

## RESUMEN

La tripanosomosis animal es una enfermedad hemoparasitaria de alto impacto económico y representa un obstáculo para la producción ganadera debido a las pérdidas producidas por la clínica presentada, incluso, si los animales no son tratados adecuadamente pueden morir durante la etapa aguda de la enfermedad. En el Ecuador se ha evidenciado brotes de esta enfermedad, por lo que en este proyecto se planteó caracterizar el agente causal mediante técnicas moleculares altamente sensibles y específicas. Para lograr este objetivo, se recolectaron un total de 21 muestras de sangre periférica de bovinos con síntomas compatibles con tripanosomosis bovina, del cantón Chone. Estas muestras fueron analizadas mediante ITS-PCR capaz de discriminar las especies de tripanosoma según el tamaño de fragmento amplificado y TviCatL-PCR que amplifica una región exclusiva del ADN genómico de *T. vivax*. El diagnóstico se confirmó a través de secuenciación y análisis de similitud y homología mediante la herramienta BLAST, obteniendo 3 muestras con un 100% de homología con *T. vivax* y 1 muestra con un 91 % de similitud a *T. godfreyi*. Con las secuencias obtenidas en este estudio y aquellas disponibles en Genbank, se establecieron relaciones filogenéticas, que sugieren una estrecha relación de los aislados ecuatorianos de *T. vivax* con los de Sudamérica y África occidental. Por último, esta investigación reporta por primera vez la presencia de *Trypanosoma vivax* en el Ecuador y se asocia con un brote de tripanosomosis bovina, lo que representa un nuevo enfoque en el estudio de este tripanosomatidio en el territorio nacional.

### Palabras claves:

- *Trypanosoma vivax*
- PCR
- ITS
- Catepsina L

## ABSTRACT

Animal trypanosomosis is a hemoparasitic disease with a high economic impact and represents an obstacle to livestock production worldwide, due to the losses it produces by the clinical presentation. Animals can even death during the acute stage of the parasitosis, if the disease is not treated properly. In Ecuador, an outbreak of trypanosomosis has been observed, so the aim of this project was characterized the causal agent using highly sensitive and specific molecular techniques. To achieve this objective, a total of 21 samples of peripheral blood from cattle with compatible symptoms of bovine trypanosomosis from Chone canton were collected. Samples were analyzed by ITS-PCR capable to discriminate trypanosome species according to the size of the amplified fragment and TviCatL-PCR that amplifies a region exclusive of *T. vivax* genomic DNA. The diagnosis was confirmed through sequencing and analysis of similarity and homology using BLAST tool, obtaining as a result 3 samples with 100% homology with *T. vivax* and 1 sample with 91% similarity to *T. godfreyi*. Phylogenetic relationships were established by the maximum likelihood method, using the obtained sequences, that suggest a close relationship of the Ecuadorian isolates of *T. vivax* with those of South America and West Africa. Finally, this research reports for the first time the presence of *Trypanosoma vivax* in Ecuador and it's associated with an outbreak of bovine trypanosomosis; therefore, it represents a new approach in the study of this trypanosomatid at national level.

### Key words:

- *Trypanosoma vivax*
- PCR
- ITS
- Cathepsin L