Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Medicina Veterinaria
Escuela Profesional de Medicina Veterinaria

Frecuencia de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana de la ciudad de Iquitos en Loreto, Perú

TESIS

Para optar el Título Profesional de Médico Veterinaria

AUTOR

Adriana Joselyn ABARCA GARCIA

ASESOR

Mg. Luis Antonio GÓMEZ PUERTA

Lima, Perú

2026



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Abarca A. Frecuencia de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana de la ciudad de Iquitos en Loreto, Perú [Tesis de pregrado]. Lima: Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Medicina Veterinaria, Escuela Profesional de Medicina Veterinaria; 2026.

Metadatos complementarios

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Adriana Joselyn Abarca Garcia
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	70451167
URL de ORCID	https://orcid.org/0009-0002-9883-5585
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Luis Antonio Gómez Puerta
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	10810335
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-7909-979X
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	César Miguel Gavidia Chucán
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	09222190
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	María Teresa López Urbina
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	09145647
Miembro del jurado 2	
Nombres y apellidos	Olger Pedro Ramos Coaguila
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	29564601

Datos de investigación	
Línea de investigación	B.4.1.5. Microbiología y Parasitología Veterinaria
Grupo de investigación	Ateneo abocado a responder amenazas y oportunidades del sector pecuario – ATENEO
Agencia de financiamiento	Sin financiamiento
Ubicación geográfica de la investigación	País: Perú Departamento: Loreto Provincia: Maynas Distrito: Punchana Latitud: -3.725917 Longitud: -73.248833 Edificio: Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria, Facultad de Medicina Veterinaria, UNMSM País: Perú Departamento: Lima Provincia: Lima Distrito: San Borja Dirección: Av. Circunvalación 2800 Latitud: -12.0814566 Longitud: -76.9877077
Año o rango de años en que se realizó la investigación	2024 - 2026
URL de disciplinas OCDE	Ciencia veterinaria https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#4.03.01

Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú, Decana de América
Facultad de Medicina Veterinaria
Escuela Profesional de Medicina Veterinaria

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE MÉDICO VETERINARIA

En el **Auditorio de Anatomía** de la Facultad de Medicina Veterinaria, el día **miércoles 08 de abril de 2026**, a las **10:00 horas**, se constituyó el Jurado Examinador designado mediante **Resolución Directoral N° 000042-2026-EPMV-FMV/UNMSM** integrado por los siguientes docentes:

MV. PhD. César Miguel Gavidia Chucán	**Presidente del Jurado**
MV. Mg. Luis Antonio Gómez Puerta	**Asesor de la Tesis**
MV. Dra. María Teresa López Urbina	**Miembro del Jurado**
MVZ. Mg. Olger Pedro Ramos Coaguila	**Miembro del Jurado**

Luego de la instalación del Jurado, a cargo del presidente del Jurado y bajo la dirección del mismo, la Bachiller **ADRIANA JOSELYN ABARCA GARCIA,** para optar el Título Profesional de Médico Veterinaria, procedió a sustentar públicamente la Tesis:

"Frecuencia de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana de la ciudad de Iquitos en Loreto, Perú."

Luego de absolver las preguntas del Jurado y del público asistente, el Jurado deliberó con la abstención reglamentaria del Asesor de la Tesis y acordó su **APROBACIÓN** por **UNANIMIDAD**, otorgándole la nota de **Dieciocho (18).**

Habiéndose aprobado la sustentación pública de la Tesis, el presidente en representación del Jurado recomienda que la Escuela Profesional de Medicina Veterinaria proponga la aprobación del **TÍTULO PROFESIONAL DE MÉDICO VETERINARIA** a la Facultad de Medicina Veterinaria y que ésta proponga al Rectorado el otorgamiento respectivo.

Siendo las **11:00 horas**, concluyó el acto académico de sustentación pública de Tesis en fe de lo cual suscriben la presente acta por cuadruplicado los integrantes del Jurado:

UNMSM Firmado digitalmente por GAVIDIA CHUCAN Cesar Miguel FAU 20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 14.05.2026 18:54:09 -05:00

César Miguel Gavidia Chucán; MV. PhD.
Profesor Principal, Dedicación Exclusiva

Luis Antonio Gómez Puerta; MV. Mg.
Profesor Auxiliar, Tiempo Completo

María Teresa López Urbina; MV. Dra.
Profesora Principal, Dedicación Exclusiva

UNMSM Firmado digitalmente por RAMOS COAGUILA Olger Pedro FAU 20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 12.05.2026 10:11:56 -05:00

Olger Pedro Ramos Coaguila; MVZ. Mg.
Profesor Asociado, Dedicación Exclusiva

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
Universidad del Perú, Decana de América

Anexo 1

CERTIFICADO DE SIMILITUD

Yo, Luis Antonio Gómez Puerta en mi condición de asesor acreditado con el Resolución de la EP N° 0106- EPMV/FMV-2024 de la tesis, cuyo título es "Frecuencia de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana de la ciudad de Iquitos en Loreto, Perú", presentado por la bachiller Adriana Joselyn Abarca Garcia para optar el título profesional de **Médico Veterinaria** CERTIFICO que se ha cumplido con lo establecido en la Directiva de Originalidad y de Similitud de Trabajos Académicos, de Investigación y Producción Intelectual. Según la revisión, análisis y evaluación mediante la plataforma PIDS, el documento evaluado cuenta con el 10% de similitud, nivel PERMITIDO para continuar con los trámites correspondientes y para su **publicación en el repositorio institucional.**

Se emite el presente certificado en cumplimiento de lo establecido en las normas vigentes, como uno de los requisitos para la obtención del título profesional de MÉDICO VETERINARIA.

Lima, 5 de junio de 2026.

Firma del Asesor _____

Nombres y Apellidos del asesor: Luis Antonio Gomez Puerta

DNI: 10810335

La vigencia del presente certificado corresponde a un período de noventa (90) días desde la fecha de su emisión; siempre que no haya observaciones en el texto durante el proceso de revisión por el jurado informante o surja alguna contingencia.

DEDICATORIA

A mi abuelita Juanita, que en vida fue mi mayor apoyo, por siempre cuidarme, engreírme, cocinar tan rico y acompañarme a donde le pidiese.

A mi primera manada: Felipe, Leticia, Mateo y Amy. Por acompañarme durante mi niñez y adolescencia y enseñarme sobre el cuidado que necesitan los perros. Pero sobre todo a Mateo, mi "cabezón", por quedarse a mi lado cuando estudiaba de amanecida y por haber sido tan noble.

AGRADECIMIENTOS

A Dios, por permitirme culminar este trabajo.

Al doctor Luis Gómez, por ser un excelente asesor y resolver cualquier duda presentada durante la elaboración de esta tesis. Muchísimas gracias por su paciencia y por la dedicación puesta a la investigación.

A la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, cuyos exigentes docentes me motivaron con sus enseñanzas a ser cada día mejor.

A mi mamá, por apoyarme en todo lo necesario para acabar la carrera.

A mi papá y hermano, por consultar cómo iba el avance de la tesis y así motivarme a redactar.

A los trabajadores del camal municipal de Punchana, por su apoyo durante la recolección de las muestras.

A mis amigos y a las personas que me apoyaron de alguna forma con la realización de esta investigación, gracias por alentarme a seguir adelante.

Por último, a mi perro Lucas, Samin y Pipoco, animalitos que alegran mis días desde que llegaron a acompañarme en época de pandemia.

ÍNDICE DEL CONTENIDO

DEDICATORIA ii
AGRADECIMIENTOS iii
ÍNDICE DEL CONTENIDO iv
RESUMEN vi
ABSTRACT vii
LISTA DE CUADROS viii
LISTA DE FIGURAS ix
I. INTRODUCCIÓN 1
II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA 3
2.1. Babesiosis bovina 3
2.2. Morfología 3
2.3. Taxonomía y Etiología 6
2.4. Epidemiología 8
2.5. Vector y Distribución geográfica 10
2.6. Ciclo biológico 11
2.7. Patogenia 13
2.8. Signos clínicos 15
2.9. Prevalencia y Factores de riesgo 15
2.10. Coinfecciones con otros hemoparásitos 17
2.11. Métodos de diagnóstico 17
2.11.1. Examen microscópico 18
2.11.2. Pruebas serológicas 19
2.11.3. Pruebas moleculares 20
2.12. Tratamiento 21
2.13. Prevención y Control 22
III. MATERIALES Y MÉTODOS 24
3.1. Lugar de ejecución y período de duración 24
3.2. Tamaño de muestra 26
3.3. Metodología 26
3.4. Toma de muestra 27
3.5. Extracción de ADN 28
3.6. Amplificación del gen 18S ARNr 28

3.7. Electroforesis en agar gel 29
3.8. Secuenciación 29
3.9. Análisis de datos 30
3.10. Consideraciones éticas 30
IV. RESULTADOS 31
V. DISCUSIÓN 34
VI. CONCLUSIONES 39
VII. LITERATURA CITADA 40
VIII. ANEXOS 50

RESUMEN

La babesiosis bovina es una enfermedad causada por hemoparásitos del género *Babesia*, posee una distribución global que obedece la de sus garrapatas vectores y se caracteriza por un cuadro clínico que incluye fiebre, hemoglobinuria, anemia, pérdida de peso y ocasionalmente, la muerte. En Sudamérica la causan *Babesia bovis* y *Babesia bigemina* y su vector es *Rhipicephalus microplus*. Debido a las pérdidas económicas que genera y a la poca información epidemiológica en el departamento de Loreto, el objetivo del presente estudio fue determinar la frecuencia molecular de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana en Loreto, Perú. Para ello, se recolectaron muestras sanguíneas de 266 bovinos, las cuales fueron remitidas al Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos para ser procesadas. Se amplificó parcialmente el gen 18S ARNr mediante PCR convencional y las muestras que resultaron positivas fueron enviadas para secuenciamiento genético. Los hallazgos de este estudio incluyeron una prevalencia de *Babesia* spp. del 13.5% (36/266; $IC_{95\%}$ = 9.7-18.2%); un 10.5% de animales positivos a *Babesia bigemina* (28/266; $IC_{95\%}$ = 7.1-14.9%) y un 3.0% de animales positivos a *Babesia bovis* (8/266; $IC_{95\%}$ = 1.3-5.8%). No obstante, no se encontró asociación estadísticamente significativa entre el sexo de los animales y la presencia del parásito. Los datos epidemiológicos obtenidos aportan información para comprender mejor la dinámica de la enfermedad en el país, sin embargo, se requieren más estudios para conocer mejor la realidad de la babesiosis en ganado de la selva peruana.

Palabras clave: *Babesia*, babesiosis bovina, PCR, Loreto

ABSTRACT

Bovine babesiosis is a disease caused by hemoparasites of the genus *Babesia*. It has a global distribution that follows that of its tick vectors and is characterized by a clinical picture that includes fever, hemoglobinuria, anemia, weight loss, and occasionally, death. In South America, it is caused by *Babesia bovis* and *Babesia bigemina*, and its vector is *Rhipicephalus microplus*. Due to the economic losses it generates and the limited epidemiological information in the Loreto region, the objective of this study was to determine the molecular frequency of *Babesia* spp. in cattle slaughtered at the Punchana municipal slaughterhouse in Loreto, Peru. Blood samples were collected from 266 cattle and sent to the Veterinary Epidemiology and Economics Laboratory of the Faculty of Veterinary Medicine at the National University of San Marcos for processing. The 18S rRNA gene was partially amplified using conventional PCR, and positive samples were sent for genetic sequencing. The findings of this study included a *Babesia* spp. prevalence of 13.5% (36/266; $CI_{95\%}$ = 9.7–18.2%); 10.5% of animals positive for *Babesia bigemina* (28/266; $CI_{95\%}$ = 7.1–14.9%); and 3.0% of animals positive for *Babesia bovis* (8/266; $CI_{95\%}$ = 1.3–5.8%). However, no statistically significant association was found between the sex of the animals and the presence of the parasite. The epidemiological data obtained provide information for a deeper understanding of the dynamics of the disease in the country; however, further studies are needed to better understand the reality of babesiosis in cattle in the Peruvian Amazon.

Keywords: *Babesia*, bovine babesiosis, PCR, Loreto

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Algunas especies de *Babesia* 7

Cuadro 2. Especies de *Babesia* que afectan rumiantes domésticos 9

Cuadro 3. Cebadores utilizados en ensayos de PCR 29

Cuadro 4. Prevalencia de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana en Loreto, Perú 32

Cuadro 5. Factores sexo asociado a la detección de *Babesia* spp. en análisis bivariado (Prueba exacta de Fisher) 32

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Representación esquemática de un eritrocito bovino parasitado por *Babesia* spp. 4

Figura 2. *Babesia bovis* en frotis sanguíneo teñido con Giemsa 5

Figura 3. *Babesia bigemina* en frotis sanguíneo teñido con Giemsa 5

Figura 4. Lados dorsal y ventral de *Rhipicephalus microplus*. Hembra adulta y macho adulto 10

Figura 5. Ciclo biológico de *Babesia* spp. 13

Figura 6. Ictericia asociada a babesiosis bovina 14

Figura 7. Mapa del departamento de Loreto, Perú 25

Figura 8. Mapa de los distritos de la ciudad de Iquitos: San Juan Bautista, Belén, Iquitos y Punchana 25

Figura 9. Electroforesis de las reacciones de PCR realizadas para el diagnóstico de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana en Loreto, Perú 33

I. INTRODUCCIÓN

La babesiosis es una hemoprotozoosis transmitida por garrapatas que afecta mamíferos domésticos y salvajes a nivel mundial (Giglioti *et al.*, 2018; Silva *et al.*, 2018). *Babesia bovis* y *Babesia bigemina* son las especies de *Babesia* causantes de la babesiosis bovina en países tropicales y subtropicales, y utilizan a la garrapata *Rhipicephalus microplus* como vector (Jaimes-Dueñez *et al.*, 2018). La enfermedad está presente en países de América del Sur como Colombia, Venezuela, Ecuador, Brasil, Argentina y Perú (Morel *et al.*, 2019; Chávez-Larrea *et al.*, 2021).

Si bien el ganado vacuno con babesiosis puede presentar signos clínicos como fiebre, ictericia, anemia, inapetencia, hemoglobinuria, temblores musculares y en ocasiones se produce la muerte (Giglioti *et al.*, 2018; Jaimes-Dueñez *et al.*, 2018; Silva *et al.*, 2018; Al-Hosary, 2017); la enfermedad no solo genera graves pérdidas económicas relacionadas al cuadro clínico, sino también a la pérdida de peso, abortos, reducción de la eficiencia de conversión alimenticia y de la producción de leche, sumado al control de la enfermedad y del vector de la misma (Pupin *et al.*, 2019).

Estudios realizados en el Perú demuestran la presencia del parásito en vacunos de departamentos como Tacna, Madre de Dios y San Martín. Sin embargo, no se cuenta con estudios sobre la frecuencia de este hemoparásito en el departamento de Loreto (Jaillita, 2015; Ore, 2022; Reategui-Valles y López-Flores, 2023). Por ello, el objetivo del presente trabajo fue determinar la frecuencia de *Babesia* spp. en bovinos

beneficiados en el camal municipal de Punchana en Loreto, Perú. Los resultados servirán como base para el conocimiento de la epidemiología de la babesiosis bovina en el departamento de Loreto.

II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1. Babesiosis bovina

La babesiosis bovina es una enfermedad ocasionada por los hemoparásitos *Babesia bovis* y *Babesia bigemina*, los cuales son transmitidos por la garrapata *Rhipicephalus microplus* (Giglioti *et al.*, 2018). Se caracteriza por la presentación de fiebre, anemia, hemoglobinuria, pérdida de peso y en algunos casos, la muerte del animal (Al-Hosary, 2017; Silva *et al.*, 2018). La enfermedad presenta una distribución mundial y causa grandes pérdidas económicas asociadas al cuadro clínico, a su control y el de las garrapatas vectores (Pupin *et al.*, 2019).

2.2. Morfología

Los hemoparásitos *Babesia* spp. poseen forma redonda, ameboide o piriforme y características de células eucariotas normales como un núcleo, un retículo endoplasmático, un aparato de Golgi y microtúbulos. Además, orgánulos específicos Apicomplexa y se caracterizan por la presencia de un complejo apical incompleto, con roptrias y gránulos densos conocidos como cuerpos esféricos (Figura 1) (Sachman-Ruiz *et al.*, 2021).

Los cuerpos esféricos son un orgánulo distintivo que se encuentra presente tanto en *Babesia* como en *Theileria*. Las proteínas que hacen parte de estos orgánulos son liberadas tras la invasión del parásito a los eritrocitos del hospedero. Se pueden encontrar hasta cuatro por cada merozoíto de *Babesia* spp. Las roptrias son los orgánulos más grandes de los apicomplejos, su contenido posee forma de maza y se descarga durante la invasión a las células del hospedero (Gohil *et al.*, 2010).

Babesia spp. presentan un orgánulo especializado llamado apicoplasto, el cual es esencial para la realización de funciones metabólicas determinantes para la supervivencia y propagación del parásito (Redekar *et al.*, 2025). También poseen micronemas, los cuales poseen proteínas que se cree juegan un rol importante en la invasión a la célula hospedera por los parásitos apicomplejos (Tuvshintulga *et al.*, 2023). No presentan conoide ni flagelo en ninguno de sus estadíos y no forman esquizontes. *B. bovis* se presenta con forma redondeada o anillada, alargada y piriforme, ocupando un espacio cercano a la periferia del eritrocito. Por su parte, *B. bigemina* presenta forma redondeada, ovalada e inclusive irregular y dentro del glóbulo rojo ocupa un espacio entre el centro y el margen (Saborío, 2019).

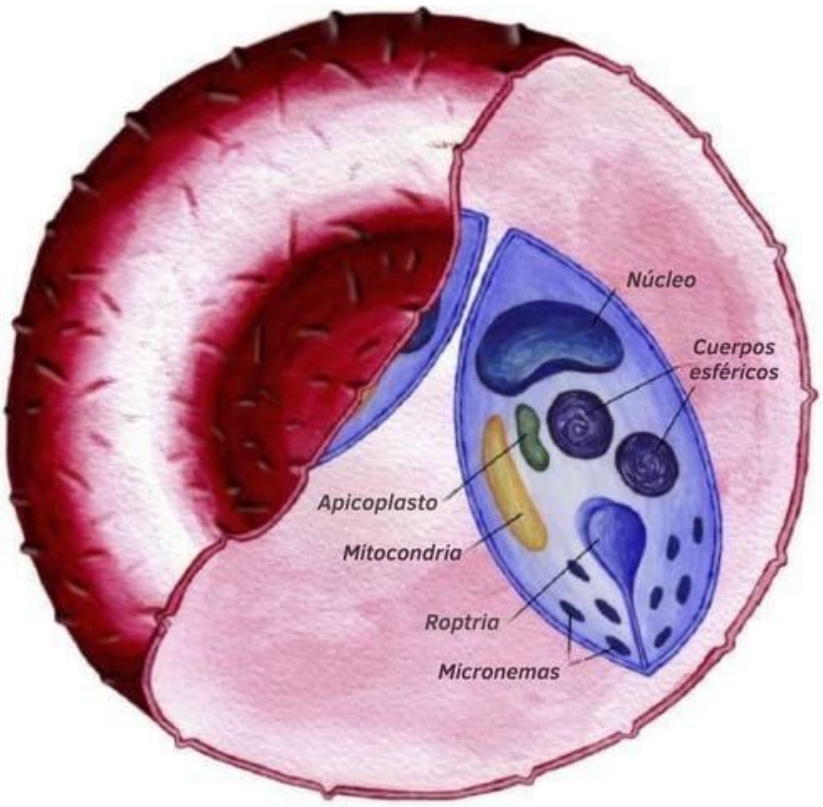


Figura 1. Representación esquemática de un eritrocito bovino parasitado por *Babesia* spp. Adaptado de Gohil *et al.* (2010).

Como merozoítos poseen forma de lágrima y se observan en pares comúnmente, aunque algunas veces se aprecian en cruz de Malta (tétrada). Se les puede dividir en dos grupos según su tamaño: babesias pequeñas cuando la longitud es de 1 a 2.5 µm y babesias grandes, cuando la longitud va de 2.5 a 5 µm. Donde *B.*

bovis pertenece al primero (Figura 2) y *B. bigemina* al segundo (Figura 3) (Ganzinelli *et al.*, 2018).

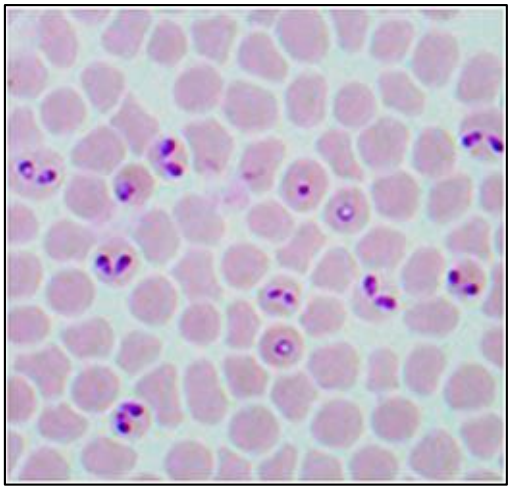


Figura 2. *Babesia bovis* en frotis sanguíneo teñido con Giemsa (Alvarez *et al.*, 2020).

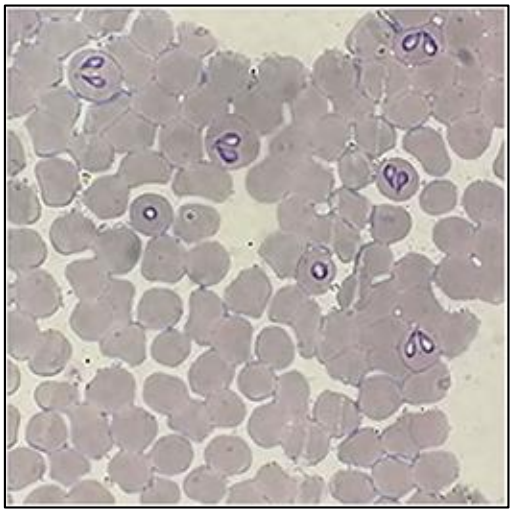


Figura 3. *Babesia bigemina* en frotis sanguíneo teñido con Giemsa (Alvarez *et al.*, 2020).

2.3. Taxonomía y Etiología

Babesia spp. son parásitos transmitidos por garrapatas que pertenecen al phylum Apicomplexa, clase Aconoidasida; es decir, no poseen la estructura conoide en su complejo apical en todos los estadíos de vida (Baneth, 2018). Se incluyen en el orden Piroplasmida, familia Babesiidae (Vieira *et al.*, 2019).

Con el trabajo de Criado-Fornelio *et al.* (2003), basado en análisis filogenético del gen 18S ARNr, se obtuvo una nueva clasificación de los piroplasmidos (Wodaje *et al.*, 2019). Estos se pueden clasificar en 5 grupos: I. Las pequeñas babesias (grupo microti o arqueopiroplasmidos); II. Parásitos de cérvidos, perros y personas (grupo duncani o prototeléridos); III. Especies que principalmente afectan caninos, bovinos y cervinos; IV. Especies que principalmente afectan bovinos, equinos y ovinos (babesidos de ungulados), donde se encuentran *B. bovis* y *B. bigemina*; V. los teiléridos (*Theileria* y *Cytauxzoon*) (Beugnet y Moreau, 2015; Pinazo *et al.*, 2017).

La primera descripción de *Babesia* spp. fue realizada en 1888 por Víctor Babes, un bacteriólogo rumano (Beugnet y Moreau, 2015). Él observó microorganismos intracelulares redondos y en su mayoría en pares en eritrocitos de ganado febril que presentaba hemoglobinuria (Fanelli, 2021). Hoy se conoce que *Babesia* spp. incluye a más de 100 especies (Cuadro 1) de parásitos que infectan mamíferos domésticos y silvestres y aves (Pinazo *et al.*, 2017).

Los protozoarios *Babesia* carecen de la hemozoína que produce el género *Plasmodium*, con el cual está estrechamente relacionado. Lo que diferencia a *Babesia* spp. de los Theileriidae (*Theileria* y *Cytauxzoon*) es su invasión única a eritrocitos, pues los segundos también pueden infectar leucocitos y células endoteliales de los vasos sanguíneos (Beugnet y Moreau, 2015).

Cuadro 1. Algunas especies de *Babesia*. Adaptado de Penzhorn *et al.* (2020) y Otranto y Wall (2024).

Especies de *Babesia*	Hospederos	Vectores
Babesia caballi	Caballos, burros	*Dermacentor reticulatus*, *D. variabilis*, *D. albipictus*, *D. silvarum*, *D. nitens*, *Hyalomma anatolicum excavatum*, *H. scupense*, *H. detritum*, *Rhipicephalus bursa*, *R. sanguineus*
Babesia perroncitoi	Cerdos	*Rhipicephalus appendiculatus*, *R. sanguineus*, *Dermacentor reticulatus*
Babesia trautmanni	Cerdos	*Rhipicephalus appendiculatus*, *R. sanguineus*, *Dermacentor reticulatus*, *Rhipicephalus decoloratus*
Babesia bovis	Ganado, búfalos, ciervos	*Rhipicephalus microplus*, *R. annulatus*
Babesia bigemina	Ganado, búfalos	*Rhipicephalus microplus*, *R. annulatus*, *R. decoloratus*
Babesia divergens	Ganado	*Ixodes ricinus*
Babesia major	Ganado	*Haemaphysalis punctata*
Babesia occultans	Ganado	*Hyalomma rufipes*
Babesia ovata	Ganado	*Haemaphysalis longicornis*
Babesia orientalis	Búfalos	*Rhipicephalus haemaphysaloides*
Babesia ovis	Ovejas, cabras	*Rhipicephalus bursa*
Babesia motasi	Ovejas, cabras	*Haemaphysalis punctata*
Babesia canis	Perros, gatos	*Dermacentor reticulatus*
Babesia vogeli	Perros, gatos	*Rhipicephalus sanguineus* sensu lato
Babesia rossi	Perros	*Haemaphysalis elliptica*

Babesia gibsoni	Perros	*Haemaphysalis longicornis*, *H. bispinosa*, *Rhipicephalus sanguineus*
Babesia vulpes	Perros	*Ixodes hexagonus* ?
Babesia felis	Gatos	Desconocido
Babesia pitheci	Monos	Desconocido

2.4. Epidemiología

La distribución global de *Babesia* spp. sigue la de sus garrapatas vectores (Cuadro 2), influenciada especialmente por la humedad y la temperatura (Ganzinelli *et al.*, 2018; Wodaje *et al.*, 2019). Sumado a esto, un cambio en las condiciones medioambientales como lo es el calentamiento global beneficia la reproducción y supervivencia de las garrapatas, que se traduce en un aumento de vectores (Niu *et al.*, 2015).

En todo el mundo, la babesiosis bovina ("fiebre de las garrapatas, piroplasmosis") la causan las especies: *B. bigemina*, *B. bovis*, *B. divergens*, *B. major* y *B. occultans*; siendo *B. bigemina* la más prevalente y *B. bovis*, la altamente patógena (Jacob *et al.*, 2020). Otras especies de distribución geográfica escasa son: *B. ovata* y *B.* sp. *Kashi* en Asia y *B. beliceri* y *B. jakimovi* en Rusia (Ganzinelli *et al.*, 2018). *Babesia ovata*, reportada en poblaciones de ganado vacuno de Japón, China, Corea, Mongolia y Tailandia, anteriormente era catalogada como parásito benigno; no obstante, provoca cuadros clínicos significativos en animales inmunodeprimidos o co-infectados con *Theileria orientalis* (Sivakumar *et al.*, 2016).

Cuadro 2. Especies de *Babesia* que afectan rumiantes domésticos. Adaptado de Ganzinelli *et al.* (2018).

Principal hospedero	Especie de *Babesia*	Principal garrapata vector	Distribución geográfica
Ganado bovino **Búfalos de agua**	*Babesia bovis*	*Rhipicephalus microplus* *Rhipicephalus annulatus* *Rhipicephalus geigyi* *Rhipicephalus australis*	África América Asia Australia Europa
	Babesia bigemina	*Rhipicephalus microplus* *Rhipicephalus annulatus* *Rhipicephalus geigyi* *Rhipicephalus decoloratus* *Rhipicephalus evertsi evertsi*	
Ganado bovino	*Babesia divergens*	*Ixodes ricinus* *Ixodes persulcatus*	Europa Norte de África
	Babesia ovata	*Haemaphysalis* sp.	Asia
	Babesia major	*Haemaphysalis* sp.	Asia Europa
	Babesia beliceri	*Hyalomma* sp.	Rusia
	Babesia occultans	*Hyalomma marginatum*	África Europa
	Babesia jakimovi	*Ixodes* sp.	Rusia
	Babesia sp. *Kashi*	*Hyalomma anatolicum*	Asia
Búfalos de agua	*Babesia orientalis*	*R. haemaphysaloides*	Asia

Ovejas **Cabras**	*Babesia ovis*	*Rhipicephalus bursa* *Rhipicephalus sturanicus*	África Asia Europa
	Babesia motasi	*Haemaphysalis* spp.	África Asia Europa
	Babesia crassa	*Haemaphysalis* spp.	Oriente Medio Asia Europa

2.5. Vector y Distribución geográfica

La babesiosis bovina se encuentra mundialmente, pero es más usual en zonas tropicales y subtropicales (Wodaje *et al.*, 2019). Se tiene reportes de *B. bovis* y *B. bigemina* en África, América, Asia, Australia y Europa (Ganzinelli *et al.*, 2018). Estos parásitos poseen mayor incidencia entre las latitudes de 32° N y 30° S (Wodaje *et al.*, 2019); y son los que se encuentran presentes en América del Sur con su garrapata vector *Rhipicephalus microplus* (Figura 4) (Jaimes-Dueñez *et al.*, 2018).

B. divergens, importante agente causal en Europa (desde Escandinavia hasta el mar Mediterráneo) y el norte de África, tiene como vector a la garrapata *Ixodes ricinus* (Ganzinelli *et al.*, 2018). Además, es la causa más importante de babesiosis humana en Europa (Young *et al.*, 2019).



Figura 4. Lados dorsal (izquierda) y ventral (derecha) de *Rhipicephalus microplus*. (A) Hembra adulta y (B) Macho adulto (Xu *et al.*, 2023).

2.6. Ciclo biológico

El ciclo de vida de *Babesia* spp. es complejo (Figura 5) (Masterson *et al.*, 2022); sigue el esquema de desarrollo Apicomplexa que incluye las fases sucesivas de merogonia, gamogonia y esporogonia. Comprende la combinación de dos etapas de reproducción asexual y una etapa de reproducción sexual, que involucran al hospedero y a la garrapata vector (Jalovecka *et al.*, 2019). En este caso, la especie *Rhipicephalus microplus* (Cuy-Chaparro *et al.*, 2019).

Los parásitos poseen transmisión transovárica y así pasan a la siguiente generación de garrapatas (Masterson *et al.*, 2022). Dentro de las larvas, el parásito a través de sus quinetos invasores forma un sincitio multinucleado dentro de las células de las glándulas salivales. Esta toma el nombre de esporoblasto, permanece latente y asegura la transmisión transestadial de *Babesia* spp. (Jalovecka *et al.*, 2019).

Cuando las larvas infectadas se alimentan de un bovino, los cuerpos esféricos o esporoblastos se dividen en esporozoítos mediante la esporogonia y son inoculados de 5, 000 a 10, 000 esporozoítos infectivos a través de la saliva de la garrapata en el hospedero mamífero (Jalovecka *et al.*, 2019; Martínez-García *et al.*, 2021; Masterson *et al.*, 2022). Estos esporozoítos infectan directamente los glóbulos rojos con interacciones moleculares parásito-célula que favorecen la permeabilidad celular dado que la arquitectura de la membrana de la célula diana es alterada (Cuy-Chaparro *et al.*, 2019).

Los esporozoítos se transforman en trofozoítos y estos se dividen en merozoítos mediante la merogonia a manera de fisión binaria (Jalovecka *et al.*, 2019). Tras esto, salen y lisan eritrocitos e infectan otros eritrocitos, lo que resulta en una infección persistente del hospedero (Masterson *et al.*, 2022). La multiplicación es asincrónica y posibilita observar diversos estadíos de división del parásito en el torrente sanguíneo al mismo tiempo (Ganzinelli *et al.*, 2018; Cuy-Chaparro *et al.*, 2019).

La reproducción sexual, en este caso llamada gamogonia, inicia en el hospedero vertebrado con un pequeño porcentaje de merozoítos maduros que se transforman en pregametocitos o gametocitos intraeritrocíticos que no se dividen y

vienen a ser la etapa transitoria que infecta a la garrapata vector (Jalovecka *et al.*, 2019; Fanelli, 2021; Martínez-García *et al.*, 2021).

Cuando las garrapatas vectores se alimentan de sangre del hospedero vertebrado, ingieren indistintamente glóbulos rojos sanos como parasitados con distintos estadíos de *Babesia* spp., sobreviviendo únicamente los pregametocitos. Estos llegan a la luz intestinal de las garrapatas cuando se alimentan, desarrollan a gametocitos y luego se convierten en gametos. Estos gametos son conocidos como cuerpos de Ray o Strahlenkörper y se fusionan para crear un cigoto móvil denominado ooquineto (Jalovecka *et al.*, 2019; Martínez-García *et al.*, 2021).

En el intestino medio de la garrapata, las células epiteliales son infectadas por ooquinetos que se transformarán en quinetos mediante meiosis. Estos maduran allí antes de ser liberados en la hemolinfa de la garrapata, medio por el cual obtienen acceso a distintos tejidos incluyendo los ovarios y los invaden (Martínez-García *et al.*, 2021; Masterson *et al.*, 2022).

A la vez, los quinetos primarios invaden otros órganos de la garrapata y, mediante esquizogonia (fisión múltiple) se multiplican para crear quinetos secundarios que son los que invaden las glándulas salivales de las garrapatas (Jalovecka *et al.*, 2019). Posteriormente se desarrollan en esporoblastos, repitiendo el ciclo (Martínez-García *et al.*, 2021).

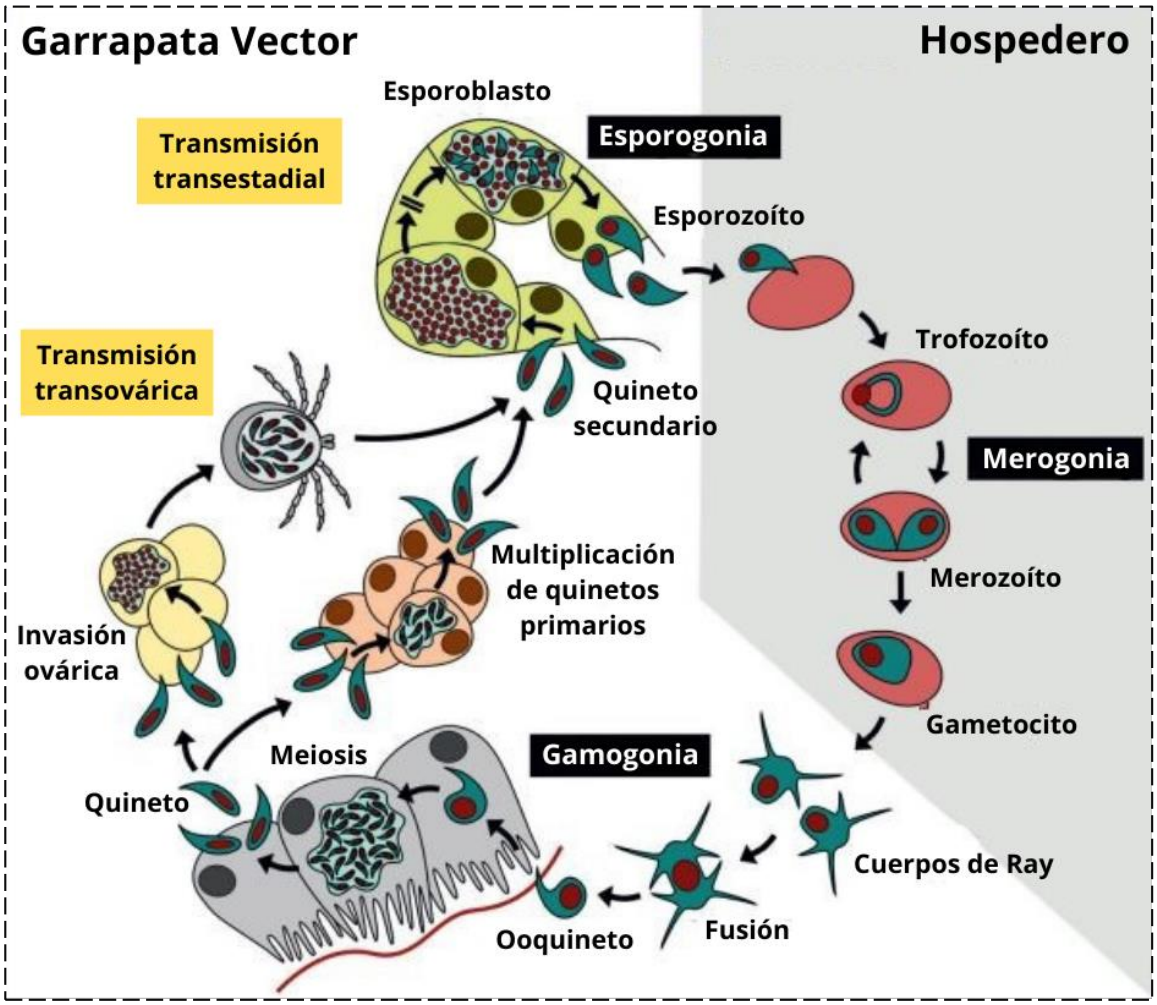


Figura 5. Ciclo biológico de *Babesia* spp. Adaptado de Jalovecka *et al.* (2019).

2.7. Patogenia

El ciclo rápido y perpetuo de invasión, sumado a la alteración drástica de la estructura y función, más la destrucción de los glóbulos rojos del hospedero explica los signos clínicos asociados con la babesiosis bovina, y la gravedad clínica de la enfermedad se asocia directamente con la especie de *Babesia* infectante (Gohil *et al.*, 2010; Schnittger *et al.*, 2012).

B. bigemina provoca parasitemias elevadas, lo que induce principalmente hemólisis intravascular, anemia grave, ictericia (Figura 6) y hemoglobinurias asociadas. Signos similares aparecen más tarde en el curso de la enfermedad por *B. bovis*, pero ocurre una reacción más temprana y grave asociada con la inducción de citoquinas; además, *B. bovis* también altera la estructura y función de los hematíes

infectados (Gohil *et al.*, 2013). Esto se acompaña de su secuestramiento en los capilares de varios órganos, incluidos el cerebro y los pulmones, con el desarrollo posterior de complicaciones clínicas a menudo fatales como hipotensión, edema pulmonar, signos neurológicos y falla multiorgánica. Como resultado, las infecciones asociadas a *B. bovis* muestran niveles bajos de parasitemias (Schnittger *et al.*, 2012; Gimenez *et al.*, 2013).



Figura 6. Ictericia asociada a babesiosis bovina (Pupin *et al.*, 2019).

Tras una infección primaria, la inyección de esporozoítos de *Babesia* spp. por la garrapata y la replicación posterior intraeritrocítica de los merozoítos inducen una respuesta inmune innata del hospedero bovino (Gallego-Lopez *et al.*, 2019). Esta reacción inmune estaría ligada al animal según su raza, edad y estado inmunológico (Jerzak *et al.*, 2023). A su vez, la variación en la respuesta demostraría que la resistencia a la babesiosis es determinada genéticamente (Giglioti *et al.*, 2017).

Las infecciones primarias por *Babesia bovis* en terneros menores a 9-10 meses por lo general no tienen consecuencias clínicas y resultan en una inmunidad duradera por la exposición natural; mientras que, en ganado adulto vulnerable, pueden producirse cuadros graves y fatales de babesiosis (Jaimes-Dueñez *et al.*, 2017; Morel *et al.*, 2019; Flores *et al.*, 2020). Esto ocurre por cambios climáticos o si se realizan tratamientos acaricidas que disminuyen la cantidad de garrapatas, por lo que los animales no se infectan en el período inicial crítico (Saborío, 2019).

Aquellos animales que sobreviven a la infección aguda permanecen como portadores asintomáticos y sirven de reservorio al parásito (Silva *et al.*, 2018). La babesiosis bovina puede persistir con un nivel muy bajo de parasitemia, esto es una ventaja para el parásito, pues al inducir una inmunidad protectora suficiente como para que el hospedero no muera, aumenta la duración del período de transmisión y la posibilidad de ser adquirida por la garrapata (Gallego-Lopez *et al.*, 2019).

2.8. Signos clínicos

Diversos signos pueden presentarse en un bovino con babesiosis. Primero, un síndrome generalizado con astenia, tristeza, agrandamiento de nódulos linfáticos, anorexia, disminución de la motilidad ruminal y principalmente, hipertermia. Después, aparece la emaciación, ictericia, diarrea, disnea, anemia, hemoglobinuria, taquipnea, taquicardia, abortos, disminución de la producción de leche, reducción de la fertilidad y cuando los parásitos afectan el sistema nervioso central, se presentan convulsiones, tambaleo, problemas oculares, crisis nerviosas y sialorrea (Cordero del Campillo y Rojo, 1999; Ziam *et al.*, 2020; Rimal *et al.*, 2025).

La muerte suele ocurrir en animales procedentes de áreas donde no está presente la enfermedad o aquellos inmunodeficientes (Cordero del Campillo y Rojo, 1999). Donde la mortalidad puede alcanzar hasta el 60% (Rimal *et al.*, 2025).

Transcurren entre 8 y 15 días para la incubación de la babesiosis bovina. Y mientras que *B. bigemina* habitualmente causa anemia y hemoglobinuria sin signos neurológicos, *B. bovis* puede generar signos cerebrales tras la agregación eritrocitaria en capilares del cerebro (Rimal *et al.*, 2025).

2.9. Prevalencia y Factores de riesgo

A nivel mundial, Jacob *et al.* (2020) encontraron tras realizar un metaanálisis una prevalencia de babesiosis bovina del 29%; donde Sudamérica obtuvo la prevalencia más alta con un 64% y Asia la más baja con un 19%. Además, Ferreira *et al.* (2022) encontraron que la prevalencia de *Babesia* spp. en Latinoamérica, aunque tomando como países a México, Brasil, Argentina, Uruguay, Paraguay y Colombia, es de 39.8%.

En cuanto a la prevalencia de la babesiosis bovina en el país, estudios realizados utilizando el método de frotis sanguíneo con tinción Wright encontraron tasas de 21.23 y 6.6% en la provincia de Candarave, Tacna y en el distrito de Cuñumbuqui, San Martín, respectivamente (Jaillita, 2015; Reategui-Valles y López-Flores, 2023). Y por su parte, Ore (2022) halló una tasa de 24.24% en el distrito de Tambopata, Madre de Dios mediante frotis sanguíneo con tinción Giemsa.

Entre algunos factores de riesgo que determinan el desarrollo de la babesiosis bovina se encuentran el manejo de los animales, la edad, la raza, las condiciones climáticas, y las fluctuaciones en las poblaciones de garrapatas (Bolaños *et al.*, 2017). Además, es importante mencionar la estacionalidad, pues autores como Yusuf (2017) y Jacob *et al.* (2020) mencionan que en el verano se produce la incidencia máxima.

En Latinoamérica, las condiciones climáticas son consideradas un factor de riesgo importante dado que se menciona que en verano y otoño se produce la mayor ocurrencia de brotes (Ferreira *et al.*, 2022).

También se mencionan ciertos factores relacionados al vector que favorecerían la transmisión del agente, entre ellos: una humedad relativa del 80% y una ovoposición entre temperaturas de 30 a 37 °C para un eficiente desarrollo de los estadíos infectivos de *B. bovis* y *B. bigemina* (Saborío, 2019). Y un factor propio del patógeno es que muchos hemoparásitos intraeritrocíticos, como *B. bovis* y *B. bigemina*, logran evadir el sistema inmunológico del hospedero mediante una rápida variación antigénica (Yusuf, 2017).

Se observa con frecuencia que existe una resistencia inversa a la edad en cuadros de babesiosis, ya que los animales jóvenes son menos susceptibles que los animales mayores. Esto se explicaría por la transferencia pasiva de anticuerpos maternos a través del calostro (Yusuf, 2017). Si bien se ha planteado que *Bos indicus* es relativamente resistente a la infestación de garrapatas y a la babesiosis, también desarrollan enfermedad severa y pueden llegar a morir (Pupin *et al.*, 2019). Debido a la presión de la selección natural, las poblaciones indígenas han desarrollado una capacidad innata para generar una robusta respuesta inmunitaria tanto a las garrapatas como a las enfermedades hemoparasitarias transmitidas por estas (Yusuf, 2017).

2.10. Coinfecciones con otros hemoparásitos

En el campo, la babesiosis y la anaplasmosis son enfermedades conocidas en forma genérica como "fiebre de las garrapatas" indistintamente (Cora *et al.*, 2021; Rahal *et al.*, 2023). Es común encontrar coinfecciones por *Babesia* spp. y *Anaplasma* spp. en el ganado (Jirapattharasate *et al.*, 2017).

Ambos, *Babesia* spp. y *Anaplasma* spp., poseen como vector biológico a *R. microplus*. Sin embargo, la anaplasmosis en el ganado está asociada a la infección producida por la bacteria intraeritrocítica de la familia Anaplasmataceae, *Anaplasma marginale*. Si bien ambas enfermedades cursan con cuadros febriles y presentan signos clínicos y lesiones superpuestos (Henker *et al.*, 2020); los animales afectados con anaplasmosis no cursan con hemoglobinuria porque los eritrocitos son atrapados por el sistema fagocítico mononuclear y no se produce una hemólisis intravascular (Benavides *et al.*, 2012; Cora *et al.*, 2021).

Un estudio realizado en Tailandia donde utilizaron PCR para detectar la presencia de hemopatógenos en 279 animales de ganado vacuno, encontró 11 animales con *A. marginale* y *B. bigemina*, 11 animales con *A. marginale* y *B. bovis* y 9 animales presentaron coinfección con *A. marginale*, *B. bigemina* y *B. bovis* (Jirapattharasate *et al.*, 2017).

En el sur de Brasil, Henker *et al.* (2020) detectaron dos casos de coinfecciones con *Anaplasma* sp. y *Babesia* sp. mediante ensayos de PCR en terneros. Rahal *et al.* (2023) buscando encontrar una asociación entre la infección crónica por *Anaplasma* y *Babesia* spp. y los parámetros hematológicos de novillas, halló positivas a todas las novillas para ambos parásitos en una primera PCRq en Rio Grande do Sul, Brasil. Por otro lado, Ogata *et al.* (2021) encontraron mediante PCRn un caso de coinfección con *Anaplasma marginale* y *Babesia bigemina* en un bovino de raza Gyrolando en Bolivia.

2.11. Métodos de diagnóstico

Diversas pruebas se han desarrollado con el motivo de diagnosticar la babesiosis bovina, así como para fines epidemiológicos; ya sea para la detección

directa o indirecta del parásito tanto en sus hospederos invertebrados como en los vertebrados (Ganzinelli *et al.*, 2018; Martínez-García *et al.*, 2021).

La detección tradicional de babesiosis bovina durante la fase aguda se realiza mediante examen microscópico de frotis sanguíneo teñido con Giemsa. Luego, al iniciar la fase crónica, la parasitemia desciende drásticamente en los animales portadores asintomáticos y se torna casi indetectable mediante diagnóstico microscópico (Romero-Salas *et al.*, 2016; Cuy-Chaparro *et al.*, 2019).

Las pruebas serológicas se empezaron a utilizar para investigar la exposición del ganado a *Babesia* spp. o la transferencia pasiva de anticuerpos de la madre al ternero mediante el calostro, entre algunas se encuentran la prueba indirecta de anticuerpos fluorescentes (IFAT) y el ensayo por inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA). Por último, se desarrollaron pruebas moleculares altamente sensibles y específicas para detectar *B. bovis* y *B. bigemina*. Estas permiten identificar la infección persistente a través de la detección directa del ADN genómico del parásito mediante ensayos de PCR (Alvarez *et al.*, 2019).

2.11.1. Examen microscópico

El diagnóstico de *Babesia* spp. se puede realizar mediante el examen microscópico de sangre o fluidos tisulares teñidos con Giemsa (Ganzinelli *et al.*, 2018). Durante la fase aguda de la enfermedad, el número de parásitos intraeritrocíticos es relativamente alto y se pueden observar al microscopio con objetivo de 100X (Pinazo *et al.*, 2017). Sin embargo, este método resulta laborioso, posee baja sensibilidad y no diferencia a organismos morfológicamente similares (Ganzinelli *et al.*, 2018).

Si bien este método por su baja sensibilidad no permite su uso en estudios epidemiológicos (Brito *et al*., 2013), debido a que la detección del patógeno se vuelve difícil incluso en animales clínicamente afectados por un posible número bajo de parásitos circulantes, ocasionando que durante las etapas prepatentes y convalecientes no se identifique a *Babesia* spp. al igual que en animales portadores asintomáticos (Alvarez *et al.*, 2019); *B. bovis* puede recuperarse de la sangre capilar recolectada del pabellón auricular y *B. bigemina* de muestras de sangre venosa (Alvarez *et al.*, 2019).

Por otro lado, también es posible utilizar tejidos de las garrapatas como las glándulas salivales, el intestino medio o la hemolinfa para la detección microscópica, aunque con la principal limitación de necesitarse un operador calificado para encontrar estadíos de *Babesia* spp., además del diferenciar entre especies (Martínez-García *et al.*, 2021).

2.11.2. Pruebas serológicas

Las pruebas serológicas permiten evaluar el estado inmune del ganado, la eficacia de vacunas y confirmar el diagnóstico de babesiosis bovina; igualmente sirven como herramientas epidemiológicas. Entre ellas tenemos a las pruebas inmunocromatográficas (ICT), las cuales se basan en el uso de proteínas recombinantes de merozoítos de *Babesia* spp., que muestran una mayor aplicabilidad práctica en distintos entornos (Ganzinelli *et al.*, 2018).

Además, pueden aplicarse métodos de diagnóstico serológicos como la prueba de inmunofluorescencia indirecta (IFI) y el ensayo por inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA) basado en proteínas recombinantes específicas como la región C-terminal de la proteína 1 asociada a la roptria (RAP-1), los cuales detectan anticuerpos específicos del parásito (Romero-Salas *et al.*, 2016; Ibrahim *et al.*, 2021).

Si bien el ELISA posee mayor eficiencia de procesamiento y objetividad al momento de interpretar resultados que la IFI, esta última sigue siendo el método elegido en diversos laboratorios veterinarios y es considerada "gold stantard' entre los métodos serológicos (Ganzinelli *et al.*, 2018). Aunque, una desventaja son las reacciones cruzadas entre *B. bovis* y *B. bigemina*; sumado a que el hallazgo de anticuerpos como signo previo de exposición puede no corresponderse con el estado de infección actual, pues los títulos de anticuerpos disminuyen con el paso del tiempo (Brito *et al.*, 2013; Romero-Salas *et al.*, 2016). Entonces, la falta de discriminación entre una infección actual y una exposición previa hacen de esta prueba poco específica, además del tiempo y la alta dificultad para realizarse (Alvarez *et al.*, 2019).

2.11.3. Pruebas moleculares

Las pruebas moleculares permiten detectar parásitos de *Babesia* spp. tanto en la fase aguda como en la fase crónica de la enfermedad. Entre ellas se encuentran la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), la hibridación lineal inversa (RLB) y la amplificación isotérmica mediada por bucle (LAMP), aunque su uso en entornos clínicos aún es limitado (Pinazo *et al.*, 2017).

Con la aparición de las técnicas moleculares, se han descrito varios ensayos de PCR directos, anidados (PCRn) y cuantitativos (PCRq) para la detección de *Babesia* spp. en bovinos. Estas pruebas se pueden diseñar para ser específicas del patógeno de interés, se pueden aplicar tanto al ganado como a las garrapatas y permiten los estudios epidemiológicos (Beugnet y Moreau, 2015; Ganzinelli *et al.*, 2018). Luego de realizados los ensayos, se continúa con la secuenciación de los productos de PCR, la cual se puede obtener mediante análisis de secuencia y, recientemente, mediante análisis filogenético (Martínez-García *et al.*, 2021).

Los ensayos de PCR también se utilizan para confirmación del diagnóstico debido a que sus altas especificidad y sensibilidad permiten la identificación de varias especies de *Babesia* y niveles de parasitemia por debajo de un parásito en 100 eritrocitos (Cuy-Chaparro *et al.*, 2019; Martínez-García *et al.*, 2021). Aunque también ocurre que a menudo los parásitos de animales portadores escapan la detección inclusive utilizando métodos de diagnóstico basados en PCR altamente sensibles, lo cual representa un reto para optimizar más el diseño y formato de PCRn para aumentar la sensibilidad (Romero-Salas *et al.*, 2016; Al-Hosary, 2017).

Dentro de los marcadores moleculares que utiliza la PCR para la detección de *Babesia* spp. se encuentran los siguientes: 18S ARNr, pequeño componente de los ribosomas citoplasmáticos de las células eucariotas. Es ampliamente usado para análisis molecular (Ríos y Ríos, 2011), y se utiliza para identificar grupos genéticos de *Babesia* spp. con asociación específica a hospederos (Jaimes-Dueñez *et al*., 2018). El gen de la Proteína hipotética (hyp) (Jaimes-Dueñez *et al.*, 2018), que guarda similitud con proteínas hipotéticas de otros parásitos miembros de la familia Apicomplexa y se encuentra en la misma región genómica (Huang *et al.*, 2015).

Los espaciadores transcrito interno 1 y 2 (ITS-1 e ITS-2) que se vienen utilizando como marcadores en análisis filogenéticos para reconocimiento de especies, separación de especies estrechamente relacionadas y discriminación dentro de la misma especie. Las Proteínas de superficie del merozoíto 1 y 2 (MSA-1 y MSA-2), grupo de proteínas posicionadas en la superficie de los merozoítos, que debido a sus propiedades antigénicas han sido utilizadas como blanco para el desarrollo de vacunas. La Proteína del cuerpo esférico 1 (SBP-1 o Bv80 o Bb-1), gen de copia única que codifica la proteína del cuerpo esférico de *B. bovis*, usada para diferenciar subpoblaciones. La Proteína del cuerpo esférico (SBP-4) de *B. bovis*; y la Proteína asociada a la roptria 1 (RAP-1), que para *B. bigemina* es RAP-1a (Adjou Moumouni *et al*., 2015; Simas *et al*., 2020).

2.12. Tratamiento

El tratamiento exitoso de la babesiosis bovina consiste en un diagnóstico temprano seguido de la administración de quimioterápicos. Una gran cantidad de compuestos químicos han sido reportados como eficaces contra *Babesia* spp. Sin embargo, varios han sido retirados del mercado por diversas razones (Wodaje *et al.*, 2019).

Las drogas anti-*Babesia* disponibles en el mercado actualmente para el tratamiento de la babesiosis en rumiantes son el diminazeno aceturato y el propionato de imidocarb (Ganzinelli *et al.*, 2018). Estas deben usarse a dosis de 3-5 mg/Kg para el diminazeno aceturato y de 1-3 mg/Kg para el propionato de imidocarb (Yusuf, 2017). Algunos aspectos negativos de estos fármacos son que pueden no eliminar por completo al parásito, pueden resultar tóxicos para los bovinos y existe el riesgo de selección de parásitos con resistencia a estos, lo que causaría recaídas (He *et al.*, 2022).

En áreas endémicas, los animales enfermos deben ser tratados lo antes posible. Adicionalmente, en casos severos de babesiosis se puede necesitar de terapia de soporte que incluye transfusiones de sangre, drogas antiinflamatorias, remoción de garrapatas, preparados de hierro, dextrosa, complejo B y fluidoterapia (Yusuf, 2017; Wodaje *et al.*, 2019). A manera profiláctica el imidocarb puede proteger a los animales de la enfermedad clínica (Muñoz, 2017).

2.13. Prevención y Control

Para controlar la babesiosis bovina es necesaria la vigilancia epidemiológica. La prevención se puede lograr mediante la integración de tres factores: inmunización, quimioprofilaxis y el control de vectores (Yusuf, 2017; Ozubek *et al.*, 2020).

Se ha conseguido diversos grados de éxito mediante la vacunación del ganado bovino con el parásito completo vivo y muerto, y con antígenos aislados del parásito. Algunos hallazgos apoyan el desarrollo de vacunas contra *Babesia* spp., como que el ganado que se recupera tras una infección primaria o aquel que ha sido inmunizado con vacunas atenuadas son resistentes a la infección de desafío (Yusuf, 2017). Si bien existen vacunas vivas atenuadas contra *B. bovis* y *B. bigemina*, su uso es limitado por el gasto requerido y tiempo que toma producirlas, ya que la atenuación es producida mediante pases en terneros esplenectomizados (Sivakumar *et al.*, 2018). Se plantea que el mecanismo implicado en la atenuación es la selección de parásitos con el fenotipo de una patogenicidad leve, presentes en el aislado patogénico inicial (Florin-Christensen *et al.*, 2014).

La mayoría de las vacunas vivas contra *Babesia* spp. se produce en instalaciones de producción que cuentan con el apoyo del gobierno a manera de servicio para las industrias ganaderas, sobre todo en Australia, Argentina, Sudáfrica e Israel (Ganzinelli *et al.*, 2018). Por otro lado, algunos puntos a considerar además del costo y laboriosidad de producir vacunas vivas son la cadena de frío, la contaminación con agentes infecciosos y la reversión a la virulencia de las cepas que siempre es una posibilidad (Ozubek *et al.*, 2020).

La quimioprofilaxis no resulta una alternativa viable a largo plazo para lograr una inmunización eficaz; pero en dosis de 3 mg/Kg, el imidocarb proporciona protección durante aproximadamente 4 semanas frente a los animales portadores (Yusuf, 2017). Lamentablemente posee un alto costo y deja metabolitos residuales en carne y leche (Ozubek *et al.*, 2020).

El control de vectores puede realizarse utilizando acaricidas, estos llevan siglos reduciendo los efectos nocivos de las garrapatas y de las enfermedades transmitidas por estas (Ozubek *et al.*, 2020). En áreas consideradas de alto riesgo, puede que los

acaricidas sean requeridos dos veces por semana para eliminar las garrapatas antes de que los esporozoítos infecciosos se desarrollen dentro de las glándulas salivales. Actualmente, un obstáculo que afecta el control de la babesiosis bovina es una mayor resistencia a los acaricidas por parte de *R. microplus* (Yusuf, 2017). Sin olvidar la contaminación del ambiente y de los productos animales (Ozubek *et al.*, 2020).

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar de ejecución y período de duración

El presente estudio se ejecutó en el camal municipal de la ciudad de Iquitos en Loreto, Perú (Figura 7). El cual realiza el beneficio de ganado vacuno 3 veces por semana los lunes, miércoles y viernes por la tarde, desde las 13:00 horas hasta las 17:00 horas alcanzando un promedio semanal de 160 animales beneficiados (H. Vásquez, Iquitos, comunicación personal). El camal se ubica en el distrito de Punchana (Figura 8) que cuenta con una población humana de 75,210 habitantes (INEI, 2018). La ciudad de Iquitos cuenta con una población aproximada de 400,000 personas; se ubica a 106 msnm, aislada geográficamente en el río Amazonas y se distingue por presentar fuertes precipitaciones durante todo el año y temperaturas elevadas, con una temperatura media anual de 26.8 °C (Rodríguez, 1994; Benedum *et al.*, 2020).

El muestreo se realizó durante el mes de setiembre de 2024 por motivos logísticos. Para ello, se desarrolló la toma de muestra de bovinos destinados a beneficio del camal municipal de Punchana y las muestras de sangre se remitieron al Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria de la Facultad de Medicina Veterinaria de la UNMSM para su procesamiento.



Figura 7. Mapa del departamento de Loreto, Perú (Google Earth, 2025).



Figura 8. Mapa de los distritos de la ciudad de Iquitos: San Juan Bautista, Belén, Iquitos y Punchana (Google Earth, 2025).

3.2. Tamaño de muestra

Un estudio realizado por (Jaillita, 2015) mostró una prevalencia del 21.23% de babesiosis bovina en la provincia de Candarave, Tacna. El cálculo del tamaño muestral se obtuvo mediante la fórmula de estimación para una proporción en población infinita, la cual brindó un resultado de 257 animales, estimando un 21.2 % de frecuencia, un nivel de significancia del 95% y una precisión del 5%.

$$n = \frac{Z_{\alpha}^{2} \cdot p \cdot q}{i^{2}}$$

Donde:

n: tamaño muestral.

Z: valor correspondiente a la distribución de Gauss Z=1.96

p: frecuencia esperada del parámetro evaluado, referencia del 21.2 % (Jaillita, 2015).

q: 1-p

i: error que se previó cometer si es del 5 %

3.3. Metodología

Las muestras de sangre de los bovinos beneficiados se obtuvieron utilizando un muestreo sistemático. Previamente se calculó un mínimo de 257 animales a muestrear y se pidió la autorización del administrador del camal. Las muestras se tomaron los días en que se realizaba el beneficio de ganado vacuno en el camal, desde las 13:00 horas hasta las 16:30 horas, durante un mes logrando superar el tamaño muestral propuesto.

Se calculó el intervalo *k* tomando en cuenta que al día beneficiaban aproximadamente 55 animales y que se planeaba tomar entre 30 y 40 muestras cada día: 55/35=1.57. Entonces se eligió un intervalo variable, alternando entre 1 y 2 animales, comenzando con el bovino 1 (primera muestra), luego el bovino 2 (segunda muestra), sigue el bovino 4 (tercera muestra), continuando con el bovino 5 (cuarta muestra) y así sucesivamente.

Se obtuvieron 266 muestras durante 7 días de visita al camal. Se colectaron 3 ml de sangre entera de la vena yugular en tubos lila con EDTA y por cada animal se llenó una ficha clínica donde se anotó el sexo.

Por último, para el procesamiento las muestras fueron enviadas al Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria de la Facultad de Medicina Veterinaria de la UNMSM. Todas las muestras se analizaron para identificar molecularmente la presencia de *Babesia* spp.

3.4. Toma de muestra

La colección de sangre se guio de la metodología descrita por (Bourgon *et al.*, 2017):

1. Los bovinos fueron movidos gentilmente a través de la manga del camal por los operarios.
2. Procedieron a realizar el aturdimiento previo al beneficio.
3. Tras el degüello, las muestras fueron colectadas en tubos lila con anticoagulante EDTA de 3 ml durante el sangrado.
4. Inmediato a la obtención de la sangre, se rotuló el tubo con la numeración asignada a cada animal.
5. Se colocaron los tubos con EDTA en una gradilla dentro de un contenedor de poliestireno expandido con geles refrigerantes para controlar la temperatura interna de 4 °C hasta su almacenamiento a -20 °C.
6. Las muestras fueron remitidas al Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria de la Facultad de Medicina Veterinaria (UNMSM) para su procesamiento. El envío se realizó mediante un courier en un envase de aislamiento térmico tipo cooler conteniendo hielo seco, cumpliendo con el principio de embalaje triple.
7. Todas las muestras fueron analizadas para el diagnóstico molecular de *Babesia* spp.

3.5. Extracción de ADN

Se usó el kit de extracción de ADN "DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN, EE.UU.)". Se utilizaron 100 µL de sangre con EDTA y se siguieron las instrucciones del fabricante:

1. La sangre se homogenizó y se colocó en un tubo de microcentrífuga de 1.5 mL para luego añadir 20 µL de proteinasa K y 120 µL de PBS, además se añadió 200 µL de tampón AL (sin etanol añadido).
2. La muestra se mezcló bien agitándola y se incubó a 56 °C por 10 minutos.
3. A continuación, se agregaron 200 µL de etanol (96-100 %) hasta conseguir una solución homogénea. El contenido de este vial se transfirió a la columna de centrifugado DNeasy Mini y se colocó en un tubo de 2 mL.
4. Después, se centrifugó a 6000 ×g por 1 minuto y se desechó el filtrado con el tubo de 2 mL para luego, colocarlo en la columna de centrifugación DNeasy Mini en un nuevo tubo de 2 mL.
5. Se agregó 500 µL de tampón AW1 y se centrifugó durante un minuto a 6000 ×g.
6. Entonces, se desechó el filtrado con el tubo de 2 mL. Luego se colocó la columna de centrifugación DNeasy Mini en un nuevo tubo de 2 mL y se agregó 500 µL de tampón AW2 para centrifugar durante tres minutos a 20000 ×g, esto se realizó para secar la membrana de la columna de centrifugación DNeasy Mini.
7. Se desechó el filtrado con el tubo de 2 mL y la columna de centrifugación DNeasy Mini se colocó en un tubo limpio de microcentrífuga de 1.5 mL y se agregó 200 µL de tampón AE directamente sobre la membrana DNeasy para centrifugar durante un minuto a 6000 ×g.
8. Por último, el ADN obtenido se almacenó a -20 °C hasta su uso.

3.6. Amplificación del gen 18S ARNr

Se utilizó una reacción en cadena de la polimerasa PCR convencional para amplificar alrededor de 400 pares de bases (pb) del gen 18S ARNr del parásito. Cada mezcla de reacción de la PCR tuvo un volumen final de 25 µL, el cual estuvo conformado por 4 µL de ADN, 12.5 µL de la mezcla maestra GoTaq® Green Master Mix (2X) (Promega, EE. UU.), 1 µL de cada cebador (Cuadro 3) y 6.5 µL de agua libre de ARNasa (Kumar *et al.*, 2022). Se incluyó el ADN de una muestra de sangre bovina

positiva a *Anaplasma* sp. como control negativo y el ADN de una muestra sanguínea canina positiva a *Babesia vogeli* como control positivo. Estas muestras corresponden al banco de ADN del Laboratorio de Epidemiología y Economía Veterinaria de la FMV-UNMSM.

Cuadro 3. Cebadores utilizados en ensayos de PCR (Kumar *et al.*, 2022).

Especie	Marcador	Cebador
***Babesia* spp.**	18S ARNr	PiroA: F 5'-AATACCCAATCCTGACACAGGG-3'
		PiroB: R 5'-TTAAATACGAATGCCCCCAAC-3'

Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un termociclador Applied Biosystems SimpliAmp (Thermo Fisher Scientific Inc., EE.UU.). Y las condiciones del termociclador para la amplificación fueron: primero se subió la temperatura a 95 °C durante 3 minutos para activar la polimerasa, seguido de 35 ciclos a 96 °C durante 15 segundos para la desnaturalización, una alineación a 60 °C durante 20 segundos, una extensión a 72 °C durante 25 segundos y una extensión final a 72 °C durante 1 minuto (Kumar *et al.*, 2022).

3.7. Electroforesis en agar gel

Los productos de la PCR fueron visualizados mediante electroforesis en gel de agarosa al 1.5 % en buffer TAE 1X teñidos con SYBR Safe (Thermo Fisher Scientific Inc., EE. UU). Cada corrida de gel tuvo un marcador de peso molecular o Ladder de 100 pares de bases. Luego, los geles fueron fotodocumentados utilizando un transiluminador con campo oscuro y cámara digital.

3.8. Secuenciación

Las muestras cuyo resultado fue positivo fueron enviadas a la compañía Macrogen, Inc. en Corea del Sur para su secuenciación. Esta se ejecutó empleando, en ambas direcciones, los mismos cebadores antes detallados para la técnica de PCR convencional utilizada en este estudio. Tras la obtención de las secuencias de nucleótidos de las muestras, se procedió a utilizar el programa ChromasPro para el

ensamblaje. Posterior a esto, el programa BLASTn fue empleado para comparar las secuencias con aquellas de la base de datos del banco de genes (GenBank).

3.9. Análisis de datos

La prevalencia de bovinos positivos a *Babesia* spp., *Babesia bigemina* y *Babesia bovis* se expresó mediante tablas de frecuencia con su respectivo intervalo de confianza al 95%.

Mientras que, para indicar la existencia de asociación entre la variable cualitativa sexo (macho y hembra) y la detección de los bovinos positivos a *Babesia* spp., se utilizó la Prueba exacta de Fisher, considerando el valor de $p<0.05$ como estadísticamente significativo. Se utilizó el programa estadístico STATA 17.

3.10. Consideraciones éticas

Este trabajo fue aprobado por el Comité de Ética y Bienestar Animal (CEBA) de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos con el número de autorización n° 2024-12 (Anexo 1). Contempló y siguió las normas que se encuentran en los Principios Directrices Internacionales para la Investigación Biomédica que Implique el Uso de Animales. A su vez, se informó y solicitó su colaboración al administrador del camal antes de la recolección de sangre.

IV. RESULTADOS

Se examinaron 266 muestras de sangre de bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana en la ciudad de Iquitos, departamento de Loreto, Perú. Cabe mencionar que todos los animales eran cruzados (criollos con razas índicas como Gyr, Brahman, Nelore y Guzerat), de los cuales 120 (45.1%) pertenecían al sexo macho y los otros 146 (54.9%) pertenecían al sexo hembra.

Utilizando el diagnóstico molecular por PCR convencional, con la amplificación parcial del gen 18S ARNr y la lectura de la técnica de electroforesis en gel de agarosa (Figura 9), se obtuvo un 13.5% de muestras positivas a *Babesia* spp. (36/266), con un intervalo de confianza del 95% (9.7-18.2%) (Cuadro 4). De los bovinos positivos, la mitad eran machos (n=18) y la otra mitad, hembras (n=18).

Mediante la secuenciación, se obtuvo un 10.5% de muestras positivas a *Babesia bigemina* (28/266), con un intervalo de confianza del 95% (7.1-14.9%) y un 3.0% de muestras positivas a *Babesia bovis* (8/266), con un intervalo de confianza del 95% (1.3-5.8%) (Cuadro 4).

Tras el análisis a través de la Prueba exacta de Fisher, no se encontró asociación estadísticamente significativa ($p>0.05$) entre la presencia de *Babesia* spp., *Babesia bigemina* o *Babesia bovis* y la variable cualitativa sexo en los bovinos muestreados del camal municipal de Punchana (Cuadro 5).

Cuadro 4. Prevalencia de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana en Loreto, Perú.

Parásito	Prevalencia (n/N; Intervalo de confianza al 95% (IC)
***Babesia* spp.**	13.5% (36/266; $IC_{95\%}$ = 9.7 - 18.2%)
Babesia bigemina	10.5% (28/266; $IC_{95\%}$ = 7.1 - 14.9%)
Babesia bovis	3.0% (8/266; $IC_{95\%}$ = 1.3 - 5.8%)

Cuadro 5. Factores sexo asociado a la detección de *Babesia* spp. en análisis bivariado (Prueba exacta de Fisher).

	***Babesia* spp.**		**valor de *p***
	Positivo	**Negativo**	
Macho	18	102	0.591
Hembra	18	128	
Total	36	230	

	Babesia bigemina		**valor de *p***
	Positivo	**Negativo**	
Macho	14	106	0.689
Hembra	14	132	
Total	28	238	

	Babesia bovis		**valor de *p***
	Positivo	**Negativo**	
Macho	4	116	1.000
Hembra	4	142	
Total	8	258	

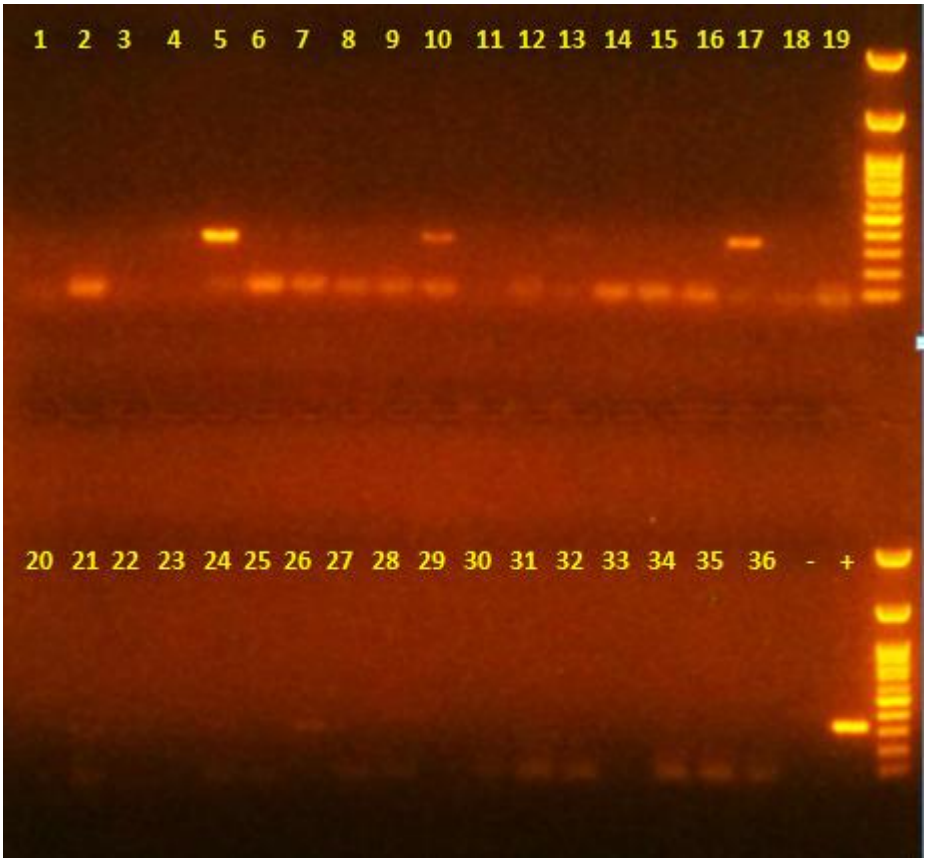


Figura 9. Electroforesis de las reacciones de PCR realizadas para el diagnóstico de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana en Loreto, Perú. Muestras 5, 10, 13, 17, y 26 muestras positivas. Control positivo (+) *Babesia vogeli* y control negativo (-) agua ultra pura. Marcador de peso molecular de 100 pb.

V. DISCUSIÓN

Este estudio evidenció una frecuencia de detección molecular de 13.5% para *Babesia* spp. (una frecuencia de 10.5% para *Babesia bigemina* y una frecuencia de 3.0% para *Babesia bovis*) en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana de la ciudad de Iquitos, esto determina la presencia del protozoo en el departamento de Loreto, Perú y manifiesta el riesgo de exposición del ganado vacuno a la infección. No obstante, el resultado hallado (13.5%) no fue el esperado en una zona que cuenta con ciertas condiciones favorables para el desarrollo de la babesiosis bovina como lo son el clima tropical, con una humedad y temperatura altas, lo cual favorece la supervivencia de las garrapatas vectores (Niu *et al.*, 2015; Bolaños *et al.*, 2017; Saborío, 2019).

En otros países de Sudamérica, como Colombia, el estudio de Bolaños *et al.* (2017) colectó muestras de sangre de 191 bovinos puros de la raza Hartón del Valle de ganaderías ubicadas en el departamento del Valle del Cauca. La determinación de la infección por *Babesia* spp. se realizó mediante métodos moleculares. Ninguno de los animales muestreados fue positivo para *B. bovis* y la prevalencia de *B. bigemina* fue del 13.1%. Por su lado, el estudio de Jaimes-Dueñez *et al.* (2017) obtuvo una prevalencia de *Babesia* spp. del 39.0% (181/464) tras analizar muestras de un total de 16 granjas de Antioquia y Arauca mediante el método molecular de PCR anidado: 146 (31.5%) de las muestras fueron positivas para *Babesia bigemina* y 64 (13.8%) para *Babesia bovis*. Un siguiente estudio de Jaimes-Dueñez *et al.* (2018), realizado en tres puntos en fincas de las regiones Caribe y Orinoquia, evaluó la prevalencia de *Babesia* spp. en bovinos mediante una PCR anidada. De un total de 1432 muestras analizadas, obtuvieron una prevalencia

molecular para *Babesia* spp. de 31.6% (24.2% para *B. bigemina* y 14.4% para *B. bovis*). Sumado a ello, Espinosa-Muñoz *et al.* (2022) encontraron una frecuencia de *Babesia* spp. de 83.9% (161/192) en ganado de la región Magdalena Medio mediante ensayo de PCR, muestrearon ocho animales por granja de un total de 24 granjas donde el 50% de animales eran machos. De estos cuatro estudios mencionados, el primero obtuvo un resultado similar al de este trabajo, quizá porque ambas localidades, que se ubican en zonas tropicales, tienen el mismo ecosistema para la proliferación de garrapatas. El segundo y tercer estudio obtuvieron resultados mayores al de la frecuencia hallada en este trabajo a pesar de que los lugares estudiados poseen similares temperaturas medias anuales y humedad alta. En muchos trabajos se ha visto que los patógenos son endémicos por zonas geográficas, tal como lo demuestran estos trabajos. Por último, el trabajo de Espinosa-Muñoz *et al.* (2022) también halló un resultado mayor que el de este trabajo, posiblemente por una menor cantidad de animales muestreados y que la colecta de muestras se realizó en el año 2015.

Respecto a otro país limítrofe como Ecuador, Chávez-Larrea *et al.* (2021) encontraron una prevalencia de babesiosis bovina del 18.94% (50/264) por primera vez mediante una técnica molecular (PCR), tras muestrear fincas dedicadas exclusivamente a la lechería. El 14.77% (39/264) de animales fue positivo para *B. bovis* y el 4.17% (11/264) para *B. bigemina.* La prevalencia hallada en este trabajo fue menor a la reportada por Chávez-Larrea *et al.* (2021), esta diferencia podría deberse a las zonas de muestreo de dicho estudio, ya que se trataba de dos localidades: una con una altitud menor a los 300 msnm y la segunda con una altitud de 2469 msnm. Mientras que este estudio se realizó en una ciudad cuya altitud es de 106 msnm. Sin embargo, las características de la segunda localidad difieren con lo reportado por Wodaje *et al.* (2019), quienes mencionan que es más común el desarrollo de la babesiosis bovina en zonas tropicales, como la de este trabajo. Además, podría sugerirse que el cambio climático influye en la distribución de las garrapatas vectores a nuevas áreas, y de este modo, la transmisión del hemoparásito.

En cuanto a Brasil, Giglioti *et al.* (2017) encontraron en el municipio José Bonifacio, estado de São Paulo, un 100% de animales positivos a *B. bovis*. La diferencia de este resultado con el trabajo presente respondería principalmente a que utilizaron pruebas serológicas (ELISA) como moleculares (PCR cuantitativa) y que fue realizado

en un solo hato de bovinos Angus, por lo tanto, la prevalencia del 100% se refiere únicamente a la población evaluada. Además, Vieira *et al.* (2019) encontraron una prevalencia del 16% para *B. bigemina* y del 29% para *B. bovis* en la región de Campo de Lages, estado de Santa Catarina. Los resultados encontrados por el estudio de Vieira *et al.* (2019) son mayores a los hallados en el presente trabajo a pesar de que el tamaño muestral fue semejante y que los rebaños del estudio se ubicaban a altitudes entre los 850 y 1400 msnm, en una región que posee ciudades consideradas entre las más frías de Brasil, las cuales experimentan heladas con ocasionales nevadas en invierno, lo que resulta adverso para el ciclo biológico de las garrapatas vectores (Saborío, 2019). Otra diferencia fundamental es que utilizaron el método diagnóstico de PCR multiplex. Parodi *et al.* (2021) mencionan que la sensibilidad y especificidad de una PCR multiplex puede alcanzar el 94.2% y 97.1% respectivamente.

Por su parte en Argentina, al noreste en la provincia de Corrientes, un estudio determinó una prevalencia de *Babesia* spp. del 62.67% (94/150) en un rebaño de bovinos adultos de la raza Bradford mediante la técnica de PCR anidada, donde el 27.33% (41/150) resultó positivo para *Babesia bovis*, el 54.67% (82/150) para *B. bigemina* y el 19.33% (29/150) para una infección mixta (Ganzinelli *et al.*, 2019). Los resultados encontrados por el estudio de Ganzinelli *et al.* (2019) difieren significativamente con la frecuencia de *Babesia* spp. hallada en este trabajo, quizá porque se trataba de un único rebaño el cual fue muestreado en su totalidad, con más del 95% (146/150) de bovinos pertenecientes al sexo hembra, a diferencia de este trabajo que presentó un 45.1% de animales de sexo macho y el otro 54.9% perteneciente al sexo hembra. Y a la zona de estudio, catalogada como altamente endémica de garrapatas, siendo que la presencia de garrapatas vectores es un factor de riesgo potencial para las infecciones por *Babesia* spp. (Fesseha *et al.*, 2022).

En relación con Bolivia, Ogata *et al.* (2021) encontraron nueve bovinos positivos a *Babesia* spp. de 104 animales muestreados (8.65%) en un total de seis fincas del departamento de Santa Cruz mediante el método molecular de PCR anidada, de estos uno fue positivo para *B. bovis* y ocho para *B. bigemina*. Los resultados reportados a diferencia de la frecuencia del presente trabajo (13.5%) son menores, probablemente porque utilizaron un tamaño de muestra no representativo y porque mencionan el uso de

antiparasitarios externos para el control de las garrapatas, este último pudo haber sesgado los resultados obtenidos.

Respecto a nuestro país, la frecuencia de babesiosis bovina obtenida en este estudio comparada a lo encontrado por Jaillita (2015) fue menor, pues obtuvo una prevalencia de 21.23% en la provincia de Candarave, Tacna. Esta diferencia podría deberse a que en el estudio de Jaillita (2015) se incluyó una menor cantidad de animales muestreados. Lo mismo ocurrió con el estudio de Ore (2022), quien encontró una prevalencia de babesiosis bovina de 24.24% tras el examen microscópico de 33 frotis sanguíneos con tinción Giemsa de ejemplares de la raza Brown Swiss del sexo hembra en Tambopata, Madre de Dios. Sin embargo, este lugar que también se encuentra en la cuenca del Amazonas como Iquitos, contaba con similares altitud, humedad y temperatura. Por otro lado, un estudio realizado en el distrito de Cuñumbuqui en Lamas, San Martín, por Reategui-Valles y López-Flores (2023), encontraron 24 muestras positivas de 366 (6.56%) bovinos evaluados. La diferencia de resultados entre este estudio y el de Reategui-Valles y López-Flores (2023) podría deberse principalmente a que utilizaron como técnica diagnóstica el frotis sanguíneo con tinción Wright y no un método molecular.

Este estudio encontró una mayor presencia de *B. bigemina* que de *B. bovis* en los bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana de la ciudad de Iquitos que resultaron positivos a *Babesia* spp. Esto se debería a que para *B. bigemina*, la tasa de transmisión por garrapatas es mayor bajo condiciones naturales (Ogata *et al.*, 2021); y a que la detección de *B. bovis* sería más baja porque los glóbulos rojos infectados con este hemoparásito adquieren una gran capacidad de adhesión citoquímica a los capilares periféricos reduciendo la parasitemia en el torrente sanguíneo (Ganzinelli *et al.*, 2019; Rojas *et al.*, 2025).

Además, este trabajo no halló una asociación estadística entre el sexo de los animales y la presencia de *Babesia* spp. Esto contrasta con lo relatado por Yousef *et al.* (2024), quienes indican que los machos tienen un mayor riesgo de infección que las hembras para *B. bigemina* y *B. bovis*. Y también con lo que mencionan Masih *et al.* (2021), pues en su estudio hallaron una mayor proporción de hembras positivas a *Babesia*

spp. en comparación a los machos tanto en verano como en invierno. Estas diferencias podrían atribuirse primero a la proporción de animales del sexo macho y hembra, ya que mientras en este estudio fue similar, en el de Yousef *et al.* (2024) la proporción de hembras era mayor. Por otra parte, la discrepancia con el hallazgo de Masih *et al.* (2021) podría deberse a que las hembras suelen mantenerse por más tiempo en el hato debido a su valor reproductivo, lo que aumentaría el tiempo de exposición a las garrapatas vectores de los hemoparásitos. Sin embargo, no se debe dejar de considerar las diferencias de manejo en distintos lugares, pues podrían influir en la asociación.

Si bien las muestras de este estudio fueron recolectadas en el mes de setiembre por cuestiones logísticas y no por un factor de estacionalidad, el hecho de que sea un mes perteneciente a la temporada seca en la Amazonía peruana podría haber influido en los resultados. Esto debido a que algunos estudios longitudinales como el de Jaimes-Dueñez *et al.* (2018) observaron mayores frecuencias de *Babesia* spp. en temporada de lluvias, aunque sin diferencias estadísticamente significativas, lo que sugiere que la dinámica de la infección se encuentra modulada por las variaciones estacionales. Adicionalmente, Diakité *et al.* (2023) sí encontraron tasas de prevalencia significativamente más altas durante la temporada de lluvias que durante la temporada seca en Mali, relacionándolo a la variación en la precipitación, lo cual constituye un factor importante para el desarrollo de las garrapatas.

De haberse registrado el cruce de razas exacto de los bovinos muestreados, se habría podido sugerir que la raza de los animales tuvo un impacto en la frecuencia obtenida; pues Bock *et al.* (1997) encontraron niveles más altos de parasitemia en ganado *Bos taurus* que en ganado *Bos indicus* frente a la infección por *Babesia* spp., lo cual refleja una mayor resistencia de las razas cebuinas y una mayor susceptibilidad de razas europeas.

Una limitación importante de este estudio fue la no identificación de otros datos de los animales muestreados como edad exacta, procedencia, cruce de razas exacto, los cuales fueron requeridos al personal del camal municipal mas no fueron proporcionados. Sin embargo, los resultados obtenidos en el presente estudio servirán de línea base para futuros estudios epidemiológicos de *Babesia* spp. en bovinos de la selva peruana.

VI. CONCLUSIONES

- La frecuencia de detección molecular de *Babesia* spp. en bovinos beneficiados del camal municipal de Punchana fue de 13.5% (36/266), con un intervalo de confianza del 95% (9.7-18.2%).

- Se determinó mediante secuenciación, en los bovinos beneficiados del camal municipal de Punchana, un 10.5% de animales positivos a *Babesia bigemina* (28/266) con un intervalo de confianza del 95% (7.1-14.9%); y un 3.0% de animales positivos a *Babesia bovis* (8/266) con un intervalo de confianza del 95% (1.3-5.8%).

- La variable sexo no estuvo asociada con la presencia de *Babesia* spp. en los bovinos beneficiados del camal municipal de Punchana.

VII. LITERATURA CITADA

1. ***Adjou Moumouni PF, Aboge GO, Terkawi MA, Masatani T, Cao S, Kamyingkird K, Jirapattharasate C, Zhou M, Wang G, Liu M, Iguchi A, Vudriko P, Ybanez AP, Inokuma H, Shirafuji-Umemiya R, Suzuki H, Xuan X. 2015.*** Molecular detection and characterization of *Babesia bovis*, *Babesia bigemina*, *Theileria* species and *Anaplasma marginale* isolated from cattle in Kenya. Parasites & Vectors 8: 496. doi: 10.1186/s13071-015-1106-9
2. ***Al-Hosary AAT. 2017.*** Comparison between conventional and molecular methods for diagnosis of bovine babesiosis (*Babesia bovis* infection) in tick infested cattle in upper Egypt. Journal of Parasitic Diseases: Official Organ of the Indian Society for Parasitology 41 (1): 243-246. doi: 10.1007/s12639-016-0785-2
3. ***Alvarez JA, Rojas C, Figueroa JV. 2019.*** Diagnostic tools for the identification of *Babesia* sp. in persistently infected cattle. Pathogens 8 (3): 143. doi: 10.3390/pathogens8030143
4. ***Alvarez JA, Rojas C, Figueroa JV. 2020.*** An overview of current knowledge on in vitro *Babesia* cultivation for production of live attenuated vaccines for bovine babesiosis in Mexico. Front. Vet. Sci. 7:364. doi: 10.3389/fvets.2020.00364
5. ***Baneth G. 2018.*** Babesia of domestic dogs. En: Florin-Christensen M, Schnittger L, eds. Parasitic protozoa of farm animals and pets. 1ª ed. Cham: Springer. p 241-258. doi: 10.1007/978-3-319-70132-5_10
6. ***Benavides E, Polanco N, Vizcaíno O, Betancur O. 2012.*** Criterios y protocolos para el diagnóstico de hemoparásitos en bovinos. Revista Ciencia Animal 1 (5): 31-47.

7. ***Benedum CM, Shea KM, Jenkins HE, Kim LY, Markuzon N. 2020.*** Weekly dengue forecasts in Iquitos, Peru; San Juan, Puerto Rico; and Singapore. PLoS Neglected Tropical Diseases 14 (10): e0008710. doi: 10.1371/journal.pntd.0008710
8. ***Beugnet F, Moreau Y. 2015.*** Babesiosis. Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics) 34 (2): 627-639. doi: 10.20506/rst.34.2.2385
9. ***Bock RE, de Vos AJ, Kingston TG, McLellan DJ. 1997.*** Effect of breed of cattle on innate resistance to infection with *Babesia bovis*, *B. bigemina* and *Anaplasma marginale*. Australian Veterinary Journal 75 (5): 337-340. doi: 10.1111/j.1751-0813.1997.tb15706.x
10. ***Bolaños I, Hernandez D, Álvarez L. 2017.*** Asociación de los alelos del gen BoLA-DRB3 con la infección natural de *Babesia* spp en el ganado criollo Hartón del Valle. Archivos de Zootecnia 66 (253): 113-120. doi: 10.21071/az.v66i253.2133
11. ***Bourgon SL, Diel de Amorim M, Miller SP, Montanholi YR. 2017.*** Associations of blood parameters with age, feed efficiency and sampling routine in young beef bulls. Livestock Science 195: 27-37. doi: 10.1016/j.livsci.2016.11.003
12. ***Brito LG, Rocha RB, Barbieri FdaS, Ribeiro ES, Vendrami FB, Souza GC, Giglioti R, Regitano LC, Falcoski TO, Tizioto PC, Oliveira MC. 2013.*** *Babesia bovis* infection in cattle in the southwestern Brazilian Amazon. Ticks and Tick-borne Diseases 4 (1-2): 78–82. doi: 10.1016/j.ttbdis.2012.08.001
13. ***Chávez-Larrea MA, Cholota-Iza C, Medina-Naranjo V, Yugcha-Díaz M, Ron-Román J, Martin-Solano S, Gómez-Mendoza G, Saegerman C, Reyna-Bello A. 2021.*** Detection of *Babesia* spp. in high altitude cattle in Ecuador, possible evidence of the adaptation of vectors and diseases to new climatic conditions. Pathogens 10 (12): 1593. doi: 10.3390/pathogens10121593
14. ***Cora JF, Lloberas MM, Llada IM, Odriozola ER, Cantón G. 2021.*** Anaplasmosis bovina en provincia de Buenos Aires durante 2015. Revista de Investigaciones Agropecuarias 47 (1): 98-103.
15. ***Cordero del Campillo M, Rojo Vázquez FA. 1999.*** Parasitología veterinaria. 1ª ed. Madrid: McGraw-Hill Interamericana. 968 p.
16. ***Criado-Fornelio A, Martinez-Marcos A, Buling-Saraña A, Barba-Carretero JC. 2003.*** Molecular studies on *Babesia*, *Theileria* and *Hepatozoon* in southern Europe. Part I. Epizootiological aspects. Vet Parasitol 113 (3-4): 189-201. doi: 10.1016/s0304-4017(03)00078-5

17. ***Cuy-Chaparro L, Ricaurte-Contreras LA, Camargo-Mancipe AJ, Moreno-Pérez DA. 2019.*** *Babesia bovis*: Actualidad del desarrollo de una vacuna. Revista Investig Salud Univ Boyacá 6 (2): 182-199. doi: 10.24267/23897325.349

18. ***Diakité M, Sacko B, Sery A, Bengaly S. 2023.*** Prevalence of *Babesia bovis* and *Babesia bigemina* in Mali. World journal of Biology Pharmacy and Health Sciences 16 (2): 83-87. doi: 10.30574/wjbphs.2023.16.2.0453

19. ***Espinosa-Muñoz DY, López-López L, Ríos-Osorio LA, Gutiérrez LA. 2022.*** Detection of *Babesia* and the associated factors in cattle and humans from Magdalena Medio region, Colombia. Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases 90-91: 101900. doi: 10.1016/j.cimid.2022.101900

20. ***Fanelli A. 2021.*** A historical review of *Babesia* spp. associated with deer in Europe: *Babesia divergens*/*Babesia divergens*-like, *Babesia capreoli*, *Babesia venatorum*, *Babesia* cf. *odocoilei*. Veterinary Parasitology 294: 109433. doi: 109433. 10.1016/j.vetpar.2021.109433

21. ***Ferreira GCM, Canozzi MEA, Peripolli V, Moura GP, Sánchez J, Martins CEN. 2022.*** Prevalence of bovine *Babesia* spp., *Anaplasma marginale*, and their co-infections in Latin America: Systematic review-meta-analysis. Ticks Tick Borne Dis 13 (4): 101967. doi: 10.1016/j.ttbdis.2022.101967

22. ***Fesseha H, Mathewos M, Eshetu E, Tefera B. 2022***. Babesiosis in cattle and ixodid tick distribution in Dasenech and Salamago Districts, southern Ethiopia. Scientific Reports 12 (1): 6385. doi: 10.1038/s41598-022-10416-4

23. ***Flores DA, Rodriguez AE, Tomazic ML, Torioni de Echaide S, Echaide I, Zamorano P, Langellotti C, Araujo FR, Rolls P, Schnittger L, Florin-Christensen M. 2020.*** Characterization of GASA-1, a new vaccine candidate antigen of *Babesia bovis*. Veterinary Parasitology 287, 109275. doi: 10.1016/j.vetpar.2020.109275

24. ***Florin-Christensen M, Suarez CE, Rodriguez AE, Flores DA, Schnittger L. 2014.*** Vaccines against bovine babesiosis: where we are now and possible roads ahead. Parasitology 28: 1–30. doi: 10.1017/s0031182014000961

25. ***Gallego-Lopez GM, Cooke BM, Suarez CE. 2019.*** Interplay between attenuation- and virulence-factors of *Babesia bovis* and their contribution to the establishment of persistent infections in cattle. Pathogens 8 (3): 97. doi: 10.3390/pathogens8030097

26. ***Ganzinelli S, Rodriguez A, Schnittger L, Florin-Christensen M. 2018.*** *Babesia* in domestic ruminants. En: Florin-Christensen M, Schnittger L, eds. Parasitic protozoa

of farm animals and pets. 1ª ed. Cham: Springer. p 215-239. doi: 10.1007/978-3-319-70132-5_9

27. ***Ganzinelli S, Benitez D, Gantuya S, Guswanto A, Florin-Christensen M, Schnittger L, Igarashi I. 2019.*** Highly sensitive nested PCR and rapid immunochromatographic detection of *Babesia bovis* and *Babesia bigemina* infection in a cattle herd with acute clinical and fatal cases in Argentina. Transbound Emerg Dis 67 (2): 159-164. doi: 10.1111/tbed.13435
28. ***Giglioti R, Nunes H, Guaratini AM, Barban T, Athiê T, Santana CH, Dias M, Zacarias R, De Souza AC, De Sena MC. 2017.*** Neither quantification by qPCR nor quantitative Elisa can be used to discriminate Angus cattle for resistance/susceptibility to *Babesia bovis*. Ticks and Tick-borne Diseases 8 (3): 335-340. doi: 10.1016/j.ttbdis.2016.11.008
29. ***Giglioti R, De Oliveira HN, Okino CH, De Sena Oliveira MC. 2018.*** qPCR estimates of *Babesia bovis* and *Babesia bigemina* infection levels in beef cattle and *Rhipicephalus microplus* larvae. Exp Appl Acarol 75 (2): 235–240. doi: 10.1007/s10493-018-0260-0
30. ***Gimenez G, Belaunzarán ML, Poncini CV, Blanco FC, Echaide I, Zamorano PI, Lammel EM, González Cappa SM, Isola EL. 2013.*** *Babesia bovis*: lipids from virulent S2P and attenuated R1A strains trigger differential signalling and inflammatory responses in bovine macrophages. Parasitology 140 (4): 530–540. doi: 10.1017/s003118201200193x
31. ***Gohil S, Kats LM, Sturm A, Cooke BM. 2010.*** Recent insights into alteration of red blood cells by *Babesia bovis*: moovin' forward. Trends in Parasitology 26 (12): 591-599. doi: 10.1016/j.pt.2010.06.012
32. ***Gohil S, Herrmann S, Günther S, Cooke BM. 2013.*** Bovine babesiosis in the 21st century: advances in biology and functional genomics. International Journal for Parasitology 43 (2): 125–132. doi: 10.1016/j.ijpara.2012.09.008
33. ***He L, Bastos RG, Yu L, Laughery JM, Suarez CE. 2022.*** Lactate dehydrogenase as a potential therapeutic drug target to control *Babesia bigemina*. Frontiers in Cellular and Infection Microbiology 12: 870852. doi: 10.3389/fcimb.2022.870852
34. ***Henker LC, Lorenzett MP, Fagundes-Moreira R, Dalto AGC, Sonne L, Driemeier D, Soares JF, Pavarini SP. 2020.*** Bovine abortion, stillbirth and neonatal death

associated with *Babesia bovis* and *Anaplasma* sp. infections in southern Brazil. Ticks Tick Borne Dis 11 (4): 101443. doi: 10.1016/j.ttbdis.2020.101443

35. ***Huang Y, He L, Hu J, He P, He J, Yu L, Malobi N, Zhou Y, Shen B, Zhao, J. 2015.*** Characterization and annotation of *Babesia orientalis* apicoplast genome. Parasites & Vectors 8: 543. doi: 10.1186/s13071-015-1158-x
36. ***Ibrahim HM, Galon EMS, Tumwebaze MA, Byamukama B, Liu M, Mohammed-Geba K, Sheir SK, Galal-Khallaf A, Latif HMA E, Morsi DS, Bishr NM, Xuan X. 2021.*** Serological survey of *Babesia bigemina* and *Babesia bovis* in cattle and water buffaloes from Menoufia province, Egypt. Acta Parasitológica 66 (4): 1458–1465. doi: 10.1007/s11686-021-00338-y
37. ***[INEI] Instituto Nacional de Estadística e Informática. 2018.*** Loreto: Resultados definitivos. [Internet], [10 de agosto de 2024]. Disponible en: https://www.inei.gob.pe/media/MenuRecursivo/publicaciones_digitales/Est/Lib1561/16TOMO_01.pdf
38. ***Jacob SS, Sengupta PP, Paramanandham K, Suresh KP, Chamuah JK, Rudramurthy GR, Roy P. 2020.*** Bovine babesiosis: an insight into the global perspective on the disease distribution by systematic review and meta-analysis. Veterinary Parasitology 283:109136. doi: 10.1016/j.vetpar.2020.109136
39. ***Jaillita DD. 2015.*** Prevalencia de babesiosis bovina en los distritos de Candarave, Quilahuani y Cairani del departamento de Tacna. Tesis de Médico Veterinario. Tacna: Univ. Nac. Jorge Basadre Grohmann.
40. ***Jaimes-Dueñez J, Triana-Chávez O, Mejía-Jaramillo AM. 2017.*** Parasitological and molecular surveys reveal high rates of infection with vector-borne pathogens and clinical anemia signs associated with infection in cattle from two important livestock areas in Colombia. Ticks and Tick-borne Diseases 8 (2): 290-299. doi: 10.1016/j.ttbdis.2016.12.002
41. ***Jaimes-Dueñez J, Triana-Chávez O, Holguín-Rocha A, Tobon-Castaño A, Mejía-Jaramillo AM. 2018.*** Molecular surveillance and phylogenetic traits of *Babesia bigemina* and *Babesia bovis* in cattle (*Bos taurus*) and water buffaloes (*Bubalus bubalis*). Colombia. Parasit Vectors 11: 510. doi: 10.1186/s13071-018-3091-2
42. ***Jalovecka M, Sojka D, Ascencio M, Schnittger L. 2019***. *Babesia* Life Cycle – When Phylogeny Meets Biology. Trends in Parasitology 35 (5): 356-368. doi: 10.1016/j.pt.2019.01.007

43. ***Jerzak m, Gandurski A, Tokaj M, Stachera W, Szuba M, Dybicz M. 2023.*** Advances in *Babesia* vaccine development: an overview. Pathogens 12 (2): 300. doi: 10.3390/pathogens12020300

44. ***Jirapattharasate C, Adjou Moumouni PF, Cao S, Iguchi A, Liu M, Wang G, Zhou M, Vudriko P, Efstratiou A, Changbunjong T, Sungpradit S, Ratanakorn P, Moonarmart W, Sedwisai P, Weluwanarak T, Wongsawang W, Suzuki H, Xuan X. 2017.*** Molecular detection and genetic diversity of bovine *Babesia* spp., *Theileria orientalis*, and *Anaplasma marginale* in beef cattle in Thailand. Parasitology Research 116 (2): 751–762. doi: 10.1007/s00436-016-5345-2

45. ***Kumar B, Maharana BR, Thakre B, Brahmbhatt NN, Joseph JP. 2022.*** 18S rRNA gene-based piroplasmid PCR: an assay for rapid and precise molecular screening of *Theileria* and *Babesia* species in animals. Acta Parasitológica 67 (4): 1697-1707. doi: 10.1007/s11686-022-00625-2

46. ***Martínez-García G, Santamaría-Espinosa RM, Lira-Amaya JJ, Figueroa JV. 2021.*** Challenges in tick-borne pathogen detection: the case for *Babesia* spp. identification in the tick vector. Pathogens 10 (2): 92. doi: 10.3390/pathogens10020092

47. ***Masih A, Rafique A, Jabeen F, Naz S. 2021.*** Molecular epidemiology of bovine babesiosis in Punjab, Pakistan. Acta Scientiae Veterinariae 49. doi: 10.22456/1679-9216.111565

48. ***Masterson HE, Taus NS, Johnson WC, Kappmeyer L, Capelli-Peixoto J, Hussein HE, Mousel MR, Hernandez-Silva DJ, Laughery JM, Mosqueda J, Ueti MW. 2022.*** Thrombospondin-Related Anonymous Protein (TRAP) family expression by *Babesia bovis* life stages within the mammalian host and tick vector. Microorganisms 10 (11): 2173. doi: 10.3390/microorganisms10112173

49. ***Morel N, Mastropaolo M, de Echaide ST, Signorini ML, Mangold AJ. 2019.*** Risks of cattle babesiosis (*Babesia bovis*) outbreaks in a semi-arid region of Argentina. Preventive Veterinary Medicine 170: 104747. doi: 10.1016/j.prevetmed.2019.104747

50. ***Muñoz T. 2017.*** Babesiosis bovina (*Babesia bovis* y *Babesia bigemina*), una enfermedad hematozoárica de importancia económica en el mundo. Centro de Biotecnología 5 (1).

51. ***Niu Q, Liu Z, Yu P, Yang J, Abdallah MO, Guan G, Liu G, Luo J, Yin H. 2015.*** Genetic characterization and molecular survey of *Babesia bovis*, *Babesia bigemina*

and *Babesia ovata* in cattle, dairy cattle and yaks in China. Parasites Vectors 8: 518. doi: 10.1186/s13071-015-1110-0

52. ***Ogata S, Pereira JAC, Jhonny LVA, Carolina HPG, Matsuno K, Orba Y, Sawa H, Kawamori, F, Nonaka N, Nakao R. 2021.*** Molecular survey of *Babesia* and *Anaplasma* infection in cattle in Bolivia. Veterinary Sciences 8 (9): 188. doi: 10.3390/vetsci8090188

53. ***Ore AH. 2022.*** Determinación de la prevalencia de babesiosis en bovinos de la raza Brown Swiss en el sector El Castañal del distrito de Tambopata – Madre de Dios – 2019. Tesis de Médico Veterinario. Puerto Maldonado: Univ. Nac. Amazónica de Madre de Dios. 67 p.

54. ***Otranto D, Wall R. 2024.*** Veterinary protozoology. En: Otranto D, Wall R, eds. Veterinary Parasitology. 5ª ed. New Jersey: Wiley-Blackwell. p 138–215.

55. ***Ozubek S, Bastos RG, Alzan HF, Inci A, Aktas M, Suarez CE. 2020.*** Bovine babesiosis in Turkey: Impact, current gaps, and opportunities for intervention. Pathogens (Basel, Switzerland) 9 (12): 1041. doi: 10.3390/pathogens9121041

56. ***Parodi P, Corbellini LG, Leotti VB, Rivero R, Miraballes C, Riet-Correa F, Venzal JM, Armúa-Fernández MT. 2021.*** Validation of a multiplex PCR assay to detect *Babesia* spp. and *Anaplasma marginale* in cattle in Uruguay in the absence of a gold standard test. J Vet Diagn Invest 33 (1): 73-79. doi: 10.1177/1040638720975742

57. ***Penzhorn BL, Harrison-White RF, Stoltsz WH. 2020.*** Completing the cycle: *Haemaphysalis elliptica*, the vector of *Babesia rossi*, is the most prevalent tick infesting black-backed jackals (*Canis mesomelas*), an indigenous reservoir host of *B. rossi* in South Africa. Ticks and Tick-borne Diseases 11 (2): 101325. doi: 10.1016/j.ttbdis.2019.101325

58. ***Pinazo MJ, Aldasoro E, Calvo-Cano A, Picado A, Muñoz J, Gascon J. 2017.*** Blood and tissue protozoa. En: Cohen J, Opal SM, Powder WG, eds. Infectious Diseases. 4ª ed. Amsterdam: Elsevier. p 1751-1762.

59. ***Pupin RC, Guizelini CC, Lemos RAA, Martins TB, Borges FA, Borges DGL, Gomes DC. 2019.*** Retrospective study of epidemiological, clinical and pathological findings of bovine babesiosis in Mato Grosso do Sul, Brazil (1995 -2017). Ticks and Tick-borne Diseases 10 (1): 36–42. doi: 10.1016/j.ttbdis.2018.08.015

60. ***Rahal NM, Luz GB, Martins KR, Gasperin BG, Feijó JO, Dalto AGC, Rovani MT, Cunha RC, Corrêa MN. 2023.*** Association between chronic *Anaplasma marginale* and *Babesia* spp. infection and hematological parameters of taurine heifers. Rev Bras Parasitol Vet 32 (3): e006423. doi: 10.1590/S1984-29612023052

61. ***Reategui-Valles MO, López-Flores AM. 2023.*** Prevalencia de babesiosis bovina en el distrito de Cuñumbuqui, Perú. Revista de Veterinaria y Zootecnia Amazónica 3 (2). doi: 10.51252/revza.v3i2.560

62. ***Redekar N, Wang X, Neves L, Brooks S, Lack J, Leisewitz A, Ackerman H. 2025.*** Genome assembly and annotation of *Babesia rossi*, a protozoan parasite for canine babesiosis. BMC Genomics 26 (1): 579. doi: 10.1186/s12864-025-11495-z

63. ***Rimal S, Sah RK, Shakya S, Acharya MM, El-Dakhly KM. 2025.*** Bovine babesiosis: a clinical review. Mathews J Vet Sci 9 (5): 81. doi: 10.30654/MJVS.10081

64. ***Ríos S, Ríos L. 2011.*** Principales marcadores moleculares utilizados para la identificación de *Babesia bovis* y *Babesia bigemina*. Revista MVZ Córdoba 16 (2): 2470-2483. doi: 10.21897/rmvz.1006

65. ***Rodríguez M. 1994.*** Crecimiento urbano de Iquitos. Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP) [Internet], [10 diciembre 2025]. Disponible en: http://www.iiap.org.pe/upload/publicacion/st008.pdf

66. ***Rojas CES, Sivakumar T, Mumbi NNM, Ahedor B, Valinotti MFR, Acosta TJ, Yokoyama N. 2025.*** Molecular epidemiological survey of *Babesia* species infecting cattle in Paraguay. Vet Parasitol Reg Stud Reports 57: 101162. doi: 10.1016/j.vprsr.2024.101162

67. ***Romero-Salas D, Mira A, Mosqueda J, García-Vázquez Z, Hidalgo-Ruiz M, Vela NA, De León AA, Florin-Christensen M, Schnittger L. 2016.*** Molecular and serological detection of *Babesia bovis* -and *Babesia bigemina*- infection in bovines and water buffaloes raised jointly in an endemic field. Veterinary Parasitology 217: 101–107. doi: 10.1016/j.vetpar.2015.12.030

68. ***Saborío JE. 2019.*** Monitoreo clínico de bovinos esplenectomizados e infectados experimentalmente con *Babesia bovis* y *Babesia bigemina*. Tesis de Médico Veterinario y Zootecnista. Amecameca de Juárez: Univ. Autónoma del Estado de México. 79 p.

69. ***Sachman-Ruiz B, Lozano L, Lira JJ, Martínez G, Rojas C, Álvarez JA, Figueroa J. V. 2021.*** A comparative genomic study of attenuated and virulent strains of *Babesia*

bigemina. Pathogens (Basel, Switzerland) 10 (3): 318. doi: 10.3390/pathogens10030318

70. ***Schnittger L, Rodriguez AE, Florin-Christensen M, Morrison DA. 2012.*** *Babesia*: A world emerging. Infection, Genetics and Evolution 12 (8): 1788-1809. doi: 10.1016/j.meegid.2012.07.004

71. ***Silva MG, Knowles DP, Mazuz ML, Cooke BM, Suarez CE. 2018.*** Stable transformation of *Babesia bigemina* and *Babesia bovis* using a single transfection plasmid. Scientific Reports 8 (1): 6096. doi: 10.1038/s41598-018-23010-4

72. ***Simas PVM, Bassetto CC, Giglioti R, Okino CH, De Oliveira HN, De Sena Oliveira MC. 2020***. Use of molecular markers can help to understand the genetic diversity of *Babesia bovis*. Infection, Genetics and Evolution 79: 104161. doi: 10.1016/j.meegid.2019.104161

73. ***Sivakumar T, Igarashi I, Yokoyama N. 2016.*** *Babesia ovata*: taxonomy, phylogeny and epidemiology. Vet Parasitol 229: 99-106. doi: 10.1016/j.vetpar.2016.10.006

74. ***Sivakumar T, Tuvshintulga B, Zhyldyz A, Kothalawala H, Yapa PR, Kanagaratnam R, Vimalakumar SC, Abeysekera TS, Weerasingha AS, Yamagishi J, Igarashi I, Silva SSP, Yokoyama N. 2018.*** Genetic analysis of *Babesia* isolates from cattle with clinical babesiosis in Sri Lanka. J Clin Microbiol 56: e00895-18. doi: 10.1128/JCM.00895-18

75. ***Tuvshintulga B, Guswanto A, Nugraha AB, Sivakumar T, Umemiya-Shirafuji R, Yokoyama N. 2023.*** Disruption of a DNA fragment that encodes the microneme adhesive repeat domain-containing region of the BBOV_III011730 does not affect the blood stage growth of *Babesia bovis* in vitro. Molecular and biochemical parasitology 255: 111576. doi: 10.1016/j.molbiopara.2023.111576

76. ***Vieira L L, Canever MF, Cardozo LL, Cardoso CP, Herkenhoff ME, Neto AT, Vogel CIG, Miletti LC. 2019.*** Prevalence of *Anaplasma marginale*, *Babesia bovis*, and *Babesia bigemina* in cattle in the Campos de Lages region, Santa Catarina state, Brazil, estimated by multiplex-PCR. Parasite Epidemiology and Control 6: e00114. doi: 10.1016/j.parepi.2019.e00114

77. ***Wodaje A, Adudna B, Hamid M. 2019.*** A review on bovine babesiosis. International Journal of Advanced Research in Biological Sciences 6 (1): 63-70. doi: 10.22192/ijarbs

78. ***Xu J, Gu X-L, Jiang Z-Z, Cao X-Q, Wang R, Peng Q-M. 2023.*** Pathogenic *Rickettsia*, *Anaplasma*, and *Ehrlichia* in *Rhipicephalus microplus* ticks collected from cattle and laboratory hatched tick larvae. PLoS Negl Trop Dis 17 (8): e0011546. doi: 10.1371/journal.pntd.0011546

79. ***Young KM, Corrin T, Wilhelm B, Uhland C, Greig J, Mascarenhas M, Waddell LA. 2019.*** Zoonotic *Babesia*: A scoping review of the global evidence. PloS One 14 (12): e0226781. doi: 10.1371/journal.pone.0226781

80. ***Yousef SG, Sobhy NM, Gouda H, Emam MH. 2024.*** Sero epidemiological study on bovine babesiosis in cattle and buffaloes in Sharkia Governorate, Egypt. Open Vet J 14 (7): 1577-1584. doi: 10.5455/OVJ.2024.v14.i7.7

81. ***Yusuf JJ. 2017.*** Review on bovine babesiosis and its economical importance. J Vet Med Res 4 (5): 1090. doi: 10.47739/2378-931X/1090

82. ***Ziam H, Kernif T, Saidani K, Kelanemer R, Hammaz Z, Geysen D. 2020.*** Bovine piroplasmosis-anaplasmosis and clinical signs of tropical theileriosis in the plains of Djurdjura (north Algeria). Veterinary Medicine and Science 6 (4): 720-729. doi: 10.1002/vms3.305

VIII. ANEXOS

Anexo 1. Autorización ética emitida por el CEBA

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS
Comité de Ética y Bienestar Animal (CEBA)

Constancia de Autorización Ética N.° 2024-12

El Comité de Ética y de Bienestar Animal de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos, expide la presente **Constancia de Autorización Ética** con código CEBA 2024-12 al proyecto:"Frecuencia de *Babesia spp.* en bovinos beneficiados en el camal municipal de Punchana de la ciudad de Iquitos en Loreto, Perú." presentado por el investigador Adriana Joselyn Abarca García

Atentamente

UNMSM
Firmado digitalmente por MATURRANO HERNANDEZ Abelardo Lenin FAU 20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 17.07.2024 00:56:07 -05:00

Presidente del Comité de Etica y de Bienestar Animal