



**Universidad Nacional Mayor de San Marcos**

**Universidad del Perú. Decana de América**

**Facultad de Medicina**

**Escuela Profesional de Tecnología Médica**

**Identificación de especies de Plasmodium en base al  
gen codificante 18S ARNr en muestras de sangre de  
primates no humanos en cautive**

**TESIS**

Para optar el Título Profesional de Licenciada en Tecnología  
Médica en el área de Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica

**AUTOR**

Yeni Karen OCHOA MONTES

**ASESOR**

Heli Jaime BARRON PASTOR

Lima, Perú

2018



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

## Referencia bibliográfica

---

Ochoa Y. Identificación de especies de Plasmodium en base al gen codificante 18S ARNr en muestras de sangre de primates no humanos en cautiverio [Tesis de pregrado]. Lima: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Medicina, Escuela Profesional de Tecnología Médica; 2018.

---



Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Universidad del Perú, Decana de América

Facultad de Medicina

Escuela Profesional de Tecnología Médica

"Año del diálogo y la reconciliación nacional"



Revisado por;

629

### ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS

Conforme a lo estipulado en el Art. 113 inciso C del Estatuto de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (R.R. No. 03013-R-16) y Art. 45.2 de la Ley Universitaria 30220. El Jurado de Sustentación de Tesis nombrado por la Dirección de la Escuela Profesional de Tecnología Médica, conformado por los siguientes docentes:

- Presidente: Mg. Yesica Llimpe Mitma de Barrón
- Miembros: Mg. Mario Monteghirfo Gomero
- Mg. Jaime Alonso Rosales Rimache
- Asesor : Mg. Heli Jaime Barrón Pastor

Se reunieron en la ciudad de Lima, el día 21 de junio de 2018, procediendo a evaluar la Sustentación de Tesis, titulado **"Identificación de especies de Plasmodium en base al gen codificante 18S ARNr en muestras de sangre de primates no humanos en cautiverio"** Centro de Investigación de Enfermedades Tropicales de la Marina de los Estados Unidos (NAMRU-6), Lima, para optar el Título Profesional de Licenciada en Tecnología Médica en el Área de Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica de la Bachiller:

## YENI KAREN OCHOA MONTES

Habiendo obtenido el calificativo de:

18

(en números)

Dieciocho

(en letras)

Que corresponde a la mención de: *Muy bueno*

Quedando conforme con lo antes expuesto, se disponen a firmar la presente Acta.

Presidente

Mg. Yesica Llimpe Mitma de Barrón



Miembro

Mg. Mario Monteghirfo Gomero

Miembro

Mg. Jaime Alonso Rosales Rimache

Asesor (a) de Tesis

Mg. Heli Jaime Barrón Pastor

## RESUMEN

**Introducción:** El *Plasmodium* es un parásito oportunista y cosmopolita que infecta a humanos, primates no humanos y a otros vertebrados. Se conoce que *Plasmodium brasilianum* es una de las especies responsables de infectar a primates no humanos pudiendo causarles un tipo de malaria cuartana. Se ha observado que su distribución geográfica es muy frecuente en zonas circunscritas de América Central y la Amazonia de América del Sur en países tales como Panamá, Venezuela, Colombia, Guyana Francesa, Brasil y Perú. *Plasmodium brasilianum* es de particular interés debido a que sus características morfológicas, genéticas e inmunológicas son indistinguibles a la especie responsable de la malaria humana: *Plasmodium malariae*; atribuyéndole la capacidad de representar una zoonosis. **Objetivos:** Identificar genéticamente a especies de *Plasmodium* en base al gen que codifica la subunidad 18S ARNr en muestras de sangre de primates no humanos en cautiverio. **Diseño de estudio:** El diseño de este estudio es observacional y transversal. Esta investigación fue un estudio secundario en el que se usó muestras biológicas e información de un grupo de primates no humanos entre adultos, jóvenes y crías de ambos sexos pertenecientes al género *Saimiri* y *Lagothrix* evaluados durante los años 2011 y 2012 en algunas ciudades de Perú. **Materiales y métodos:** El análisis fue realizado mediante el software MEGA v6.0 y el programa Excel. Se realizó análisis descriptivo de las variables de las pruebas ensayadas usando los siguientes métodos: evaluación microscópica por gota gruesa, técnicas moleculares de PCR para confirmar la infección y secuenciamiento del gen 18S ARNr. **Resultados:** Se encontró que el 7.05 % (6/85) de primates no humanos estaban infectados con *Plasmodium* spp. En base al secuenciamiento y análisis filogenético molecular del gen 18S ARNr observamos infección por *Plasmodium brasilianum* en una muestra de primate *Lagothrix lagotricha* y por *Plasmodium malariae* en cuatro muestras de primates *Saimiri sciureus*. **Conclusiones:** Podemos concluir que los parásitos identificados en las muestras de estudio fueron *Plasmodium malariae* y *Plasmodium brasilianum*, este último previamente reportado como especie que infecta a primates no humanos del Nuevo Mundo.

## ABSTRACT

**Introduction:** *Plasmodium* is an opportunistic and cosmopolitan parasite that infects humans, non-human primates and other vertebrates. It is known that *Plasmodium brasilianum* is one of the species infecting non-human primates, which could cause a type of quartan malaria; its geographic distribution is frequent in regions of Central America and the Amazon of South America in countries as Panama, Venezuela, Colombia, French Guyana, Peru and Brazil. *Plasmodium brasilianum* is a subject of particular interest because its morphological, genetic and immunological characteristics are indistinguishable from the species that causes human malaria: *Plasmodium malariae*, attributing the capacity to cause zoonosis. **Objectives:** *Plasmodium* species were genetically characterized based on 18S rRNA gene in blood samples of non-human primate captives. **Study design:** The design of this study is observational and cross-sectional. This research, as a secondary study, used biological samples and information of a group of non-human primates among adults and youngs of both sexes belonging to the genus *Saimiri* and *Lagothrix* evaluated during the years 2011 and 2012 in some cities of Peru. **Materials and methods:** The analysis was performed using MEGA v6.0 software and Excel program. A descriptive analysis of variables was carried out using the following methods: microscopic thick-film evaluation, PCR techniques to confirm the infection and sequencing of the 18S rRNA gene. **Results:** It was found that 7.05% (6/85) of non-human primates were infected with *Plasmodium* spp. Based on the sequencing and molecular phylogenetic analysis of the 18S rRNA gene, we observed infection by *Plasmodium brasilianum* in a sample of primates *Lagothrix lagotricha* and by *Plasmodium malariae* in four samples of primates *Saimiri sciureus*. **Conclusions:** We can conclude that the parasites identified in the study samples were *Plasmodium malariae* and *Plasmodium brasilianum*, the latter previously reported as a species that infects non-human primates of the New World.