

Resumen

La anaplasmosis bovina es una enfermedad causada por el hemotrópico *A. marginale*, bacteria perteneciente al orden de las Rickettsias, que afecta las ganaderías de gran parte del mundo, principalmente en las zonas tropicales y subtropicales. Esta bacteria causa una enfermedad infecciosa no contagiosa por lo que sus fuentes de transmisión son las garrapatas, dípteros hematófagos, fomites contaminados y por transmisión transplacentaria. Los animales menores a 6 meses de edad no presentan un cuadro clínico de la enfermedad, mientras que con el aumento de la edad el riesgo de un cuadro clínico y la muerte aumenta. Los adultos que superan la fase aguda de la enfermedad sirven como reservorios de la bacteria, ya que, aunque no presentan síntomas el microorganismo se mantiene mediante rickettsemias cíclicas. *A.*

marginale presenta 5 principales proteínas en su superficie llamadas MSP1 α , MSP1 β , MSP2, MSP3, MSP4 y MSP5, son de gran utilidad en el análisis filogenético MSP1 y MSP4, y en el diagnóstico de la enfermedad con MSP5. En este estudio se analizaron por la técnica de PCR y usando la MSP5 como diana, 193 muestras provenientes de 7 fincas del cantón Chone, Manabí. En este trabajo se encontraron 157 caso positivos, correspondiente al 81,77%. Se pudo evidenciar el caso de un becerro con clínica de *A. marginale*, por lo que, al ser un caso singular, el estudio de la cepa cobra relevancia. Es por ello, se amplificó por PCR los genes de las proteínas *msp1 α* y *msp4*, de las muestras 499, 543, 545 y 573, distribuidas en fincas distantes del muestreo y fueron secuenciadas para su caracterización molecular. Con estas secuencias se realizó el árbol filogenético y se estableció la diversidad genética de las cepas de *A. marginale* en el país. El estudio es de importancia debido a la endemidad de la bacteria en el país y su afectación al sector ganadero.

Palabras clave: *A. marginale*, rickettsemia cíclica, principales proteínas de superficie, diversidad génica

Abstract

Bovine anaplasmosis is a disease caused by the hemotropic *A. marginale*, a bacterium belonging to the order of Rickettsiae, which affects cattle in most of the world, mainly in tropical and subtropical areas. This bacterium causes a non-contagious infectious disease, and its sources of transmission are ticks, hematophagous diptera, contaminated fomites and transplacental transmission. Animals younger than 6 months of age do not present a clinical picture of the disease, while with increasing age the risk of a clinical picture and death increases. Adults that overcome the acute phase of the disease serve as reservoirs of the bacterium, since, although they do not present symptoms, the microorganism is maintained by cyclic rickettsemias. *A. marginale* presents 5 main proteins on its surface called MSP1 α , MSP1 β , MSP2, MSP3, MSP4 and MSP5, they are of great utility in the phylogenetic analysis MSP1 and MSP4, and in the diagnosis of the disease with MSP5. In this study, 193 samples from 7 farms in Chone canton, Manabí, were analyzed by PCR technique and using MSP5 as a target, 157 positive cases were found. In this work, 157 positive cases were found, corresponding to 81.77%. The case of a calf with clinical signs of *A. marginale* was evidenced, so being a singular case, the study of the strain is relevant. Thus, the genes of the msp1 α and msp4 proteins were amplified by PCR from samples 499, 543, 545 and 573, distributed in farms distant from the sampling and were sequenced for their molecular characterization. With these sequences, the phylogenetic tree was made and the genetic diversity of *A. marginale* strains in the country was established. The study is of importance due to the endemicity of the bacterium in the country and its affectation to the livestock sector.

Key words: *A. marginale*, cyclic rickettsemia, main surface proteins, gene diversity