

Resumen

La familia Tabanidae es un grupo que genera un impacto negativo para la economía del sector ganadero, ya que producen una baja en la producción de carne y leche a través de daños tanto directos como indirectos. Los tábanos son capaces de transmitir varias enfermedades, entre ellas, la tripanosomosis, ocasionada por los protozoarios del género *Trypanosoma* spp. Por esta razón, la presente investigación se centra en la evaluación molecular del tábano, mediante la secuenciación del gen COI y en la prevalencia de *Trypanosoma vivax* en el muestreo. Para este fin, se realizaron recolecciones de moscas en las provincias de Manabí y Napo con previos reportes de hemotrópicos. Posteriormente se realizó la prueba de PCR a las muestras obtenidas para la amplificación del gen COI para fines de caracterización molecular. Las secuencias obtenidas fueron evaluadas con la ayuda de BLAST para analizar la similitud con otras especies de tábanos. La detección de *T. vivax* en las moscas se realizó por TviCatL-PCR. De igual manera se elaboró un análisis filogenético con el software MEGAX. Mediante la PCR para la amplificación del gen COI, se obtuvieron secuencias ~700 pb, mismas que obtuvieron porcentajes de identidad que oscilaron entre el 82,87% y 92,24% con otras especies ya reportadas. Los organismos con los que tuvieron mayor homología fueron: *Tabanus admelanopygus* y *Poeciloderas quadrapunctatus* para las muestras de Napo y Manabí respectivamente. El análisis filogenético arrojó que las secuencias se encontraron relacionadas con especies de América y África y esta es la primera vez que en Ecuador se realiza la caracterización molecular de esta especie. En el caso de la TviCatL-PCR arrojó una prevalencia de *T. vivax* del 28,57% en las muestras analizadas. La presencia de estas moscas hematófagas en zonas con prevalencia de hemotrópicos, es una gran evidencia de que estas juegan un rol principal en la diseminación de las enfermedades parasitológicas.

- Palabras clave:
 - **TRYPANOSOMA VIVAX**
 - **COI**
 - **TÁBANO**
 - **VÉCTORES**

Abstract

The Tabanidae family is a group that generates a negative impact for the economy of the livestock sector, since they produce a decrease in the production of meat and milk through both direct and indirect damages. Horseflies are capable of transmitting various diseases, including trypanosomiasis, caused by protozoa of the genus *Trypanosoma* spp. For this reason, this research focuses on the molecular evaluation of horsefly, by sequencing the COI gene and on the prevalence of *Trypanosoma vivax* in sampling. For this purpose, fly collections were carried out in the provinces of Manabí and Napo with previous reports of hemotronics. The PCR test was then performed on samples obtained for the amplification of the COI gene for characterization purposes. The sequences obtained were evaluated through BLAST to analyze the similarity with other species of horseflies. The detection of *T. vivax* in flies was performed by TviCatL-PCR. Similarly, a phylogenetic analysis was performed with the MEGA-X software. Using the PCR for the amplification of the COI gene, ~700 bp sequences were obtained, which showed identity percentages ranging from 82.87% to 92.24% with other species already reported. The organisms with which they had greater homology were: *Tabanus admelanopygus* and *Poeciloderas quadrapunctatus* for the samples of Napo and Manabí respectively. The phylogenetic analysis showed that the sequences were found related to species from America and Africa and this is the first time that the molecular characterization of this species is performed in Ecuador. In the case of TviCatL-PCR, the prevalence of *T. vivax* was 28.57% in the samples analyzed. The presence of these hematophagous flies in areas with prevalence of hemotronics is great evidence that these play a major role in the dissemination of parasitological diseases.

- Key words:

- **TRYPANOSOMA VIVAX**
- **COI**
- **HORSEFLY**
- **VECTORS**