

## RESUMEN

La Tripanosomosis es una enfermedad que tiene un impacto negativo en la producción ganadera, debido a los síntomas que esta produce como anemia, fiebre, pérdida progresiva de peso, disminución de la producción de leche, infertilidad, abortos, trastornos de locomoción. Estudios anteriores han evidenciado a la enfermedad en la costa del Ecuador, por lo que en el presente trabajo se realizó la caracterización molecular del hemoparásito y a su vez se decidió realizar el análisis filogenéticos con el gen de la subunidad pequeña de ARN ribosomal (SSU rRNA), debido a que este codifica las subunidades de ARN (18S, 5.8S y 28S) separados por un espaciador de transcripción interna (ITS 3 e ITS 4), siendo estos conservados en todos los tripanosomas. Para el presente estudio, se tomaron 17 muestras de 216 analizadas mediante ELISA, las cuales fueron positivas a Woo (2/216) y a ELISA, las muestras fueron obtenidas del Camal Metropolitano de Quito. De estas se obtuvo 8 muestras positivas mediante Nested PCR de las cuales 6 muestras fueron compatibles con *T. theileri* con bandas de 800 a 900pb y 2 muestras amplificaron dos bandas cada una de 1000pb y 800bp compatibles con *T. evansi* y *T. theileri* respectivamente. Además mediante secuenciación y análisis por BLAST se evidencia la presencia de *T. theileri* en 5 muestras y con un 91% de identidad la presencia de *T. godfreyi* en una muestra El análisis filogenético evidenció la presencia de distintos grupos de cepas del protozooario circulantes en Ecuador siendo que la región ITS para *T. theileri* es polimórfico por lo que se sugiere que existe evolución de la especie. Los resultados indican que al ser el primer reporte de *T. theileri* en Ecuador, contribuye a la comprensión de que en el país existe esta especie, lo cual ayudara a implementar estrategias de diagnóstico y control en la zona de estudio permitiendo disminuir la transmisión del parásito a bovinos sanos, protegiendo a la industria ganadera del país.

**Palabras clave:** TRIPANOSOMOSIS, SSU RRNA

## **ABSTRACT**

Trypanosomosis is a disease that has a negative impact on livestock production, due to the symptoms it produces such as anemia, fever, progressive weight loss, decreased milk production, infertility, abortion, locomotion disorders. Previous studies have evidenced the disease in the coast of Ecuador, so in the present work the molecular characterization of the hemoparasite was performed and in turn it was decided to carry out the phylogenetic analysis with the small subunit gene of ribosomal RNA (SSU rRNA), because it encodes the RNA subunits (18S, 5.8S and 28S) separated by an internal transcription spacer (ITS 3 and ITS 4), which are conserved in all trypanosomes. For the present study, 17 samples of 216 analyzed by ELISA, which were positive to Woo (2/216) and ELISA, were taken from the Camal Metropolitano de Quito.

8 positive samples were obtained by Nested PCR of which 6 samples were compatible with *T. theileri* with bands of 800 to 900 bp and 2 samples amplified two bands each of 1000bp and 800bp compatible with *T. evansi* and *T. theileri* respectively.

In addition, the presence of *T. theileri* in 5 samples and the presence of *T. godfreyi* in a sample with 91% identity were evidenced by BLAST sequencing and analysis

The phylogenetic analysis evidenced the presence of different groups of protozoan strains circulating in Ecuador. The results indicate that being the first report of *T. theileri* in Ecuador, contributes to the understanding that in the country exists this species, which will help to implement strategies of diagnosis and control in the study area allowing to reduce the transmission of the parasite to healthy cattle, protecting the cattle industry of the country.

**KEY WORDS: TRYPANOSOMOSIS, SSU RRNA**