



## Generalidades y epidemiología mundial de los norovirus

Vanessa Villalobos-Alfaro<sup>1</sup>, Tatiana Murillo<sup>2</sup>, Eugenia Corrales-Aguilar<sup>2</sup>

**AFILIACIONES:** <sup>1</sup> División de Diagnóstico Molecular, Laboratorio Clínico, Hospital México, Caja Costarricense del Seguro Social; <sup>2</sup> Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales y Sección de Virología, Facultad de Microbiología, Universidad de Costa Rica.

**RESUMEN.** Los norovirus pertenecen a la familia *Caliciviridae* y son virus de ARN de polaridad positiva. Son responsables de la mayoría de los brotes de gastroenteritis no bacteriana que afectan a los humanos. Son virus altamente contagiosos ya que la infección puede ocurrir con menos de 20 partículas virales. Además, las personas infectadas pueden eliminar grandes cantidades de virus durante un largo período de tiempo; la eliminación viral puede ocurrir durante semanas o meses incluso en hospederos sanos asintomáticos y durante años en pacientes inmunocomprometidos. Esta alta infectividad, transmisión eficiente y su resistencia a los métodos de control y eliminación de otros patógenos hacen que los norovirus sean capaces de causar epidemias globales. Tanto la vigilancia epidemiológica y de laboratorio, como la epidemiología molecular, son cruciales para dar trazabilidad y manejar los brotes o epidemias de norovirus, ya que son la base para el desarrollo de medidas de prevención y estrategias de control para la población. Identificar el genogrupo y genotipo de los norovirus es crucial para saber cómo abordar las infecciones tanto clínicamente como en la población por las variaciones en la virulencia del virus. Conocer esta información puede ser de utilidad para las autoridades de vigilancia sanitaria de Costa Rica.

**PALABRAS CLAVE.** Norovirus, gastroenteritis aguda, enfermedad diarreica aguda, genogrupos y genotipos.

**ABSTRACT.** Noroviruses belong to the *Caliciviridae* family and are positive polarity RNA viruses. They are responsible for most outbreaks of non-bacterial gastroenteritis that affect humans. They are highly infectious viruses since infection can occur with less than 20 viral particles. Additionally, infected people can shed large amounts of virus over a long period of time, viral shedding may occur for weeks to months even in asymptomatic healthy hosts and years in immunocompromised patients. This high infectivity and efficient transmission make noroviruses capable of causing global epidemics. Both epidemiological and laboratory surveillance including molecular tests are crucial to keep norovirus outbreaks under control, since it allows to monitor circulating genotypes and the emergence of new strains for the development of prevention measures and control strategies for the population. Identifying the norovirus genogroup and genotype is crucial to know how to address infections both clinically and socially, since they vary in their virulence and in the way the outbreak is controlled.

**Dirección para correspondencia,**  
dirigida a:  
VanessaVillalobos-Alfaro  
villaloba@ccss.sa.cr

**Recibido:** 2 de diciembre 2024  
**Aceptado:** 22 de abril 2025  
**Publicado:** 30 de abril 2025

## Revisión

Knowing this information can be useful for health surveillance authorities in Costa Rica.

**KEYWORDS.** Norovirus, acute gastroenteritis, diarrheal water disease, genogroups, genotypes

**INTRODUCCIÓN.** La enfermedad diarreica aguda es la cuarta causa más común de mortalidad y la segunda causa más común de morbilidad en niños menores de 5 años en todo el mundo (Kendra et al., 2022). Tras la implementación exitosa de las vacunas contra el rotavirus, los norovirus se han convertido en la causa más importante de gastroenteritis viral en países desarrollados (Kendra et al., 2022). A pesar de representar aproximadamente una quinta parte de todas las gastroenteritis agudas en todo el mundo, el norovirus ha recibido menos atención social y médica y tiene menos iniciativas programáticas para su control, en comparación con otros patógenos. Algunas de las razones que pueden explicar esta falta de atención son 1) es difícil estimar la tasa de mortalidad asociada a la enfermedad, 2) aunque se percibe que el norovirus solo causa gastroenteritis leve autolimitada que rara vez requiere atención médica, puede causar una enfermedad grave o incluso la muerte en algunos grupos etarios (Bartsch et al., 2016).

En Costa Rica a la fecha existen muy pocos datos científicos y epidemiológicos que describan las infecciones por norovirus en la población costarricense, y el país posee escasa vigilancia molecular y genómica para conocer sobre el comportamiento actual de los norovirus. Esto se puede deber principalmente a tres razones: 1) existe un fuerte subregistro de las infecciones por norovirus, 2) pocos centros de salud realizan diagnóstico molecular para detectar norovirus, 3) ausencia de un sistema de vigilancia robusto y activo para identificar y notificar los brotes de norovirus. Debido a que el país actualmente no cuenta con información actualizada acerca de las infecciones por norovirus, no existe la posibilidad de comparar la situación nacional con respecto a la situación descrita en la literatura internacional. El presente trabajo pretende destacar la relevancia del norovirus como causante de enfermedad diarreica aguda, realizar una revisión de la epidemiología a nivel mundial y latinoamericano y comentar sobre la vigilancia genómica y molecular para considerar aplicarla a nivel nacional.

**Norovirus** Los virus son agentes infecciosos microscópicos que contienen la información genética necesaria para que se repliquen dentro de un hospedador vivo (Winder et al., 2022). Un virus que es excepcional en su replicación y propagación es el norovirus, anteriormente conocido como virus Norwalk, un virus endémico que circula en la población humana y que fue visualizado por primera vez con microscopía electrónica hace más de 50 años (Kapikian et al., 1972; Winder et al., 2022).

Norovirus pertenece a la familia *Caliciviridae*. Esta familia comprende cinco géneros, incluidos *Norovirus*, *Sapovirus*, *Lagovirus*, *Nebovirus* y *Vesivirus*.

## Revisión

El género *Norovirus* consiste en un grupo genéticamente diverso de virus que infecta una amplia gama de especies hospedadoras de mamíferos que incluyen humanos, perros, gatos, cerdos, ratones, ovejas y ganado (Chhabra et al., 2019). Con base en las comparaciones de secuencias genéticas de la ARN polimerasa ARN dependiente (RdRp) y de la proteína de la cápside (VP1) (Pang et al., 2005; Winder et al., 2022), el norovirus se subdivide en diferentes genogrupos, cada uno con subdivisiones adicionales en genotipos (Fang et al., 2022) y cepas o variantes dentro de cada genotipo (Pichardo et al., 2023). Existen diez genogrupos y al menos 49 genotipos (Chhandra et al., 2019; Tan, 2021; Kendra et al., 2022).

Los norovirus son virus sin envoltura con un genoma de ARN monocatenario no segmentado de polaridad positiva, con un tamaño de aproximadamente 7,5 kb (De Graaf et al., 2016) y un diámetro estimado de 27 a 35 nm (Winder et al., 2022). El genoma de la mayoría de los norovirus está organizado en tres marcos abiertos de lectura (ORF por sus siglas en inglés). El ORF1 tiene una longitud de 5100 bases y codifica para una poliproteína estructural que genera seis proteínas no estructurales (NS1/2 a la NS7) después de la escisión postraducciona por la proteasa viral NS6. Entre esas seis proteínas no estructurales se encuentra la NS7, que corresponde a una polimerasa ARN dependiente, responsable de la replicación del ARN viral (Winder et al., 2022). ORF2 tiene una longitud de 1600 bases y codifica para la principal proteína estructural viral VP1 que tiene dominios de cubierta (S) y los subdominios sobresalientes P1 y P2 (Chhabra et al., 2019). En la cápside, el dominio S rodea el ARN viral y está unido al dominio P1 y P2 a través de una bisagra flexible (Bányai et al., 2018). Adicionalmente, el subdominio P2 es una región hipervariable y la parte más expuesta a la superficie de la partícula viral. Esta región se caracteriza también por poseer una alta frecuencia mutacional dada probablemente por la presión selectiva de la inmunidad del hospedador y contribuye a la rápida aparición de nuevas variantes y/o cepas (Winder et al., 2022).

Por último, el ORF3 tiene 720 bases y codifica para una proteína estructural menor llamada VP2, que se encuentra dentro de la partícula viral y se ha propuesto que participa en el ensamblaje y estabilización de la cápside, la encapsidación del genoma y la entrada del virión a la célula hospedera (Chhabra et al., 2019; Conley et al., 2019). Con respecto a la estructura del virión, la cápside del norovirus está compuesta por 180 monómeros de la proteína viral VP1 que se ordena en 90 dímeros con una simetría icosaédrica T=3, con el subdominio P2 en la región más expuesta (De Graaf et al., 2016; Hassan et al., 2019). En el extremo 5' del genoma de norovirus se encuentra unida covalentemente la proteína ligada al genoma viral (VPg) que funciona como caperuza, mientras que en el extremo 3' del genoma está la cola poliadenilada (Winder et al., 2022).

## Revisión

Con respecto a la infección por norovirus, al igual que el resto de los virus, requiere de la unión de las partículas virales a la célula, la participación del receptor, la entrada a la célula, la descapsidación y la liberación del genoma. El paso inicial de la unión del virus a la superficie celular está mediado por los HBGA (carbohidratos en la superficie de las células epiteliales o antígenos del grupo sanguíneo "histo" del inglés *histoblood group antigens*). Se cree que la interacción entre los HBGA y el subdominio P2 del norovirus promueve la aglomeración de partículas virales en la superficie celular para aumentar la eficiencia de la internalización viral (Graziano et al., 2019; Winder et al., 2022).

La patogenia de los norovirus sugiere un ensanchamiento de las vellosidades intestinales, hiperplasia de las criptas celulares y vacuolización citoplasmática del intestino delgado, lo que conduce a los síntomas clásicos de la enfermedad (Winder et al., 2022).

**La enfermedad diarreica aguda por norovirus.** Las gastroenteritis agudas son uno de los principales problemas de salud pública (Kim et al., 2018). El norovirus humano es el primer agente viral para el que se demostró la causalidad de gastroenteritis, la cual se da tanto a manera de casos esporádicos como de brotes epidémicos (Hassan et al., 2019). Se estima que los norovirus son responsables de hasta el 20% de todos los casos de gastroenteritis aguda en el mundo (Hassan et al., 2019).

Una vez que ocurre la infección, esta puede ser sintomática o asintomática. Se ha descrito en la literatura que entre el 15 y el 35% de las personas infectadas son asintomáticas (Newman et al., 2015). Las infecciones asintomáticas son comunes en niños menores de cinco años; por ejemplo, da Silva Poló y colaboradores (2016) reportaron que en poblaciones de América Latina, las tasas de personas asintomáticas pueden variar desde 3,5% en niños chilenos durante 2007 y 2008, 13,3% entre el 2007-2011 en Perú, y hasta el 49,2% en México durante 1998. En Brasil esta proporción alcanzó el 36,4% en niños menores de 3 años, mientras que en Nicaragua el 11,7% de las infecciones asintomáticas se reportaron en niños (da Silva Poló et al., 2016).

Si la infección es sintomática, luego de un período de incubación de 12 a 48 horas, aparecerán los síntomas primarios que consisten en calambres estomacales, diarrea y vómitos (Kundu et al., 2013). Generalmente la infección es autolimitada y los síntomas suelen durar de 2 a 3 días (Winder et al., 2022). No obstante, en personas inmunocomprometidas o en recién nacidos, los síntomas pueden ser graves y prolongados, incluso pueden ser mortales debido a la deshidratación (Newman et al., 2015). La diseminación viral, tanto en sintomáticos como en asintomáticos, parece prolongarse por varias semanas después de que el cuadro resuelve, especialmente en personas con inmunidad debilitada, quienes pueden presentar una infección persistente que frecuentemente ocurre por reinfección (Yunus, 2021).

## Revisión

Los títulos máximos de ARN viral alcanzan entre  $10^9$  y  $10^{12}$  copias por gramo de heces en individuos sintomáticos y pueden ser 1 a 2 logaritmos más bajos en individuos asintomáticos (Newman et al., 2015). Con respecto a la duración de la eliminación de partículas virales en heces, hay individuos que eliminan niveles detectables del virus durante una media de 30 días; mientras que las personas inmunocomprometidas pueden eliminar norovirus durante años (Newman et al., 2015).

La infección por norovirus generalmente se considera una gastroenteritis aguda leve y autolimitada. Sin embargo, en algunos pacientes se pueden presentar secuelas luego de la infección; no obstante, existe una falta de conocimientos sobre el mecanismo patogénico de la infección por norovirus en humanos y los mecanismos que causan sus secuelas (Petrignani et al., 2018). Además de la mortalidad y la diarrea crónica, se han informado complicaciones graves y secuelas crónicas, desde defectos mecánicos como el síndrome de Boerhaave e intususcepción, efectos inflamatorios agudos y crónicos como perforación intestinal, enterocolitis necrotizante y neumatosis intestinal, hasta complicaciones extraintestinales como insuficiencia renal y hepática, convulsiones, encefalopatía y síndrome de Guillain-Barré (Petrignani et al., 2018).

A pesar de esto, la diarrea crónica es la principal secuela de la infección por norovirus (Petrignani et al., 2018). El impacto de la gastroenteritis crónica en las poblaciones de pacientes inmunocomprometidos es importante, especialmente entre los receptores de trasplantes y los pacientes con inmunodeficiencias primarias (Petrignani et al., 2018). Como consecuencia de esta diarrea, se produce pérdida importante de peso, necesidad de apoyo nutricional, insuficiencia renal y neumatosis intestinal (Robles et al., 2012).

**Epidemiología de la diarrea aguda por norovirus.** Los norovirus afectan a personas de todas las edades. Se ha convertido en una carga de salud y económica importante a nivel mundial, con un costo medio anual de los brotes que alcanza los \$7,6 millones en costos médicos directos y \$165,3 millones en pérdidas de productividad (Sun et al., 2024). Se estima que, a nivel mundial, los norovirus causan una media de 685 millones de casos al año en personas de todos los rangos de edad y entre 136 000 y 278 000 muertes están relacionadas con la infección por norovirus (Bartsch et al., 2016; Carlson et al., 2024).

En distintos estudios realizados a nivel mundial, se estima que las gastroenteritis agudas por norovirus oscilan ampliamente entre 12,5 y 60 por 1000 personas al año (Carlson et al., 2024). La vigilancia del norovirus en la mayoría de los países se basa, en gran medida, en la detección de brotes y no se notifican casos individuales; por lo tanto, las estimaciones de la incidencia de las gastroenteritis por norovirus en la población proviene principalmente de estudios de cohortes (Carlson et al., 2024).

## Revisión

Adicionalmente, se estima que todos estos casos resultaron en un promedio de \$4,2 billones en costos directos al sistema de salud y \$56,2 billones en pérdidas de productividad; por lo tanto, se calcula, que las infecciones por norovirus cuestan a la sociedad un total de \$60,3 billones anualmente (Bartsch et al., 2016).

La transmisión ocurre principalmente a través de la ruta fecal-oral y de persona a persona, aunque también puede ocurrir a través de partículas virales en aerosol, contaminación ambiental y a través de agua y alimentos (Casto et al., 2019). Los factores de riesgo de transmisión ambiental incluyen la convivencia con gran número de personas, el contacto con personas infecciosas y el lavado ausente o inadecuado de manos. Los brotes ocurren comúnmente en entornos donde las personas están en contacto cercano, como dormitorios, centros militares, prisiones, centros turísticos, cruceros, hospitales, guarderías y hogares de larga estancia (Adams et al., 2022).

La estacionalidad de norovirus puede variar según el clima. Los climas templados presentan brotes por norovirus durante todo el año, pero los picos epidémicos se concentran en el invierno, y entre el 63% y el 73% de los casos ocurren durante los meses de invierno. En estos climas, el norovirus puede propagarse más fácilmente durante el invierno debido a su capacidad para soportar temperaturas más frías y debido a un contacto humano más frecuente en interiores. En los climas tropicales, la gastroenteritis por norovirus sigue un patrón estacional menos distintivo, con picos observados en el invierno y en los meses más fríos y/o lluviosos, pero también se observa una distribución de casos a lo largo del año (Rohayem, 2009; Carlson et al, 2024).

Varios factores facilitan la alta transmisibilidad del norovirus, incluidos el requerimiento de un inóculo pequeño (dosis infecciosa baja) necesario para producir la infección (<20 partículas virales) (Hassan et al., 2019), la diseminación viral prolongada o altos niveles de excreción viral por las personas infectadas, su capacidad para resistir en el medio ambiente (Robilotti et al., 2015), la inmunidad de corto plazo, múltiples vías de transmisión y gran diversidad genética entre cepas (Yunus, 2021). El virión es muy estable en condiciones extremadamente hostiles, incluido un rango de pH de 3 a 7 y temperaturas de hasta 60 °C, lo que demuestra la dificultad de eliminarlo y controlar su propagación utilizando métodos convencionales (Winder et al., 2022). Esta combinación de alta infectividad y alta transmisión eficiente permite que los norovirus causen epidemias globales (Hassan et al., 2019).

La inmunidad a los norovirus no se comprende bien, pero se cree que es imperfecta y de duración limitada. Las estimaciones recientes van desde tan solo unos meses de inmunidad hasta nueve años (Simmons et al., 2013).



## Revisión

En algunos estudios se ha observado que algunas personas son completamente resistentes a la infección o a la enfermedad, al menos de la cepa GI.1; esto debido a que existen personas con una mutación del gen de *FUT2* que ocasiona que las células no expresen los HBGA necesarios para la unión del virus a la célula (Carlson et al., 2024). Por último, no hay evidencia de protección entre genogrupos y existe inmunidad cruzada limitada entre genotipos del mismo genogrupo. Se cree que anticuerpos anti-HBGA están asociados con la protección contra la enfermedad por norovirus y la respuesta a una posible vacuna, pero aún no está definido el valor de corte para el título de anticuerpos correlacionado con la protección (Atmar et al., 2011). La pérdida de inmunidad puede ser el resultado de la disminución o senescencia de la memoria inmune celular y humoral, y/o del escape inmunológico de genotipos y variantes emergentes (Atmar et al., 2011).

**Epidemiología molecular de los norovirus.** Los genogrupos GI, GII, GIII, GIV, GV, GVI, GVII, GVIII, GIX y GX contienen principalmente virus humanos asociados con gastroenteritis (Chhandra et al, 2019; Hassan et al., 2019; Kendra et al., 2022). La mayoría de las infecciones en humanos son causadas principalmente por norovirus del genogrupo GI; el cual, a su vez, se puede subdividir en 9 genotipos, y por los norovirus del genogrupo GII, el cual se puede subdividir en 27 genotipos (Fang et al., 2022). El genotipo más prevalente en humanos es el norovirus GII.4 y es el responsable de aproximadamente el 60% de los brotes de norovirus (Kundu et al., 2013). Entre los genotipos GI, el GI.3 ha sido el más común en los últimos años. Las proporciones exactas de enfermedad debida a cualquiera de estos genotipos varían de año en año, pero casi siempre son menores que la proporción atribuida a GII.4 (Carlson et al., 2024).

Durante las últimas dos décadas, han surgido nuevas variantes del genogrupo GII.4, aproximadamente cada 2 o 3 años, lo que ha dado lugar a seis epidemias mundiales, incluidas la de Estados Unidos en 1995 y 1996, otra en el 2002 con el virus Farmington Hills, en el 2004 con el virus Hunter, el virus de Den Haag 2006b en el año 2007, el virus de Nueva Orleans en el 2009 y la cepa GII.4 Sydney 2012 (Lim, et al., 2016). Recientemente surgieron diferentes genotipos (GII.17 y GII.2) en China, Japón y Corea del Sur que han ido reemplazando a la cepa GII.4 (Fang et al., 2022).

## Prevención y control de la diarrea aguda por norovirus

Desde el 2016, la Organización Mundial de la Salud (OMS) reconoció el desarrollo de una vacuna contra el norovirus como de alta prioridad; sin embargo, el desarrollo de una vacuna eficaz contra el norovirus ha sido difícil y se ha visto afectada por algunos factores como: 1) diversidad

## Revisión

y genética ya que tienen una alta tasa de evolución ; 2) los norovirus no crecen eficazmente en células en cultivo, lo que hace inviables los enfoques convencionales de vacunas vivas atenuadas o inactivadas. En consecuencia, la estrategia de vacuna basada en proteínas recombinantes y no replicantes, que utiliza principalmente partículas similares a virus (VLP), se convierte en una opción; 3) la falta de disponibilidad de un ensayo de neutralización estándar basado en cultivos celulares, 4) un modelo animal eficiente y; 5) evidencia inmunológica confiable de la inmunidad protectora del norovirus para evaluar las vacunas candidatas, añaden obstáculos adicionales al desarrollo de la vacuna. No obstante, al día de hoy se han desarrollado 4 vacunas candidatas que han alcanzado la etapa de desarrollo clínico (Tan, 2021).

En ausencia de opciones terapéuticas actualmente, el control de los brotes de norovirus se basa en la implementación de políticas de prevención y control de infecciones, las cuales incluyen lavado de manos estricto, limpieza ambiental y al aislamiento de pacientes infectados, ya que un brote no controlado puede resultar en el cierre de camas, salas e instituciones, con la consiguiente pérdida de capacidad y un costo significativo (Kundu et al., 2013). Controlar la transmisión de brotes de norovirus y prevenir su resurgimiento es crucial, pero en la práctica diaria es difícil.

Para esto, la epidemiología molecular en las infecciones causadas por norovirus es crucial, ya que se requiere de la vigilancia genómica continua para monitorear los genotipos circulantes y la aparición de nuevas cepas, además de conocer cuáles variantes del norovirus se comportan como posiblemente endémicas y cuáles tienen potencial para causar brotes o epidemias, y esto sirve como base para el desarrollo de medidas de prevención y estrategias de control para la población (Fang et al., 2022). La vigilancia epidemiológica es y ha sido la base para detectar la ocurrencia de brotes epidémicos. El monitoreo de eventos inusuales permite la recolección, análisis e interpretación de la información, con el fin de actuar oportunamente sobre los problemas que suponen un riesgo para la salud de la población, así como evaluar el impacto de la intervención (Díaz et al., 2012).

Aunque se han publicado múltiples estudios sobre la epidemiología de los norovirus en América Latina, no se ha realizado una evaluación integral del papel de los norovirus en la región (O’Ryan et al., 2017). Se han descrito casos de norovirus por ingesta de agua y alimentos contaminados; sin embargo, probablemente exista una subestimación de las infecciones reales por norovirus transmitidas por agua y alimentos, debido a la ausencia de un sistema de vigilancia activo para identificar y notificar los brotes de norovirus en la mayoría de los países latinoamericanos (O’Ryan et al., 2017). Debido a esto, es que el diagnóstico molecular toma importancia, ya que la RT-PCR es considerada el estándar de oro para la detección y tipificación de norovirus (Robilotti et al., 2015), y actualmente es el método diagnóstico más utilizado para obtener mayor sensibilidad, rapidez, y además, en algunos casos, permite la cuantificación viral (Glass et al., 2009).



El genotipado de los norovirus actualmente se basa en la secuenciación y las relaciones filogenéticas de las secuencias completas o parciales del gen codificante de la proteína de la cápside. Los genogrupos GI, GII, y GIV se han descrito en América Latina, por lo que existe una amplia variedad de genotipos que circulan y demuestra una alta diversidad viral en esta región geográfica (da Silva Poló et al., 2016). La cepa GII.4 es la cepa que más se ha detectado en todo el mundo y América Latina no es la excepción (Ferreira et al., 2010; Díaz et al., 2012). El genotipo GII.3 también se ha descrito frecuentemente en la región, tanto en pacientes sintomáticos como asintomáticos (da Silva Poló et al., 2016); GII.6, GII.14, GII.7 y GII.8 también se han descrito en la región (Ferreira et al., 2010). De igual forma, se ha descrito la cepa GII.17 en varias regiones de América Latina, pero aún no se han detectado brotes relacionados a esta cepa, la cual se considera una cepa emergente en América Latina (da Silva Poló et al., 2016). Aunque las cepas GI del norovirus se detectan con menor frecuencia, también presentan una amplia diversidad genética en América Latina, con la detección de GI.1-5, GI.7-8, GI.11 y GI.14 (Ferreira et al., 2010; Aragão et al., 2010).

Es importante mencionar que existe la co-circulación de los diferentes genotipos en América Latina (Ferreira et al., 2010), y además, una consecuencia de la amplia diversidad genética de los genotipos circulantes es la posibilidad de coinfecciones que pueden resultar en eventos de recombinación (da Silva Poló et al., 2016). Ya en América Latina se han reportado diferentes cepas recombinantes como por ejemplo GII.P7/GII.6 (Fajardo et al., 2014); GII.P7/GII.20 (Fumian et al., 2012); GII.P2/GII.3 y GI.P2/GI.6 (Victoria et al., 2007) y GII.P4/GII.1 (Vidal et al., 2006).

## Conclusiones

Los norovirus son una importante causa de gastroenteritis agudas en todos los grupos de edad, pero primordialmente importante en población pediátrica y personas inmunosupresas. La vigilancia genómica por medio de la epidemiología molecular es clave para el monitoreo de los genotipos y variantes que circulan en una población, y a partir de estos datos, generar información eficaz para el control de las infecciones y mejorar las acciones que minimicen el impacto social y económico de las infecciones por los norovirus. Por lo tanto, se hace necesario la realización de un trabajo que aporte evidencia epidemiológica no sólo para tener cuantificada la incidencia sino también lo suficiente para tomar medidas necesarias como país para evitar daños económicos y sociales ocasionados por infecciones por los norovirus. A pesar de esto, se podría demostrar que el comportamiento de los norovirus sea similar al reportado en la literatura para otros países de la región, ya que en diversos estudios realizados en América Latina, principalmente en México, Colombia, Nicaragua, Argentina, Brasil, Venezuela, Perú y Chile, se ha descrito que GI causa hasta el 25% de los casos de gastroenteritis aguda y GII causa entre el 75 y el 100 % de los casos descritos (O’Ryan et al., 2017).

## BIBLIOGRAFÍA

- Amat, E. (2009). Contribución al conocimiento de las Chrysomyinae y Toxotarsinae (Diptera: Calliphoridae) de Colombia. *Revista mexicana de biodiversidad*, 80(3), 693-708. [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1870-34532009000300012&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-34532009000300012&lng=es&tlng=es).
- Amendt, J.; Campobasso, C.P.; Gaudry, E.; Reiter, C.; LeBlanc, H.N.; Hall, M.J. (2007). European Association for Forensic Entomology. Best practice in forensic entomology-standards and guidelines. *International Journal of Legal Medicine*, 121(2):90-104. doi: 10.1007/s00414-006-0086-x.
- Akhoundi, M.; Ranorohasimanana N.M.; Brun, S.; Kauffmann-Lacroix, C.; Izri, A. (2022). *Clogmia albipunctata* (Nematocera: Psychodidae) as the etiologic agent of myiasis: True or false? *Diagnostics*. 12(9): 2129. <https://doi.org/10.3390/diagnostics12092129>.
- Batista-da-Silva, J.A.; Borja, G.E.; Queiroz, M.M. (2012). A severe case of cutaneous myiasis in São Gonçalo, Brazil, and a simple technique to extract New World screw-worm *Cochliomyia hominivorax* (Coquerel) (Diptera: Calliphoridae). *Neotropical Entomology*, 41(4):341-2. doi: 10.1007/s13744-012-0038-8.
- Baumgartner, D. L. (1993). Review of *Chrysomya rufifacies* (Diptera: Calliphoridae). *Journal of medical entomology*, 30(2), 338–352. <https://doi.org/10.1093/jmedent/30.2.338>
- Bambaradeniya, T.B.; Magni, P.A.; Dadour, I.R. (2023). A Summary of Concepts, Procedures and Techniques Used by Forensic Entomologists and Proxies. *Insects*, 14(6):536. doi: 10.3390/insects14060536.
- Brown, B.V.; Borkent, A.; Cumming, J.M.; Wood, D.M.; Woodley, N. E.; Zumbado, M. A. (2010). *Manual of Central American Diptera*. Volume 2. 728 pp. NRC Research Press, Ottawa, Ontario, Canada. Proceedings of the Entomological Society of Washington.
- Buenaventura, E; Pape, T. (2017). Multilocus and multiregional phylogeny reconstruction of the genus *Sarcophaga* (Diptera, Sarcophagidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 107: 619-629. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2016.12.028>.
- Byrd, J.H., Tomberlin, J.K. (2020). *Forensic Entomology: The Utility of Arthropods in Legal Investigations*. 3ra ed.; CRC Press: Boca Raton, Florida, Estados Unidos; ISBN 978-0-8153-5020-0.
- Calderón-Arguedas, O.; Murillo Barrantes, J.; Solano, M.E. (2005). Miasis entérica por *Hermetia illucens* (Diptera: Stratiomyidae) en una paciente geriátrica de Costa Rica. *Parasitología Latinoamericana*, 60(3-4): 162-164. <https://dx.doi.org/10.4067/S0717-77122005000200010>
- Calderón-Arguedas, O.; Luna, S.; Miranda, G.; Troyo, A. (2014). *Blaesoxipha plinthopyga* (Diptera: Sarcophagidae) como responsable de miasis nosocomiales en Costa Rica. *Acta médica costarricense*. 56(1): 31-34.
- Catts, E.P. (1982). Biology of New World bot flies: Cuterebridae. *Annual Review of Entomology*. 27:313–318.
- Céspedes, F. R.; Arguedas, S. J.; Guillen, S. G.; Hevia Urrutia, G. (1962). Dermatobiasis mortal. *Acta Médica Costarricense* 5(3):175-181.
- Cielecka, D.; Salamatin, R.; & Garbacewicz, A. (2009). Zastosowanie płynu Hoyera do diagnostyki i badań morfologicznych niektórych pasożytów [Usage of the Hoyer's medium for diagnostics and morphological studies of some parasites]. *Wiadomości parazytologiczne*, 55(3), 265–270.
- Eldridge, B.F. & Edman, J.D. (2012). *Medical Entomology: A Textbook on Public Health and Veterinary Problems Caused by Arthropods*. Springer Science & Business Media, Berlin.
- Erzincliglu, Y. Z. (1987). The larvae of some blowflies of medical and veterinary importance. *Medical and veterinary entomology*, 1(2), 121–125. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.1987.tb00332.x>
- Failoc-Rojas, V.E.; Molina-Ayasta, C.; Salazar-Zuloeta, J.; Samamé, A.; Silva-Díaz, H. (2018). Case Report: Myiasis due to *Cochliomyia hominivorax* and *Dermatobia hominis*: Clinical and Pathological Differences between Two Species in Northern Peru. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 98(1):150-153. doi: 10.4269/ajtmh.16-0437.
- Firoozfar, F.; Moosa-Kazemi, H.; Baniardalani, M.; Abolhassani, M.; Khoobdel, M. & Rafinejd, J. (2011). Mass rearing of *Lucilia sericata* Meigen (Diptera: Calliphoridae). *Asian Pacific journal of tropical biomedicine*, 1(1), 54–56. [https://doi.org/10.1016/S2221-1691\(11\)60068-3](https://doi.org/10.1016/S2221-1691(11)60068-3)
- Forero-Becerra, E.; Cortés-Vecino, J.; Villamil-Jiménez, L. (2008). Problemática del gusano barrenador del ganado, *Cochliomyia hominivorax* (Coquerel, 1858) en Colombia. *Revista MVZ Córdoba*, ISSN 1909-0544, Vol. 13, Nº. 2, 2008, pags. 1400-1414. 13.
- Francesconi, F. & Lupi, O. (2012). Myiasis. *Clinical microbiology reviews*. 25(1), 79–105. <https://doi.org/10.1128/CMR.00010-11>
- Flórez, E. & Wolff, M. (2009). Descripción y clave de los estadios inmaduros de las principales especies de Calliphoridae (Diptera) de importancia forense en Colombia. *Neotropical Entomology*, 38(3), 418-429. <https://doi.org/10.1590/s1519-566x2009000300019>

- Geden, C.; Nayduch, D.; Scott, J.; Burgess, E.; Gerry, A.; Kaufman, P.; Thomson, J.; Pickens, V.; Machtinger, E. (2021). House Fly (Diptera: Muscidae): Biology, Pest Status, Current Management Prospects, and Research Needs. *Journal of Integrated Pest Management*. 12. [10.1093/jipm/pmaa021](https://doi.org/10.1093/jipm/pmaa021).
- Gobbi, F.A. (2012). Biología reproductiva y caracterización morfológica de los estadios larvarios de *Hermetia illucens* (L., 1758) (Diptera: Stratiomyidae). Bases para su producción masiva en Europa. Tesis doctoral. Universidad de Alicante.
- James, M.T. (1947). The flies that cause myiasis in man. U.S. Department of Agriculture, Miscellaneous Publication 631. Washington, DC: U.S. Government Printing Office.
- James, M.T. (1960). The soldier flies or Stratiomyidae of California. *Bulletin of the California Insect Survey*, 6, 79e122.
- James, M.T.; Harwood, R.F.; (1969). The house fly and its relatives, in: *Herm's Medical Entomology*. McMillan Company, London, pp. 249–265.
- Jirón, L.F.; Zeledón, R. (1979). El género *Anastrepha* (Diptera; Tephritidae) en las principales frutas de Costa Rica y su relación con pseudomiasis humana. *Revista De Biología Tropical*, 27(1), 155–161. <https://revistas.ucr.ac.cr/index.php/rbt/article/view/25705>
- Kenney, M. (1945). Experimental intestinal myiasis in man. *Proceedings of the Society for Experimental Biology and Medicine* 60: 235–237.
- Laake E.W., Cushing E.C. & Parish H.E. (1936). Biology of the Primary Screw Worm Fly, *Cochliomyia americana*, and a Comparison of its Stages with those of *C. macellaria*. United States Department of Agriculture, Technical Bulletin No. 500, USA, 24 pp.
- López, R. & Rodríguez, L.M. (1997). *Cochliomyia hominivorax*: Criterios para su identificación. Programa para la erradicación del gusano barrenador del ganado, República de Costa Rica - Estados Unidos de América, Centro de Identificación Nacional.
- López, G.; Romero, I.; Parra-Henao, G. (2017). Miasis gástrica e intestinal por *Ornidia obesa* (Diptera: Syrphidae) en humanos. Primer reporte en Colombia. *Revista MVZ Córdoba*. 22. 5755. [10.21897/rmvz.935](https://doi.org/10.21897/rmvz.935).
- Morales, M.T. (1971). Las miasis en nuestro niños. Estudio de 35 casos. *Revista Médica del Hospital Nacional de Niños Dr. Carlos Sáenz Herrera* 6(2): 95-102.
- Mullen, G.; Durden, L. (2019). *Medical and Veterinary Entomology*. 3ed. Academic Press.
- Pérez-Bañón, C.; Rojas, C.; Vargas, M.; Mengual, X.; Rojo, S. (2020). A world review of reported myiasis caused by flower flies (Diptera: Syrphidae), including the first case of human myiasis from *Palpada scutellaris* (Fabricius, 1805). *Parasitology Research*, 119(3): 815–840. <https://doi.org/10.1007/s00436-020-06616-4>
- Prado, A. M.; Savino, A. G. & Thyssen, P. J. (2023). Interactive Key for Third Instar Larvae of Neotropical Blow Flies (Insecta, Diptera, Calliphoridae): the Contribution of Computational Tools to Assist in Species Identification. *Neotropical entomology*, 52(3), 373–379. <https://doi.org/10.1007/s13744-022-00985-4>
- Sánchez-Sánchez, R.; Calderón-Arguedas, O.; Mora-Brenes, N.; Troyo, A. (2014). Miasis nosocomiales en América Latina y el Caribe: ¿una realidad ignorada? *Revista Panamericana de Salud Pública* 36(3), 201–205.
- Sancho, E. (1988). *Dermatobia*, the Neotropical warble fly. *Parasitology Today* 4: 242–246.
- Sandoval-Arias, S.; Morales-Montero, R.; Araya-Valverde, E.; Hernández-Carvajal, E. (2020). DNA barcoding of *Lucilia* blow flies (Diptera: Calliphoridae) collected in Costa Rica. *Revista Tecnología en Marcha*, 33(1), 99-110. <https://dx.doi.org/10.18845/tm.v33i1.5025>
- Spradbery J.P. (1994). Screw-worm fly: a tale of two species. *Agricultural Zoology Reviews*, 6, 1–62.
- SENASA (Servicio Nacional de Salud Animal), 2024. Boletín Epidemiológico Extraordinario Gusano Barrenador. Ministerio de Agricultura y Ganadería, Gobierno de Costa Rica. Disponible en: <https://www.senasa.go.cr/informacion/centro-de-informacion/informacion/estado-sanitario/boletines-epidemiologicosextraordinarios> Ac cesado el 14 de junio de 2024.
- Service, M. (2012). *Medical Entomology for Students*. 5ta ed. Cambridge: Cambridge University Press.
- Solano, N.; Castrillo, A.; Parra, E.; Medina, C. (2020). A Huge Orofacial Myiasis, the Importance of Ideal Management: A Case Report. *International Journal of Scientific Research in Dental and Medical Sciences*, 2 (1). pp. 17-19.
- Sherman, R. A., & My-Tien Tran, J. M. (1995). A simple, sterile food source for rearing the larvae of *Lucilia sericata* (Diptera: Calliphoridae). *Medical and veterinary entomology*, 9(4), 393–398. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.1995.tb00011.x>
- Smith, S.M. (2015). Treating infestations of the human botfly, *Dermatobia hominis*. *The Lancet Infectious Diseases*, 15(5):512. doi: [10.1016/S1473-3099\(15\)70146-5](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(15)70146-5).

Vargas, J. (1999). Distribución y morfología de adultos e inmaduros de moscas califóridas (Diptera: Calliphoridae) de importancia forense en Costa Rica. Proyecto de Tesis para optar por el grado de Licenciado en Biología con énfasis en Zoología. Universidad de Costa Rica, Facultad de Ciencias Biológicas, Escuela de Biología. 105 p.

Velásquez, Y.; Magaña, C.; Martínez-Sánchez, A. & Rojo, S. (2010). Diptera of forensic importance in the Iberian Peninsula: larval identification key. *Medical and veterinary entomology*, 24(3), 293–308. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2010.00879.x>

Venegas-Montero, D. P.; Alfaro-Vellanero, M. J.; Rojas-Araya, D.; Calderón-Arguedas, Ó.; Vargas-Castro, C. M.; Baldioceda-Villarreal, A.; Chaves-González, L. E.; Camacho-Leandro, J. & Troyo, A. (2024). Case Report: Re-Emergence of *Cochliomyia hominivorax* in Costa Rica: Report of a Human Myiasis Case 23 Years after Elimination. *The American journal of tropical medicine and hygiene*, 111(5), 1020–1023. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.24-0342>

Villalobos, G.; Vega-Memije, M.E.; Maravilla, P.; Martínez-Hernández, F. (2016). Myiasis caused by *Dermatobia hominis*: Countries with increased risk for travelers going to neotropical areas. *International Journal of Dermatology*. 55. [10.1111/ijd.13302](https://doi.org/10.1111/ijd.13302).

Wyss, J.H. (2001). Screwworm eradication in the Americas. Proceedings of the 19th Conference of the OIE Regional Commission for Europe, Jerusalem (Israel), 19–22 September 2000, Office International des Epizooties, Paris, France, 239–244.

Zeledón, R. (1957). Algunas observaciones sobre la biología de *Dermatobia hominis* (L. Jr.) y el problema del tórsalo en Costa Rica. *Revista De Biología Tropical*. 5(1), 63–75. <https://doi.org/10.15517/rev.biol.trop.1957.28929>

Zumpt, F. (1963). The problem of intestinal myiasis in humans. *South African Medical Journal*. 37: 305-307.

Zumpt, F. (1965). *Myiasis in man and animals in the old world: A textbook for physicians, veterinarians and zoologists*. Butterworth, London. 267 p.