se realiza en bases de datos científicas PubMed, SciELO, SpringerLink, Dialnet y Frontiers, en las que se incluyeron únicamente artículos publicados entre 2019 y





2025. Para la búsqueda se utilizan palabras clave en español e inglés como: protozoarios, protozoarios comensales, microbiota gastrointestinal, protozoos, protozoans y parasites.

Como criterios de inclusión, tenemos estudios originales, estudios epidemiológicos, estudios moleculares y reportes de casos, en criterios de exclusión tenemos; artículos teóricos, tesis, posgrados, artículos duplicados, trabajos con más de 10 años de antigüedad y artículos que no mencionan de forma directa el papel de los protozoarios. Tras aplicar los criterios, se seleccionaron 32 artículos científicos que cumplen los requisitos establecidos, en los que los datos se organizaron según el género de los protozoarios y su hallazgo en relación con la microbiota intestinal.

Resultados y discusión

Dentro de los protozoarios intestinales, entre los comensales, se encuentran varias especies que habitan en el huésped sin ocasionar ningún tipo de síntoma o daño aparente, son toleradas por el sistema inmune. No obstante, aún existe una brecha de conocimiento respecto a su presencia, si pueden ocasionar efectos positivos o negativos en la estabilidad de la microbiota, así como su posible papel patogénico oportunistas, que siguen siendo inciertos. A continuación, se detallan los principales protozoarios intestinales comensales y su estado actual en cuanto a su clasificación y conocimiento.

1. *Entamoeba dispar*

Fue descrita por primera vez en 1925 por Émile Brumpt, quien sugirió la existencia de otra especie de *Entamoeba* y la denominó *Entamoeba dispar*. Sin embargo, esta hipótesis fue rechazada y en 1970, empezaron a reconsiderar la teoría de Brumpt utilizando técnicas de zimodemas, que son perfiles bioquímicos de enzimas que permitieron diferenciarlas y confirmar que se trataba de dos especies distintas. Desde entonces se denominó *Entamoeba dispar* como una ameba no invasiva y no patógena (14). Un estudio realizado en Nueva York documentó un brote de diarrea en un grupo de 7 hombres que tenían relaciones sexuales con otros hombres y todos reportaron síntomas como diarrea, dolor abdominal y náuseas. Mediante PCR, se detectó en 6 muestras la presencia de *Entamoeba dispar* y ninguna dio positivo para *Entamoeba histolytica*, también se detectó en 5 muestras *Blastocystis spp.* Este estudio llegó a mencionar que *Entamoeba dispar* puede asociarse con síntomas gastrointestinales significativos en ausencia de otras infecciones (15).

Por otro lado, estudios moleculares en Latinoamérica han señalado que la prevalencia de *Entamoeba dispar* probablemente es mayor que la de *Entamoeba histolytica* ya que un estudio realizado en Ecuador, en las provincias de Esmeraldas y Pichincha, se recolectaron 106 muestras fecales previamente diagnosticadas con infección por *Entamoeba histolytica*, se analizaron nuevamente mediante examen coproparasitario, en el que se reportó la presencia de *Entamoeba histolytica/dispar* y de otros parásitos intestinales en todas las muestras. Sin embargo, al aplicar el método de RT-PCR con cebadores y sondas específicas para diferenciar ambas especies, se obtuvieron 3 muestras positivas para *Entamoeba histolytica* y 74 muestras positivas para *Entamoeba dispar*, el resto dio negativas para ambas especies por lo que se interpreta que probablemente sea *Entamoeba moshkovskii*. Esto evidencia que la microscopía es un método que puede provocar un mal diagnóstico de amebas y, por ende, llevar a un tratamiento innecesario (16).

2. *Entamoeba hartmanni*





Es considerado un protozoario comensal que reside en el lumen del intestino grueso del huésped, su presencia en trofozoítos o quistes indica que la persona estuvo expuesta a contaminación por sin implicar daño al hospedador (17). Su prevalencia global es baja, aproximadamente 0,04 %, lo que refleja la escasa investigación en la población. Se ha identificado en Ecuador, Colombia, Venezuela, Bolivia, Brasil, Argentina, México, Nicaragua y Estados Unidos, los resultados evidenciaron que Venezuela tiene una alta prevalencia, con un 45,5 %, mientras que en Colombia tiene una prevalencia más baja, con un 0,04 %. En el caso de Ecuador, la prevalencia es intermedia en comparación con la de los demás países (18).

Algunos estudios sobre *Entamoeba hartmanni* lo relacionan con diarreas leves y SIDA, y otros lo presentan como agente causal de artritis reactiva en individuos positivos para HLA-B27, una proteína de superficie celular que se encuentra en la membrana de algunas células y está asociada a enfermedades como la artritis. No obstante, no existe más evidencia concluyente donde corroboren estos hallazgos (19). Una investigación realizada en Indonesia recolectó 144 muestras fecales de estudiantes sanos de entre 7 y 15 años, mediante el método de PCR se detectó que 45 muestras (31,3 %) resultaron positivas para *Entamoeba hartmanni*.

La evaluación de la consistencia de las heces se realizó mediante la tabla de Bristol, la cual mostró que el 68,9 % de las muestras de niños colonizados por *Entamoeba hartmanni* presentaban heces blandas. Esto indica que los niños colonizados por este protozoario tienen una mayor probabilidad de presentar heces blandas que los no colonizados. Sin embargo, este resultado no afirma que este protozoario cause diarrea, sino sugiere que aparentemente, podría estar relacionado con una consistencia de las heces más blanda de lo habitual (19).

3. *Entamoeba moshkovskii*

Es un protozoario del género *Entamoeba*, cuyo ciclo de vida es fecal-oral, debido a la ingesta o al contacto con alimentos o aguas contaminados. Fue aislada por primera vez en 1941 a partir de aguas residuales en Moscú, donde se la consideró una ameba de vida libre que ocasionalmente infectaba al ser humano. Morfológicamente, es indistinguible de *Entamoeba histolytica*, lo que dificulta su diferenciación mediante microscopía convencional (20). El primer reporte de *Entamoeba moshkovskii* en humanos se documentó en 1998, en una niña de 5 años en Bangladesh. Posteriormente, en el mismo país, estudios que realizaron técnicas moleculares en Bangladesh confirmaron la presencia de *Entamoeba moshkovskii* en niños de 2 a 5 años asintomáticos, lo que llevó a considerarlo como un protozoario habitual del intestino humano (21).

En cuanto a la distribución mundial de *Entamoeba moshkovskii* se ha reportado en diversas regiones como América del Norte, Italia, Sudáfrica, Bangladesh, India, Irán, Australia, Turquía con una prevalencia del 20% de la población infantil (22). En América Latinoamérica los estudios son limitados, en Ecuador no existen reportes sobre la detección de *Entamoeba moshkovskii* en humanos, únicamente se ha reportado su presencia en países como Colombia y Venezuela lo que recalca la necesidad de investigaciones locales para conocer su prevalencia en la región (18).

Un estudio realizado en la India entre 2017 y 2020 examinó 6.051 muestras fecales con síntomas de diarrea mediante el método de PCR dirigida al gen 18S rRNA y se encontró que el 3,12 % de las muestras resultó positivo para *Entamoeba moshkovskii*, con mayor prevalencia en niños de 5 a 12 años. El 46,56 % presentaron como único protozoario a *Entamoeba moshkovskii* sin coinfección con otros parásitos; esto sugiere que aparentemente puede ser capaz de causar diarrea por sí solo, lo que refuerza su capacidad de alteración y





relevancia clínica (23). Existen estudios que aparentemente relacionan casos de diarrea con la presencia de *Entamoeba moshkovskii*, que puede ocasionar amebiasis invasiva en humanos y, potencialmente, ser patógena. Un estudio realizado en Kenia recolectó 46 muestras de heces, fueron analizadas mediante PCR en donde 9 muestras (19,5%) resultaron positivas para *Entamoeba moshkovskii* con síntomas y sintomáticos los cuales presentaban diarrea y dolor abdominal similares a *Entamoeba histolytica* (24).

4. *Entamoeba coli*

Es un protozoario intestinal considerado comensal que se transmite por vía fecal-oral a través de su forma quística, presentes en aguas y alimentos contaminados siendo más frecuente en zonas rurales (25). En Brasil presenta una prevalencia alta, aproximadamente del 86,5 % (26), en Colombia con un 35% común en niños (27). En Ecuador, de igual forma, su prevalencia es considerable, ya que en un estudio realizado en 2023 en las provincias de Chimborazo y Guayas se recolectaron 372 muestras fecales de niños de 3 a 11 años, de las cuales 97 (26,3 %) resultaron positivas para *Entamoeba coli* mediante examen coproparasitario. *Entamoeba coli* fue el segundo protista más común por debajo de *Blastocystis* (28).

Otro estudio reportado en 2024 menciona que, en San Luis, provincia de Chimborazo, se recolectaron 610 muestras fecales de niños menores de 12 años y que la prevalencia fue del 30,36 %. Por otro lado, esta investigación se centró en Manabí, donde se recolectaron 154 muestras fecales de niños y adolescentes en tres comunidades, en las que solo en una muestra se detectó *Entamoeba coli* mediante microscopía y concentración con formol, lo que representa una prevalencia del 13,64 % (29). Actualmente, no existe evidencia de que *Entamoeba coli* esté presente o relacionado con sintomatologías.

5. *Entamoeba polecki*

Es un protozoario que puede vivir tanto en el ambiente como en un huésped, habita en el lumen intestinal en donde se puede encontrar tanto en humanos como en el cerdo mediante vía fecal-oral (17). Esta especie fue descrita por primera vez en 1912 en cerdos, donde se la identificó como un comensal intestinal (30). En 201 se estableció una terminología para *Entamoeba polecki*, ya que mediante estudios de biología molecular con PCR se determinaron 4 subtipos (ST1-ST4).

Los subtipos ST1 se denominan *Entamoeba polecki*, ST2, *Entamoeba chattoni*, ST3, *Entamoeba struthionis* y ST4, *Entamoeba suis*. De estos subtipos, solo ST2 y ST4 se han encontrado en primates, como los cerdos, mientras que ST4 es el subtipo que se ha encontrado con mayor frecuencia en humanos (30). Hasta el 2022 *Entamoeba polecki* se detectó en Ecuador y Argentina en donde su prevalencia reportada es aproximadamente un 0.9% (31).

Actualmente no existe evidencia científica sobre *Entamoeba polecki* ni sobre su relación con la microbiota intestinal.

6. *Endolimax nana*

Se considera un protozoario amebóide tradicionalmente clasificado como comensal, normalmente parasita el colon humano y, en ocasiones, se ha reportado en el apéndice (32). Su prevalencia mundial es alta, de aproximadamente 13,9 %, con mayor incidencia en regiones con condiciones sanitarias deficientes,





especialmente en países en desarrollo, su relevancia clínica actual es controvertida, ya que su alta prevalencia lo convierte en un microorganismo de interés diagnóstico (33).

En Ecuador, diversos estudios han evidenciado una alta prevalencia de parásitos intestinales en poblaciones andinas, destacando *Endolimax nana* como uno de los protozoarios más frecuentes, por debajo de *Blastocystis spp.* En la parroquia San Andrés, provincia de Chimborazo, se analizaron 396 muestras fecales humanas, de las cuales 275 resultaron positivas para *Endolimax nana*, lo que evidencia una alta prevalencia de infección en la población local. Por otro lado, el mismo estudio reportó una contaminación del 70,6 % en productos agrícolas, con un 67,1 % en frutas y un 73,6 % en verduras, lo que refleja la importancia de la contaminación en alimentos y de las condiciones de higiene (34). De manera complementaria, otra investigación realizada en la misma región andina, se identificó a *Endolimax nana* en frutas como la fresa, con una prevalencia del 17.3% lo que demuestra que este protozoario no solo afecta a la población humana, sino también puede estar presente en alimentos cultivados localmente (35).

7. *Iodamoeba bütschlii*

Es un protozoario descrito por Dobell en 1919, generalmente considerado comensal, no patógeno. Habita en el lumen del intestino grueso humano, los trofozoítos, al igual que los quistes, se eliminan a través de las heces (17). Su prevalencia mundial oscila entre el 0,1 % y el 0,2 %. Sin embargo, se han documentado tasas de prevalencia medianamente altas en zonas de Sudamérica como Perú, Venezuela y Bolivia, con un 16% en individuos sanos (36). En 2012 se publicó la primera secuenciación del ADNr de *Iodamoeba*, que fue el último protozoario intestinal en ser secuenciado genéticamente, dicho análisis reveló una complejidad significativa, ya que se identificó la presencia de dos linajes ribosomales (RL1 y RL2) con una diferencia del 31%, lo que sugiere que podrían ser dos especies distintas.

Desde entonces, se ha encontrado que la secuenciación del linaje RL1 solo se encuentra en humanos, mientras que la del linaje RL2 se encuentra en animales. Una publicación de 2024 reportó que el linaje RL2 se encontró en muestras de heces de una persona que había viajado a Cuba. El mismo estudio realizó la secuenciación de muestras fecales en zonas geográficas distintas, como Ecuador, Madagascar y Sáhara Occidental, donde se reportó la presencia de RL1. Sin embargo, en las mismas muestras se encontró diversidad de secuencias, entre 2 y 4 variantes, lo que permitió concluir que *Iodamoeba* codifica varios genes que pueden ser distintos entre sí (37).

La prevalencia de *Iodamoeba bütschlii* en Ecuador es relativamente baja, ya que un estudio publicado en 2021 en la provincia de Azuay analizó un total de 608 muestras de niños escolares de 6 a 12 años, con el objetivo de identificar la presencia de protozoarios intestinales mediante examen coproparasitario, que incluía *Iodamoeba bütschlii*. Como resultado obtuvieron de las 608 muestras, solo 6 muestras fueron positivas para dicho parásito, esto representa una prevalencia de 3.14% en la población estudiada (38). De igual forma, en Colombia se estudió una población universitaria conformada por 139 estudiantes sanos, en la que se empleó la microscopía para la detección de protozoarios intestinales, incluido *Iodamoeba bütschlii*. Los resultados mostraron que solo 1 muestra resultó positiva para *Iodamoeba bütschlii*, lo que corresponde a una prevalencia del 0,7 %. No obstante, el hallazgo de al menos 1 individuo confirma que sí existe la presencia de *Iodamoeba bütschlii* en la comunidad y sugiere un indicador en saneamiento (39).

8. *Dientamoeba fragilis*



Esta obra está bajo una licencia Creative Commons de tipo (CC-BY-NC-SA).

Sociedad Ecuatoriana de Investigación Científica. E-mail: revistabiosana@gmail.com



Es un protozoario descubierto en 1909 por Charles Wenyon, pero no fue hasta 1918 cuando fue descrito como parásito no patógeno (40). Se encuentran únicamente en forma de trofozoíto, que habitan en el lumen del intestino grueso y son eliminados con las heces (41). Su vía de transmisión es por vía fecal-oral y es un potencial zoonótico, ya que se ha encontrado en animales domésticos y de ganado (42), además, también se menciona que puede transmitirse a través de huevos de helmintos como *Enterobius vermicularis* (41).

En un estudio realizado en el Hospital Universitario de Toulouse, Francia, se evaluó la posible patogenicidad de *Dientamoeba fragilis* o su relación con síntomas gastrointestinales. Se analizaron 673 muestras fecales, de las cuales 44 (6,5 %) resultaron positivas para *Dientamoeba fragilis* mediante PCR y no presentaron relación alguna con los síntomas, incluso los pacientes con una carga parasitaria más alta (Ct < 28) no presentaron síntomas. Esto sugiere que *Dientamoeba fragilis* no está involucrado en manifestaciones clínicas, por lo que se considera un comensal del intestino humano que coexiste con otros protozoarios sin causar enfermedad (43). En un estudio realizado de 2019 a 2022 se incluyeron 66.975 personas, en el que se excluyó a quienes eran menores de 18 años, estaban diagnosticadas con alguna enfermedad inflamatoria o neoplasia maligna del colon, o presentaban otros parásitos. En total, quedaron 27.918 personas para el estudio mediante PCR de muestras fecales, en donde 6.215 (22,3%) dieron positivas solo para *Dientamoeba fragilis* (44).

9. *Trichomonas hominis*

Antiguamente conocida como *Pentatrichomonas hominis*, es un protozoario flagelado que habita de forma comensal en el ciego e intestino grueso. Tradicionalmente es considerado comensal no patógeno, se encuentra como trofozoíto durante todo su ciclo de vida y se eliminan mediante las heces (45). Aunque, se considera no patógeno, diversos reportes clínicos han sugerido aparentemente actúa como un agente oportunista, provocando diarrea al huésped inmunodeprimido o con un desequilibrio intestinal, también se ha identificado su presencia en animales domésticos lo que sugiere un potencial zoonótico (46).

Si bien *Trichomonas hominis* es un comensal, en algunas condiciones puede actuar como patógeno oportunista. En un estudio realizado en Egipto con niños de 3 a 15 años, se detectó que 25 de 108 muestras fecales estaban infectadas por este parásito mediante examen coprológico, tinciones y cultivos, lo que constituye el primer reporte en el país. La mayoría de los niños infectados con *Trichomonas hominis* (21) presentaron dolor abdominal y 8 presentaron diarrea, aunque estos síntomas también se observaron en niños no infectados. Sin embargo, se identificó que 21 niños infectados presentaban una coinfección parasitaria, a diferencia de los no infectados, que no presentaron infección. Esto recalca que por sí sola *Trichomonas hominis* no causa infección intestinal, sino que puede coexistir con otros parásitos y puede estar presente en infecciones intestinales (47).

Investigaciones sugieren que *Trichomonas hominis* está estrechamente relacionado con el cáncer de colon, con una prevalencia de aproximadamente 37,93 % en pacientes con este cáncer. Aunque el mecanismo por el cual este protozoario influye en el desarrollo del cáncer de colon aún no está claro ni establecido, se ha propuesto una posible relación con la microbiota intestinal. Los estudios sobre la microbiota indican que las infecciones por *Trichomonas hominis* pueden influir en el equilibrio intestinal y, como consecuencia, empeorar el estado del cáncer de colon. (48).

Una investigación realizada en China analizó 25 pacientes diagnosticados con cánceres gastrointestinales mediante secuenciación del gen 16S rRNA, los cuales se dividieron en 3 grupos: 8 pacientes con cáncer





positivos para *Trichomonas hominis*, 8 pacientes con cáncer sin presencia de *Trichomonas hominis* y un grupo de control con 142 pacientes sanos. Entre los casos positivos para *Trichomonas hominis*, la prevalencia de cáncer colorrectal fue de 37,93 %, en el estómago de 45,1 %, en el esófago de 43,75 %, en el hígado de 57,14 % y en el intestino de 60 %. Se observó una alta prevalencia de *Trichomonas hominis* en el cáncer de colon (54 %), en adultos de 50 a 60 años y en hombres. Como resultado, se observó que los pacientes con cáncer no infectados presentaban un aumento de la diversidad y la riqueza bacterianas intestinales en comparación con el grupo de control.

10. *Chilomastix mesnili*

Fue descrito formalmente en 1912 como un flagelado comensal no patógeno, que coloniza tanto a humanos como a diversos animales domésticos y silvestres. Este protozooario se localiza en el ciego y en el colon, donde coexiste de manera asintomática, su ciclo de transmisión es mediante vía fecal-oral mediante aguas o alimentos contaminados con presencia de quistes (49). Aunque tradicionalmente se considera un comensal, los estudios revelan que su presencia puede influir en la composición bacteriana.

En 2025, en la aldea de Wainyacu (Indonesia), se llevó a cabo una investigación sobre la genética y la clasificación de *Chilomastix* spp., mediante la técnica de PCR. Se recogieron muestras fecales de origen humano y animal obtenidas entre 2013 y 2016, un total de 356 muestras fecales humanas, de las cuales se obtuvieron 101 secuencias del gen 18S rRNA correspondientes a *Chilomastix* spp. La prevalencia de *Chilomastix mesnili* fue positiva en 25 (7,0 %) en humanos; mediante este análisis se identificaron subtipos como *Chilomastix mesnili* (ST1) y *Chilomastix mesnili* (ST2-2), ambos en humanos y otros en animales. Este hallazgo es fundamental para comprender la diversidad genética de esta especie y su posible dinámica con el hospedador, demostrando que existen linajes específicos para humanos y animales, lo cual abre puertas para posibles investigaciones y poder profundizar (50).

En Ecuador, no existen estudios que mencionen por sí solo a *Chilomastix mesnili*, pero sí es reportado como uno de los protozoarios encontrados. Las investigaciones en Ecuador han reportado diferencias epidemiológicas entre provincias en su prevalencia. Un estudio menciona que, en San Luis, provincia de Chimborazo, se recolectaron 610 muestras fecales de niños menores de 12 años y se reportó una prevalencia del 3,93%. Por otro lado, esta investigación se centró en Manabí, donde recolectaron 154 muestras fecales en niños y adolescentes en tres comunidades de Manabí, en donde solo en una muestra se detectó a *Chilomastix mesnili* mediante microscopía y concentración de formol, lo que representa un 0.65% de prevalencia (29).

En la actualidad, la información sobre *Chilomastix mesnili* y su relación con la microbiota es escasa o muy poco estudiada, no existe evidencia de los últimos años sobre su estado comensal beneficioso o un posible patógeno oportunista.

11. *Enteromonas hominis*

Es un protozooario no patógeno que habita el intestino grueso, la infección ocurre a través de la infestación de quistes ya sea por transmisión directa, vía fecal-oral o transmisión indirecta a través de agua o alimentos contaminados. No existe evidencia que mencione alguna afectación al huésped; aun así, su presencia se considera como un marcador biológico de contaminación fecal en el ambiente, lo que presenta un riesgo al hospedador porque es una vía que puede facilitar la transmisión de parásitos patógenos (51). En Ecuador, en





la provincia de Azuay, cantón Nabón, se realizó una investigación en la que se recolectaron 382 muestras, en las que, mediante examen coproparasitario, se obtuvo un promedio de 29 (8.86 %), con presencia de *Enteromonas hominis* sin evidencia de sintomatología (52).

En la actualidad, con respecto a la microbiota, *Enteromonas hominis* sigue clasificándose como un protozooario comensal no patógeno, ya que no existen evidencias que lo contradigan.

12. *Retortamonas Intestinalis*

Es un protozooario no patógeno que habita el intestino grueso sin causar daño aparente al hospedador. Un estudio analizó genéticamente cepas de parásitos, incluida *Retortamonas intestinalis*, en India, utilizando técnicas de cultivo in vitro y el gen 18S rRNA. Se observó que la cepa de *Retortamonas intestinalis* se agrupó genéticamente con cepas de anfibios, en particular con la de rana venenosa, con una similitud aproximada del 94%. Esto sugiere que el parásito puede adaptarse a cualquier tipo de hospedador, por lo que su vía de transmisión es cruzada o zoonótica. (53).

La tasa de prevalencia es muy limitada en la literatura científica, solo en Bolivia se reportó una tasa de 2.4% para *Retortamonas intestinalis* con una prevalencia en niños y neonatos. Actualmente no existe evidencia científica sobre *Entamoeba polecki* ni sobre su relación con la microbiota intestinal.

13. *Blastocystis spp.*

Fue considerado como un hongo imperfecto, una levadura o un protista intracelular por mucho tiempo, pero en 1912 Alexeieff y Brumpt lo nombraron como *Blastocystis hominis*, en la actualidad ya es reclasificada como *Blastocystis spp.* y es considerado un comensal posible patógeno.

Es uno de los pocos protozoarios entéricos con una prevalencia que supera el 30% en países desarrollados y alcanza un 76% en comunidades en desarrollo, en Latinoamérica la prevalencia varía dependiendo la zona, Argentina, Bolivia, Brasil y Chile oscila entre el 20% y en zonas como Colombia y Ecuador se ha reportado tasas mucho más altas, aproximadamente un 80% (54).

Hasta la fecha se han identificado 22 subtipos de *Blastocystis spp.*, de los cuales 17 ya son reconocidos y el resto aún se encuentra en investigación. Solo 10 subtipos han sido reportados en humanos (ST1 – ST9 y ST12), siendo ST1–ST4 los más prevalentes. El subtipo ST3 a nivel global ha predominado y está relacionado con el síndrome irritable, el ST4 es el menos reportado, el cual está relacionado en casos con diarrea, tanto España, Dinamarca, Italia se han encontrado el subtipo ST4 en casos con diarrea y síndrome irritable, el subtipo ST5 se ha encontrado en animales bovinos y cerdos, el subtipo ST7 de igual forma es zoonótico y también está relacionado con el síndrome de intestino irritable ya que disminuye la riqueza microbiana (55).

En Ecuador, los reportes de *Blastocystis spp.* Indican tasas muy variables, que van del 7% al 81,5%. Un estudio realizado en 2023 en estudiantes escolares asintomáticos de las provincias de Chimborazo y Guayas ha identificado, con mayor frecuencia, *Blastocystis spp.* Se detectó la presencia de *Blastocystis spp.* en 146 casos mediante el examen coproparasitario. No obstante, al utilizar técnicas moleculares de PCR, la prevalencia descendió a 84 muestras positivas, lo que equivale al 22,6 % en Ecuador. Por otro lado, los subtipos encontrados con más prevalencia fue ST3 encontrado en 24 muestras, del subtipo ST2 fue encontrado





en 22 muestras y del ST4 en 12 muestras, destacaron que el subtipo ST2 tenía mayor diversidad genética interna (56).

Tabla 1. Sistematización de referentes teóricos.

Protozoario	Taxonomía	Método	Población	Actualización sobre la microbiota	Ref.
<i>Entamoeba dispar</i>	Comensal	Se realizó mediante PCR de punto final y secuenciación de la región SSU rRNA y el gen 16S rRNA	Población de Costa de Marfil	No mostró efectos ni alteraciones relevantes en la diversidad bacteriana, tampoco se evidencia un impacto beneficioso para la microbiota intestinal.	(57)
<i>Entamoeba hartmanni</i>	Comensal	Se realizó mediante PCR de punto final y secuenciación de la región SSU rRNA y el gen 16S rRNA	Población de Costa de Marfil	Se observó un aumento significativo de la diversidad alfa, lo que indica una microbiota más rica y compleja. Además, se observó una mayor abundancia de <i>Ruminococcaceae</i> (UCG-002) y de <i>Ruminococcaceae</i> (UCG-010). Estos resultados recalcan que podría ejercer efectos beneficiosos sobre el ecosistema y la salud intestinal.	(57)
<i>Entamoeba moshkovskii</i>	Posible patógeno oportunista	Secuenciación del gen 18S rRNA	Personas sanas en Camerún	Si bien la investigación no evaluó por sí sola <i>Entamoeba moshkovskii</i> , puede estar aparentemente relacionada con modificaciones leves en la microbiota intestinal, ya que se observó un aumento de la riqueza bacteriana, aunque con una disminución de <i>Bacteroides</i> .	(58)
<i>Entamoeba coli</i>	Comensal	Microscopía y solución de yodo	49 muestras fecales de niños entre 1 y 5 años.	Se observó un aumento de la riqueza bacteriana, con mayor proliferación de los géneros <i>Coprococcus</i> y <i>Alistipes</i> y de la especie <i>Akkermansia</i> , que son beneficiosas para la salud digestiva.	(33)
<i>Entamoeba polecki</i>	Comensal	No específico	No específico	Es un protozoario poco investigado, por lo tanto, no existe evidencia sobre su papel en la microbiota intestinal.	-
<i>Endolimax nana</i>	Posible patógeno oportunista	Examen coproparasitario con tinciones	49 niños de Medellín, Colombia.	Se evidenció un posible aumento de la bacteria <i>Paraprevotella</i> . Sin embargo, se recalca que la escasez de investigación sobre la microbiota aún no permite definir su papel ni establecer conclusiones sobre su impacto.	(33)
<i>Iodamoeba bütschlii</i>	Comensal	Secuenciación del gen 16S rRNA	14 madres e hijos en México	Aunque esta investigación no habla solo de <i>Iodamoeba bütschlii</i> , al estar presente, sugiere que podría estar aparentemente asociado a una mejor composición bacteriana, ya que se observó una mayor presencia de los filos Clostridiales, Bifidobacteriales y Campylobacteriales.	(59)
<i>Dientamoeba fragilis</i>	Comensal	Técnica molecular IS-pro, basada en la	38 niños, 19 sintomáticos	No influye o no está relacionado con la microbiota intestinal, y podría no tener relevancia para la presencia de síntomas gastrointestinales.	(60)





		detección de 16S-23S del ADN.	os y 19 del grupo control.		
<i>Trichomonas hominis</i>	Comensal	Secuenciación del gen 16S rRNA	25 pacientes con cáncer gastrointestinal en China	En los pacientes con cáncer de colon infectados por <i>Trichomonas hominis</i> , se observó una disminución de la diversidad microbiana de bacterias beneficiosas, como <i>Ruminococcaceae</i> UCG-002, y un aumento de bacterias asociadas con el cáncer, como <i>Flavonifractor spp.</i> , en comparación con el grupo no infectado. Esto sugiere que puede incrementar el riesgo de padecer cáncer de colon.	(48)
<i>Chilomastix mesnili</i>	Comensal	No específico	No específico	Es un protozoario poco investigado, por lo tanto, no existe evidencia sobre su papel en la microbiota intestinal.	-
<i>Enteromonas hominis</i>	Comensal	No específico	No específico	Es un protozoario poco investigado, por lo tanto, no existe evidencia sobre su papel en la microbiota intestinal.	-
<i>Retortamonas Intestinalis</i>	Comensal	No específico	No específico	Es un protozoario poco investigado, por lo tanto, no existe evidencia sobre su papel en la microbiota intestinal.	-
<i>Blastocystis spp.</i>	Patógeno dependiendo del subtipo.	Mediante PCR y microscopía.	Población de 200 estudiantes y 84 pacientes con enfermedad metabólica.	En el subtipo ST3 se observa una disminución de las bacterias de <i>Akkermansia muciniphila</i> , lo que se relaciona con el síndrome irritable y con síntomas gastrointestinales. El ST4 se asocia con una microbiota más diversa (55). Otro estudio se observó en dos grupos, uno sano y otro con enfermedades metabólicas, el grupo sano predominó ST4 y el subtipo ST5 en las personas enfermas y ambos se vinculó con una disminución de las bacterias <i>Firmicutes</i> y aun aumento de <i>Bacteroides</i> . Esto sugiere que, según el subtipo, puede ser comensal o patógeno oportunista (61).	(55,61)

Discusión

La presente revisión bibliográfica tuvo como objetivo analizar la evidencia disponible sobre el papel de los parásitos en la microbiota intestinal humana. Por ende, los resultados obtenidos evidencian que los protozoarios intestinales comensales desempeñan un papel más complejo en la microbiota intestinal.

En el caso del género Entamoeba, tenemos *E. dispar/hartmanni/moshkovskii* y *E. coli* de las cuales *E. dispar* no hubo evidencia que lo relacione con la composición microbiana (57). *E. moshkovskii* presentaba una mayor riqueza bacteriana intestinal, aunque con una disminución de *Bacteroides*, de igual forma, *E. coli*. (58). No obstante, en *E. hartmanni* se evidenció aparentemente un beneficio para la microbiota, ya que se produjo un aumento significativo de la diversidad alfa, lo que indica una microbiota más rica y compleja. (57). Esto coincide con lo propuesto por Antonetti et al. (2024) en donde los individuos portadores de *E. hartmanni* presentaron una microbiota con mayor diversidad alfa y beta y un incremento de bacterias beneficiosas para





la microbiota como *Ruminococcaceae* (UCG-002) y *Ruminococcaceae* (UCG-010) y *Eubacterium*, por lo tanto, *E. hartmanni* puede desempeñar un papel favorecido a la microbiota intestinal (55).

Para la especie, *Endolimax nana* se evidenció un aumento de la bacteria *Paraprevotella* (33), Rodríguez et al. (2021) nos reporta que la colonización de parásitos incluido *E. nana* tiene un efecto sobre la beta diversidad de la microbiota bacteriana, aproximadamente un 5% y 15% de la variación en la comunidad de bacterias (62). Por otro lado, entre los parásitos *Entamoeba polecki*, *Retortamonas intestinalis*, *Enteromonas hominis*, *Chilomastix mesnili*, actualmente no se encontraron evidencias en la literatura que reporten su influencia en la microbiota humana.

En relación con *Iodamoeba bütschlii*, a pesar de este estudio, como el de Rodríguez et al. (2024), donde se menciona que puede estar relacionado con una mayor composición bacteriana perteneciente a los filos Clostridiales, Bifidobacteriales y Campylobacteriales. (59). Actualmente no existe evidencia adicional que respalde directamente el impacto que *Iodamoeba bütschlii* pueda tener en la composición bacteriana. La ausencia de estudios representa un vacío de conocimiento, lo que impide determinar si estas especies influyen directamente en la microbiota intestinal humana o si tienen un posible papel patogénico.

En el caso de *Dientamoeba fragilis*, no se mostró que los niños sintomáticos presentaran diferencias significativas en la diversidad y estabilidad de la microbiota en comparación con el grupo control, esto sugiere que *Dientamoeba fragilis* no influye o no está relacionada con la microbiota intestinal, no tiene relevancia en la presencia de síntomas gastrointestinales (60). Esto coincide con lo descrito por Kalveveen et al. (2022) donde reporta que el aumento de la bacteria *Flavonifractor* fue en niños negativos para *Dientamoeba fragilis*, esto evidencia que no está estrechamente relacionado con alteraciones en la microbiota (63).

Por otro lado, *Trichomonas hominis* sí presenta una disminución en la diversidad microbiana de bacterias beneficiosas como las bacterias *Ruminococcaceae* UCG-002 y aumento de bacterias que se asocia con el cáncer como *Flavonifractor spp.* que el grupo no infectado (48). Esto concuerda con lo escrito por Zhang et al. (2022), donde sus resultados son similares en pacientes con cáncer de colon infectados por *Trichomonas hominis*, en los que se evidenció una mayor abundancia de *Flavonifractor*, *Ruminococcaceae* (UCG-014) y *Lachnoclostridium spp.* en comparación con los no infectados. Además, se reportó que *Eubacterium eligens* y *Ruminococcaceae* (UCG-002) fueron menos abundantes en comparación con *Flavonifractor* y *Lachnoclostridium spp.*, que aumentaron significativamente en presencia de *Trichomonas hominis* (64). Este hallazgo respalda la posibilidad de que *Trichomonas hominis* altere la microbiota intestinal humana, lo que podría favorecer la proliferación de enfermedades neoplásicas.

Y, por último, en *Blastocystis spp.* se observó en relación con la microbiota una disminución de *Firmicutes* y un aumento relativo de *Bacteroidetes* en ambos grupos (61). En relación con los subtipos, ST1 tiene un rango menor a padecer de dolor abdominal, el ST4 de igual forma presenta un riesgo muy menor de presentar distensión abdominal y el ST5 sí presenta una probabilidad alta de presentar dolor, por ende, dependiendo el subtipo puede ser un posible patógeno (55). En relación con lo descrito por Deng et al. (2022) menciona que el subtipo ST3 se asoció positivamente con bacterias beneficiosas como *Prevotella* y *Ruminococcus* en pacientes de Italia, mientras que el subtipo ST7 tuvo efectos opuestos, su presencia se asoció con pacientes sintomáticos con diarrea y mostro una menor diversidad bacteriana con una disminución en bacterias





beneficiosas como *Lactobacillus* y *Bifidobacterium* y una estructura microbiana alterada (65). Esto refuerza que, según el subtipo, puede ser un patógeno que altera la microbiota intestinal humana.

Conclusiones

Los protozoarios intestinales comensales desempeñan un papel complejo en la microbiota intestinal humana, ya que algunas especies contribuyen positivamente a la diversidad microbiana, como *Entamoeba hartmanni*, *Entamoeba moshkovskii*, *Endolimax nana* y *Entamoeba coli*. En estas especies se ha evidenciado que, aparentemente, desempeñan un papel beneficioso para la riqueza bacteriana de la microbiota intestinal. Por el contrario, otras especies como *Iodamoeba bütschlii*, cuyo papel aún no está claramente definido, evidencian un vacío de conocimiento.

Especies como *Trichomonas hominis* en pacientes inmunodeprimidos y *Blastocystis spp.* Específicamente, el subtipo ST7 aparentemente puede alterar la microbiota intestinal, reduciendo la diversidad bacteriana beneficiosa y aumentando la de bacterias patógenas. Esto sugiere un posible papel patogénico oportunista, según el subtipo o el hospedador.

La colonización por *Blastocystis spp.*, sí puede estar asociado a un aumento en la riqueza bacteriana beneficiadora como el aumento de *Firmicutes*, así como otros subtipos que están estrechamente relacionados con efectos similares en la microbiota intestinal.

Existe evidencia que sí respalda sobre algunas especies de protozoarios intestinales comensales como beneficiadoras de la microbiota intestinal. Sin embargo, también existe la ausencia de investigaciones sobre especies como *Entamoeba polecki*, *Chilomastix mesnili*, *Enteromonas hominis* y *Retortamonas intestinalis*, lo que limita la comprensión del impacto que pueden tener en la salud intestinal, y enfatiza la necesidad de futuras investigaciones en estas especies para su clasificación y determinar su papel en la microbiota intestinal.

Referencias

1. Hu C, Shen H. Microbes in Health and Disease: Human Gut Microbiota. Applied Sciences 2024, Vol 14, Page 11354 [Internet]. 2024 Dec 5 [cited 2025 Sep 30];14(23):11354. Available from: <https://www.mdpi.com/2076-3417/14/23/11354/html>
2. Yang K, Li G, Li Q, Wang W, Zhao X, Shao N, et al. Distribution of gut microbiota across intestinal segments and their impact on human physiological and pathological processes. Vol. 15, Cell and Bioscience. BioMed Central Ltd; 2025.
3. Godínez Gutiérrez SA, Galindo Delfin SG, Bolado García VE. Microbiota intestinal en la nutrición clínica. Báez M, editor. 2025;23–50.
4. Aggarwal N, Kitano S, Ru G, Puah Y, Kittelmann S, Hwang IY, et al. Microbiome and Human Health: Current Understanding, Engineering, and Enabling Technologies. 2022 [cited 2025 Oct 23]; Available from: <https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.2c00431>





5. Álvarez J, Fernández Real JM, Guarner F, Gueimonde M, Rodríguez JM, Saenz de Pipaon M, et al. Microbiota intestinal y salud. Gastroenterol Hepatol [Internet]. 2021 Aug 1 [cited 2025 Sep 30];44(7):519–35. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0210570521000583?via%3Dihub>
6. Mok K, Poolsawat T, Somnuk S, Wanikorn B, Patumcharoenpol P, Nitisinprasert S, et al. Preliminary characterization of gut mycobiome enterotypes reveals the correlation trends between host metabolic parameter and diet: a case study in the Thai Cohort. Scientific Reports 2024 14:1 [Internet]. 2024 Mar 9 [cited 2025 Oct 30];14(1):1–11. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41598-024-56585-2>
7. Hallen-Adams HE, Kachman SD, Kim J, Legge RM, Martínez I. Fungi inhabiting the healthy human gastrointestinal tract: A diverse and dynamic community. Fungal Ecol. 2015 Jun 1;15:9–17.
8. Gaspar BS, Roșu OA, Enache RM, Manciulea M, Pavelescu LA, Crețoiu SM. Gut Mycobiome: Latest Findings and Current Knowledge Regarding Its Significance in Human Health and Disease. Journal of Fungi 2025, Vol 11, Page 333 [Internet]. 2025 Apr 22 [cited 2025 Oct 2];11(5):333. Available from: <https://www.mdpi.com/2309-608X/11/5/333/htm>
9. Rojas A, Bass LG, Campos-Camacho J, Dittel-Meza FA, Fonseca C, Huang-Qiu YY, et al. Integrative taxonomy in helminth analysis: protocols and limitations in the twenty-first century. Parasites and Vectors [Internet]. 2025 Dec 1 [cited 2025 Oct 2];18(1):1–20. Available from: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13071-025-06682-6>
10. Dubik M, Pilecki B, Moeller JB. Commensal Intestinal Protozoa—Underestimated Members of the Gut Microbial Community. Biology 2022, Vol 11, Page 1742 [Internet]. 2022 Nov 30 [cited 2025 Oct 5];11(12):1742. Available from: <https://www.mdpi.com/2079-7737/11/12/1742/htm>
11. Hunter-Barnett S, Viney M. Gut protozoa of wild rodents - A meta-analysis. Parasitology. 2024 May 1;151(6):594–605.
12. Basirpour B, Sadeghi M, Ramezanzadeh S, Daryaei N, Gholami S, Hosseini SA, et al. The first molecular study of Cystoisospora belli and Cyclospora cayetanensis in HIV/AIDS patients from Northern Iran. Sci Rep [Internet]. 2025 Dec 1 [cited 2025 Nov 4];15(1):23304. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC12223078/>
13. Balantidiasis [Internet]. [cited 2025 Oct 5]. Available from: https://www.cdc.gov/dpdx/balantidiasis/index.html?utm_source=chatgpt.com
14. Clark CG. Entamoeba dispar, an organism reborn. Trans R Soc Trop Med Hyg [Internet]. 1998 Jul 1 [cited 2025 Oct 6];92(4):361–4. Available from: https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0035920398910495?utm_source=chatgpt.com





15. Mergen K, Alleyne L, Fitzhenry R, Sunkara R, Gutelius B, Alderman A, et al. Symptomatic *Entamoeba dispar* Infections Among Men Who Have Sex With Men, New York City, 2018. *Open Forum Infect Dis* [Internet]. 2024 Nov 27 [cited 2025 Oct 6];11(12). Available from: <https://dx.doi.org/10.1093/ofid/ofae658>
16. Guevara Á, Vicuña Y, Costales D, Vivero S, Anselmi M, Bisoffi Z, et al. Use of Real-Time Polymerase Chain Reaction to Differentiate between Pathogenic *Entamoeba histolytica* and the Nonpathogenic *Entamoeba dispar* in Ecuador. *Am J Trop Med Hyg* [Internet]. 2018 Nov 5 [cited 2025 Oct 6];100(1):81–2. Available from: <https://www.ajtmh.org/view/journals/tpmd/100/1/article-p81.xml>
17. Garcia LS. Intestinal Protozoa: Amebae. *Diagnostic Medical Parasitology*. 2019 Jan 25;6–32.
18. Servián A, Helman E, Iglesias M del R, Panti-May JA, Zonta ML, Navone GT. Prevalence of Human Intestinal *Entamoeba* spp. in the Americas: A Systematic Review and Meta-Analysis, 1990–2022. *Pathogens* [Internet]. 2022 Nov 1 [cited 2025 Oct 8];11(11):1365. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9699389/>
19. Matsumura T, Hendarto J, Mizuno T, Syafruddin D, Yoshikawa H, Matsubayashi M, et al. Possible pathogenicity of commensal *Entamoeba hartmanni* revealed by molecular screening of healthy school children in Indonesia. *Trop Med Health* [Internet]. 2019 Jan 15 [cited 2025 Oct 8];47(1):7. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6334419/>
20. Fotedar R, Stark D, Beebe N, Marriott D, Ellis J, Harkness J. Laboratory Diagnostic Techniques for *Entamoeba* Species. *Clin Microbiol Rev* [Internet]. 2007 Jul [cited 2025 Oct 9];20(3):511–32. Available from: [/doi/pdf/10.1128/cmr.00004-07?download=true](https://doi.org/10.1128/cmr.00004-07?download=true)
21. Singh A, Houpt E, Petri WA. Rapid Diagnosis of Intestinal Parasitic Protozoa, with a Focus on *Entamoeba histolytica*. *Interdiscip Perspect Infect Dis* [Internet]. 2009 [cited 2025 Oct 9];2009:1–8. Available from: <https://doi.org/10.1155/2009/547090>
22. Unzaga - J M, Zonta YML, De Ciencias Veterinarias F, Facultad Y, Ciencias DE, Museo NY. PROTOZOOS PARÁSITOS DE IMPORTANCIA SANITARIA. [cited 2025 Oct 9]; Available from: <https://www.cdc.gov/dpdx>
23. Sardar SK, Ghosal A, Halder T, Maruf M, Das K, Saito-Nakano Y, et al. Prevalence and molecular characterization of *Entamoeba moshkovskii* in diarrheal patients from Eastern India. *PLoS Negl Trop Dis* [Internet]. 2023 May 1 [cited 2025 Oct 13];17(5):e0011287. Available from: <https://journals.plos.org/plosntds/article?id=10.1371/journal.pntd.0011287>
24. Kyany'a C, Eyase F, Odundo E, Kipkirui E, Kipkemoi N, Kirera R, et al. First report of *Entamoeba moshkovskii* in human stool samples from symptomatic and asymptomatic participants in Kenya. *Trop Dis Travel Med Vaccines*. 2019 Dec 17;5(1).





25. Haidar A, Jesus O De. Entamoeba coli Infection. Parasiten des Menschen [Internet]. 2023 Aug 23 [cited 2025 Oct 25];134–5. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK564412/>
26. Zanetti ADS, Malheiros AF, De Matos TA, Dos Santos C, Battaglini PF, Moreira LM, et al. Diversity, geographical distribution, and prevalence of Entamoeba spp. in Brazil: a systematic review and meta-analysis. Parasite [Internet]. 2021 [cited 2025 Oct 25];28:17. Available from: https://www.parasite-journal.org/articles/parasite/full_html/2021/01/parasite210001/parasite210001.html
27. Peña-Quistial MG, Benavides-Montaña JA, Duque NJR, Benavides-Montaña GA. Prevalence and associated risk factors of Intestinal parasites in rural high-mountain communities of the Valle del Cauca—Colombia. PLoS Negl Trop Dis [Internet]. 2020 Oct 1 [cited 2025 Oct 25];14(10):e0008734. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7591239/>
28. Tapia-Veloz E, Gozalbo M, Guillén M, Dashti A, Bailo B, Köster PC, et al. Prevalence and associated risk factors of intestinal parasites among schoolchildren in Ecuador, with emphasis on the molecular diversity of Giardia duodenalis, Blastocystis sp. and Enterocytozoon bienersi. PLoS Negl Trop Dis. 2023 May 1;17(5).
29. Vista de Parásitos intestinales en niños y adolescentes de comunidades rurales de Manabí, Ecuador [Internet]. [cited 2025 Oct 25]. Available from: https://www.revistainfectio.org/P_OJS/index.php/infectio/article/view/1212/1369
30. Stensvold CR, Winiecka-Krusnell J, Lier T, Lebbad M. Evaluation of a PCR Method for Detection of Entamoeba polecki, with an Overview of Its Molecular Epidemiology. J Clin Microbiol [Internet]. 2018 May 1 [cited 2025 Oct 11];56(5):e00154-18. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5925701/>
31. Servián A, Helman E, Iglesias M del R, Panti-May JA, Zonta ML, Navone GT. Prevalence of Human Intestinal Entamoeba spp. in the Americas: A Systematic Review and Meta-Analysis, 1990–2022. Pathogens [Internet]. 2022 Nov 1 [cited 2025 Sep 29];11(11):1365. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9699389/>
32. Garcia LS. Intestinal Protozoa: Amebae. Diagnostic Medical Parasitology. 2019 Jan 25;6–32.
33. Alzate JF, Toro-Londoño M, Cabarcas F, Garcia-Montoya G, Galvan-Diaz A. Contrasting microbiota profiles observed in children carrying either Blastocystis spp. or the commensal amoebas Entamoeba coli or Endolimax nana. Sci Rep [Internet]. 2020 Dec 1 [cited 2025 Sep 30];10(1):1–11. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41598-020-72286-y>
34. González-Ramírez LC, Robalino-Flores X, De la Torre E, Parra-Mayorga P, Prato JG, Trelis M, et al. Influence of Environmental Pollution and Living Conditions on Parasite Transmission among Indigenous Ecuadorians. International Journal of Environmental Research and Public Health 2022, Vol 19, Page





- 6901 [Internet]. 2022 Jun 4 [cited 2025 Oct 9];19(11):6901. Available from: <https://www.mdpi.com/1660-4601/19/11/6901/htm>
35. González-Ramírez LC, Djabayan-Djibeyan P, Prato JG, García Ríos CA, Carrero JC, Trelis M, et al. Field study of parasitic contamination of fruits, vegetables and leafy greens in the Ecuadorian Andes. F1000Research 2024 12:532 [Internet]. 2024 Mar 12 [cited 2025 Oct 9];12:532. Available from: <https://f1000research.com/articles/12-532>
36. Stensvold CR. Aspects of Genetic Diversity, Host Specificity and Public Health Significance of Single-Cellled Intestinal Parasites Commonly Observed in Humans and Mostly Referred to as ‘Non-Pathogenic.’ APMIS. 2025 Sep 1;133(9).
37. Guilane A, Ali Zouaoui M, Trelis M, Boutellis A, Stensvold CR. On the host specificity and genetic diversity of Iodamoeba bütschlii: Observations from short amplicon-based next-generation sequencing. Protist [Internet]. 2024 Oct 1 [cited 2025 Oct 14];175(5):126058. Available from: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1434461024000506?utm_source=chatgpt.com
38. Cuenca-León K, Sarmiento-Ordóñez J, Blandín-Lituma P, Benítez-Castrillón P, Pacheco-Quito EM. Prevalence of intestinal parasitosis in the child population of a rural area of Ecuador. Bol Malariol Salud Ambient. 2021 Dec 1;61(4):596–602.
39. Potes-Morales C, del Pilar Crespo-Ortiz M. Molecular diagnosis of intestinal protozoa in young adults and their pets in Colombia, South America. PLoS One [Internet]. 2023 May 1 [cited 2025 Oct 14];18(5):e0283824. Available from: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0283824>
40. Stark D, Barratt J, Chan D, Ellis JT. Dientamoeba fragilis, the Neglected Trichomonad of the Human Bowel. Clin Microbiol Rev [Internet]. 2016 Jul 1 [cited 2025 Oct 12];29(3):553. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC4861990/>
41. CDC - DPDx - Infección por Dientamoeba fragilis [Internet]. [cited 2025 Oct 12]. Available from: <https://www.cdc.gov/dpdx/dientamoeba/index.html>
42. Guadano-Procesi I, Berrilli F, Montalbano Di Filippo M, Di Cave D. Detection and genotyping of Dientamoeba fragilis from symptomatic patients: New insights from Italy into a little-known gastrointestinal protozoan. Parasitol Int. 2024 Feb 1;98.
43. Tchamwa Bamini G, Charpentier E, Guemas E, Chauvin P, Fillaux J, Valentin A, et al. No evidence of pathogenicity of Dientamoeba fragilis following detection in stools: A case-control study. [cited 2025 Oct 12]; Available from: www.parasite-journal.org
44. Shasha D, Grupel D, Treigerman O, Prajgrod G, Paran Y, Hacham D, et al. The clinical significance of Dientamoeba fragilis and Blastocystis in human stool—retrospective cohort study. Clinical Microbiology





- and Infection [Internet]. 2024 Jan 1 [cited 2025 Oct 12];30(1):130–6. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1198743X23004214?via%3Dihub>
45. CDC - DPDx - Flagelados no patógenos [Internet]. [cited 2025 Oct 12]. Available from: https://www.cdc.gov/dpdx/nonpathogenic_flagellates/index.html
46. Vista de Pentatrichomonas hominis en un paciente inmunodeprimido con manifestaciones entéricas [Internet]. [cited 2025 Oct 12]. Available from: <https://mansapublishers.com/ejms/article/view/92/74>
47. Abdo SM, Ghallab MMI, Elhawary NM, Elhadad H. Pentatrichomonas hominis and other intestinal parasites in school-aged children: coproscopic survey. J Parasit Dis [Internet]. 2022 Sep 1 [cited 2025 Oct 12];46(3):896. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9458831/>
48. Zhang N, Zhang H, Yu Y, Gong P, Li J, Li Z, et al. High prevalence of Pentatrichomonas hominis infection in gastrointestinal cancer patients. Parasit Vectors [Internet]. 2019 Aug 28 [cited 2025 Oct 12];12(1):1–9. Available from: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13071-019-3684-4>
49. CDC - DPDx - Chilomastix mesnili [Internet]. [cited 2025 Oct 15]. Available from: <https://www.cdc.gov/dpdx/chilomastix/index.html>
50. Jiang C, Lacante SA, Mizuno T, Syafruddin D, Tokoro M. Genetic diversity of genus Chilomastix: molecular classification of C. mesnili and other potential species variations in humans and animals. Trop Med Health [Internet]. 2025 Dec 1 [cited 2025 Oct 15];53(1):1–11. Available from: <https://tropmedhealth.biomedcentral.com/articles/10.1186/s41182-025-00725-5>
51. CDC - DPDx - Flagelados no patógenos [Internet]. [cited 2025 Nov 10]. Available from: https://www.cdc.gov/dpdx/nonpathogenic_flagellates/index.html?utm_source=chatgpt.com
52. Vanegas P, Prieto C, Aspiazu K, Peña S, Flores D, Jaramillo M, et al. Epidemiología de las infecciones por parásitos intestinales en el Cantón Nabón, Ecuador. FACSALUD-UNEMI [Internet]. 2022 Jun 6 [cited 2025 Nov 10];6(10):51–7. Available from: <https://ojs.unemi.edu.ec/index.php/facsalud-unemi/article/view/1578/1445>
53. Suzuki J, Sardar SK, Ghosal A, Yoshida N, Kurai H, Takahashi YA, et al. Phylogenetic analyses of Chilomastix and Retortamonas species using in vitro excysted flagellates. Revista Brasileira de Parasitologia Veterinaria. 2023 Oct 1;32(4).
54. Rudzińska M, Sikorska K. Epidemiology of Blastocystis Infection: A Review of Data from Poland in Relation to Other Reports. Vol. 12, Pathogens. Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI); 2023.
55. Pérez MR, Yáñez CM, Hernández AM, Sustaita JJD, Jiménez EG, Andrade MR, et al. Blastocystis infection frequency and subtype distribution in university students. Heliyon. 2020 Dec 1;6(12).





56. Tapia-Veloz E, Gozalbo M, Guillén M, Dashti A, Bailo B, Köster PC, et al. Prevalence and associated risk factors of intestinal parasites among schoolchildren in Ecuador, with emphasis on the molecular diversity of *Giardia duodenalis*, *Blastocystis* sp. and *Enterocytozoon bienersi*. *PLoS Negl Trop Dis*. 2023 May 1;17(5).
57. Di Cristanziano V, Farowski F, Berrilli F, Santoro M, Di Cave D, Glé C, et al. Analysis of human gut microbiota composition associated to the presence of commensal and pathogen microorganisms in Côte d'Ivoire. *Microorganisms* [Internet]. 2021 Aug 1 [cited 2025 Oct 8];9(8):1763. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8400437/>
58. Even G, Lokmer A, Rodrigues J, Audebert C, Viscogliosi E, Ségurel L, et al. Changes in the Human Gut Microbiota Associated With Colonization by *Blastocystis* sp. and *Entamoeba* spp. in Non-Industrialized Populations. *Front Cell Infect Microbiol* [Internet]. 2021 Mar 18 [cited 2025 Oct 13];11:533528. Available from: www.frontiersin.org
59. Partida-Rodríguez O, Brown EM, Woodward SE, Cirstea M, Reynolds LA, Petersen C, et al. Fecal microbiota transplantation from protozoa-exposed donors downregulates immune response in a germ-free mouse model, its role in immune response and physiology of the intestine. *PLoS One* [Internet]. 2024 Oct 1 [cited 2025 Oct 15];19(10):e0312775. Available from: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0312775>
60. Van Kalleveen MW, Budding AE, Benninga MA, Savelkoul PHM, Van Gool T, Van Maldeghem I, et al. Intestinal Microbiota in Children With Symptomatic *Dientamoeba fragilis* Infection: A Case-control Study. *Pediatr Infect Dis J*. 2020 Apr 1;40(4):279–83.
61. Yañez CM, Hernández AM, Sandoval AM, Domínguez MAM, Muñoz SAZ, Gómez JOG. Prevalence of *Blastocystis* and its association with Firmicutes/Bacteroidetes ratio in clinically healthy and metabolically ill subjects. *BMC Microbiol* [Internet]. 2021 Dec 1 [cited 2025 Oct 20];21(1):1–11. Available from: <https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-021-02402-z>
62. Partida-Rodriguez O, Nieves-Ramirez M, Laforest-Lapointe I, Brown EM, Parfrey L, Valadez-Salazar A, et al. Exposure to Parasitic Protists and Helminths Changes the Intestinal Community Structure of Bacterial Communities in a Cohort of Mother-Child Binomials from a Semirural Setting in Mexico. *mSphere* [Internet]. 2021 Aug 25 [cited 2025 Oct 19];6(4):e00083-21. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8386383/>
63. Holtman GA, Kranenberg JJ, Blanker MH, Ott A, Lisman-van Leeuwen Y, Berger MY. *Dientamoeba fragilis* colonization is not associated with gastrointestinal symptoms in children at primary care level. *Fam Pract* [Internet]. 2017 Feb 1 [cited 2025 Oct 20];34(1):25–9. Available from: <https://research.rug.nl/en/publications/dientamoeba-fragilis-colonization-is-not-associated-with-gastroin>





64. Zhang H, Yu Y, Li J, Gong P, Wang X, Li X, et al. Changes of gut microbiota in colorectal cancer patients with *Pentatrichomonas hominis* infection. *Front Cell Infect Microbiol*. 2022 Aug 31;12.
65. Deng L, Lee JWJ, Tan KSW. Infection with pathogenic *Blastocystis* ST7 is associated with decreased bacterial diversity and altered gut microbiome profiles in diarrheal patients. *Parasit Vectors* [Internet]. 2022 Dec 1 [cited 2025 Oct 20];15(1):1–9. Available from: <https://parasitesandvectors.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13071-022-05435-z>

