

Resumen

La babesiosis bovina es una enfermedad causada por parásitos del género *Babesia* y transmitida por garrapatas, se caracteriza por la lisis eritrocitaria que causa un gran impacto económico y social en la industria ganadera debido a la disminución de la producción de carne y leche, la muerte del animal, incremento de aborto y esterilidad, y costos de prevención y tratamiento. Esta enfermedad está causada principalmente por *Babesia bovis* y *Babesia bigemina* en las regiones tropicales y subtropicales del mundo, sin embargo, en el año 2020 se realizó un muestreo en una finca ubicada en la estribación del volcán Ilaló a una altitud de 2469 m.s.n.m. debido a una sospecha de babesiosis bovina, para lo cual se realizó un análisis molecular de las muestras de sangre bovina y garrapatas (identificadas morfológicamente y molecularmente como *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*) ejecutando la técnica PCR-RFLP. En sangre bovina se determinó *Babesia* spp. en 18.88 % (27/143) por PCR convencional del gen 18S rRNA y con las enzimas de restricción HpaII y AluI, se identificó dos especies, *B. bovis* (13.29%) y *B. bigemina* (5.59 %), respectivamente. Finalmente, se secuenció las muestras positivas a *Babesia* spp. y se construyó un árbol filogenético con el método de máxima verosimilitud en el que se determinó que *B. bigemina* el sector del volcán Ilaló se encontraba más emparentada con varios aislados de América y *B. bovis* con aislados de Brasil. Este estudio permitió identificar la presencia de *Babesia* spp. en la zona del Volcán Ilaló en la Sierra ecuatoriana y analizar su parentesco filogenético con secuencias de aislados de América y otros continentes.

Palabras clave:

- **BABESIOSIS BOVINA**
- **PCR-RFLP**
- **FILOGENIA**
- **VOLCÁN ILALÓ**

Abstract

Bovine babesiosis is a tick-borne disease caused by parasites of the genus *Babesia*, characterized by erythrocyte lysis that causes a great economic and social impact on the cattle industry due to animal death, increased abortion and sterility rates, decreased meat and milk production, and prevention and treatment costs. This disease is mainly caused by *Babesia bovis* and *Babesia bigemina* in tropical and subtropical regions around the world, however, in 2020 a sampling was performed in the farm located in the foothills of the Ilaló volcano at an altitude of 2469 m.a.s.l. due to a suspicion of bovine babesiosis, for this purpose, a molecular analysis of bovine blood samples and ticks (morphologically and molecularly identified as *Rhipicephalus (Boophilus) microplus*) was performed using the PCR-RFLP technique. In bovine blood, *Babesia* spp. were determined in 18.88 % (27/143) by conventional PCR of the 18S rRNA gene and with the restriction enzymes HpaII and AluI, two species were identified, *B. bovis* (13.29%) and *B. bigemina* (5.59 %), respectively. Finally, *Babesia* spp. positive samples were sequenced and a phylogenetic tree was constructed using the maximum likelihood method in which it was determined that *B. bigemina* in the Ilaló volcano sector was more closely related to several isolates from America and *B. bovis* to isolates from Brazil. This study made it possible to identify the presence of *Babesia* spp. in the area of the Ilaló Volcano in the Ecuadorian Sierra and to analyze its phylogenetic similarity with sequences of isolates from America and other continents.

Key words:

- **BOVINE BABESIOSIS**
- **RFLP-PCR**
- **PHYLOGENY**
- **ILALÓ VOLCANO**