

## Detección de los genes *gltA*, *OmpA* y *OmpB* para la identificación de *Rickettsia* en garrapatas de animales

### Detection of the *gltA*, *OmpA*, and *OmpB* genes for the identification of *Rickettsia* in animal ticks

Bonilla-Espinoza J. L.<sup>1</sup>, Hernández-Salgado L. V.<sup>1</sup>, Salazar-Antón L. F.<sup>2</sup>.

 Bonilla-Espinoza J. L.  
jbonillavet@ev.unanleon.edu.ni

 Hernández-Salgado L. V.  
ligiavhs@ev.unanleon.edu.ni

 Salazar-Antón L. F.  
fernando.salazar@cm.unanleon.edu.ni

\*Autor de correspondencia: [jbonillavet@ev.unanleon.edu.ni](mailto:jbonillavet@ev.unanleon.edu.ni)

<sup>1</sup> Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua – León, Nicaragua,  
Área de Conocimiento de Ciencias Agrarias y Veterinaria.

<sup>2</sup> Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua –León, Nicaragua,  
Departamento de Investigación.

#### Universitas (León)

Universitas (León) Revista científica de la Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua, León.

ISSN-e: 2311-6072

Periodicidad: Semestral

vol.17, núm.2, 2025

[luis.blanco@cm.unanleon.edu.ni](mailto:luis.blanco@cm.unanleon.edu.ni)

Recepción: 18 de Diciembre 2025

Aprobación: 18 de Marzo 2026

URL: <https://revistas.unanleon.edu.ni/index.php/revistauniversita/article/view/1237>

DOI: <https://doi.org/10.5377/ul.v17i2.22360>

Copyright © 2025 Revista Universitas (León): Revista Científica de la UNAN León. Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua León. (UNAN-León). Dirección Académica. Departamento de Investigación. Unidad de Publicaciones y Eventos Científicos.



Esta obra está bajo una licencia internacional  
[Creative Commons Atribución No Comercial Compartir Igual 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

#### Resumen:

Las *Rickettsias* son bacterias Gram negativas intracelulares obligadas, transmitidas por la picadura de garrapatas. El género *Rickettsia* está subdividido en cuatro grupos: el grupo typhus, el grupo de la fiebre manchada, el grupo transicional, y el grupo ancestral. El objetivo del estudio fue detectar los genes *gltA*, *ompA* y *ompB* para la identificación de *Rickettsia* en garrapatas de animales. Un total de 1250 garrapatas fueron colectadas de bovinos, equinos y caninos. Las garrapatas fueron clasificadas taxonómicamente, se extrajo el ADN y luego se realizó un PCR anidado para la identificación de los genes *gltA*, *ompA* y *ompB* de *Rickettsia*. Se identificaron cuatro especies de garrapatas y 209 resultaron positivas a *Rickettsias*. Para *Rhipicephalus microplus*, en bovinos 21 amplificaron para el gen *gltA*, 19 a *OmpA* y 9 para *OmpB*, en equinos 6 amplificaron para *gltA*, 5 a *OmpA* y 3 a *OmpB*; para *Amblyomma mixtum*, 17 bovinos amplificaron al gen *gltA*, 16 a *OmpA* y 13 a *OmpB*, en equinos 4 amplificaron para *gltA*, 3 a *OmpA* y 2 a *OmpB* y en caninos 1 amplificó para los genes *gltA*, *OmpA* y *OmpB*; para *Dermacentor nitens*, 2 bovinos amplificaron para el gen *gltA*, 3 a *OmpA* y 2 a *OmpB*, en equinos 23 amplificaron para el gen *gltA*, 26 a *OmpA* y 22 a *OmpB*; para *Rhipicephalus sanguineus*, en caninos, 4 amplificaron para el gen *gltA*, 4 a *OmpA* y 2 para *OmpB*. Se comprueba la presencia de *Rickettsia* en diferentes especies de garrapatas, parasitando a animales domésticos.

**Palabras claves:** PCR anidado, taxonomía, ADN, *Rickettsia*, Garrapata

#### Abstract:

*Rickettsiae* are obligate intracellular Gram-negative bacteria transmitted by tick bites. The genus *Rickettsia* is subdivided into four groups: the typhus group, the spotted fever group, the transitional group, and the ancestral group. The aim of this study was to detect the *gltA*, *OmpA*, and *OmpB* genes for *Rickettsia* identification in animal ticks. A total of 1250 ticks were collected from cattle, horses, and dogs. The ticks were taxonomically classified, DNA was extracted, and nested PCR was performed to identify the *gltA*, *OmpA*, and *OmpB* genes of *Rickettsia*. Four tick species were identified, and 209 tested positive for *Rickettsia*. For *Rhipicephalus microplus*, in cattle 21 amplified for the *gltA* gene, 19 for *OmpA* and 9 for *OmpB*, in horses 6 amplified for *gltA*, 5 for *OmpA* and 3 for *OmpB*; for *Amblyomma mixtum*, 17 cattle amplified the *gltA* gene, 16 for *OmpA* and 13 for *OmpB*, in horses 4 amplified for *gltA*, 3 for *OmpA* and 2 for *OmpB* and in dogs 1 amplified for the *gltA*, *OmpA* and *OmpB* genes; for *Dermacentor nitens*, 2 cattle amplified for the *gltA* gene, 3 for *OmpA* and 2 for *OmpB*, in horses 23 amplified for the *gltA* gene, 26 for *OmpA* and 22 for *OmpB*; For *Rhipicephalus sanguineus* in canines, 4 amplified the *gltA* gene, 4 the *OmpA* gene, and 2 the *OmpB* gene. The presence of *Rickettsia* was confirmed in different tick species parasitizing domestic animals.

**Keywords:** nested PCR, taxonomy, DNA, *Rickettsia*, Tick

## Introducción

Las *Rickettsias* pertenecen al filo *Proteobacteria*, clase *Alfaproteobacteria*, orden *Rickettsiales*, familia *Rickettsiaceae* y género *Rickettsia*, caracterizadas por ser bacterias Gram negativas, intracelulares obligadas (Dongyou, 2015) (Lopes et al., 2016); éstas bacterias pueden transmitirse por vectores artrópodos como garrapatas, pulgas, ácaros y piojos. Las *Rickettsias* pueden transmitirse a huéspedes vertebrados humanos y animales por la picadura de garrapatas, además, la bacteria puede multiplicarse y transmitirla a sus descendientes de forma transestadial y transovárica (Moreira-Soto et al., 2023).

Aunque los procedimientos de tinción y los cultivos in vitro han demostrado ser útiles para la detección de especies de *Rickettsia*, son cada vez más reemplazados por técnicas de amplificación de ácidos nucleicos que hacen posible el diagnóstico rápido, sensible y específico y el seguimiento epidemiológico de los brotes de rickettsiosis humana (Dongyou, 2015) (Chitanga et al., 2021). Según los análisis filogenéticos de algunos estudios, se ha propuesto una división en cinco grupos de *Rickettsia*: I grupo belli, II grupo canadensis, III grupo tifus y IV y V grupo fiebre machada (respectivamente II, filogenéticamente más antiguo, y I) (Rymaszewska et al., (2024).

En un estudio realizado por Fournier y colaboradores, sobre los criterios basados en la secuencia genética para la identificación de nuevos aislamientos de *Rickettsia* y descripción de *Rickettsia heilongjiangensis* sp. nov., menciona que la descripción más ampliamente aceptada de las especies bacterianas se basa en los resultados de la hibridación ADN-ADN y la descripción de las características fenotípicas, en una estrategia de clasificación polifásica. Sin embargo, cuando se aplica el umbral de relación ADN-ADN del 70 % a las *Rickettsias*, *R. rickettsii*, *R. conorii*, *R. sibirica* y *R. montanensis*, pertenecerían a la misma especie; por lo tanto, la clasificación de los miembros del género *Rickettsia* todavía se basa en el método de serotipificación de ratones desarrollado en 1978. Esta prueba detecta epítomos específicos de los antígenos proteicos de alta masa molecular expuestos en la superficie (rOmpA, rOmpB y proteínas de 120 kDa) de las *rickettsias*. Sin embargo, la inmunización de ratones no es altamente reproducible y requiere una gran cantidad de trabajo porque cada nuevo aislado debe compararse con todas las especies descritas previamente. Por lo tanto, deberían desarrollarse nuevos métodos taxonómicos para la clasificación de las *rickettsias* (Fournier et al., (2003).

Actualmente, se han descrito más de 890 especies de garrapatas, incluyendo aproximadamente 702 garrapatas duras (ixódidas) y 193 garrapatas blandas (argásidas). Las garrapatas duras incluyen especies de los géneros *Amblyomma*, *Dermacentor*, *Haemaphysalis*, *Hyalomma*, *Ixodes* y *Rhipicephalus* (Hoffman et al., 2023) (Charles et al., 2021) (Polsomboon Nelson et al., 2022). Por tanto, en la presente investigación se pretende realizar la detección de los genes *gltA*, *OmpA* y *OmpB*, para la identificación más precisa del género *Rickettsia* en animales domésticos.

## Materiales y métodos

Área de estudio en Nicaragua. El estudio se llevó a cabo en dieciocho comunidades del Municipio de León, ubicado al Occidente del país, tiene una superficie de 820.2 km<sup>2</sup>, se ubica entre las coordenadas 12° 26' 8" de latitud norte y 86° 52' 46" de longitud oeste, a una altitud de 86 m.s.n.m. El clima es tropical de sabana, caracterizado por ser cálido y seco durante la estación seca (noviembre a abril), con veranos calurosos y noches más frescas, cálido y lluvioso durante la estación húmeda (mayo a octubre), con lluvias vespertinas. La temperatura media anual ronda los 31°C, con una marcada diferencia entre la estación seca y la lluviosa, según la clasificación climática de Köppen-Geiger.

Población y tamaño de la muestra. Para la estimación del tamaño de muestra en animales domésticos (bovinos, equinos y caninos), se utilizó el programa WinEpiscope 2.0. El tamaño de la población fue obtenida por datos proporcionados por el IV Censo Nacional Agropecuario, (*Instituto Nacional de Información de Desarrollo - INIDE, s. f.*), y se calculó el tamaño de muestra para cada especie, así como la fracción de muestreo ajustada para cada una de las fincas distribuidas en las dieciocho comunidades del municipio de León. Se seleccionó un total de 250 animales, divididas entre 130 bovinos, 100 equinos y 20 caninos de forma aleatoria y proporcionalmente. En la siguiente (Tabla 1) se muestra la cantidad de animales muestreados por comunidad.

**Tabla 1.** Distribución de animales muestreados por comunidad y espe-

Comunidad	Bovino	Equino	Canino
Pablo Hernández	8	5	1
Abangasca	7	5	1
Tololar	5	4	1
Lechecuajo	10	8	2
Monte Redondo	5	5	1
Barzones	9	8	1
Obraje Sur	9	8	1
El Almendro	5	4	1
Chácara Seca	10	7	2
Boca de Cántaro	6	7	1
El Convento	4	4	1
Las Chacaras	8	5	1
El Chague	10	5	1
Hato Grande	6	5	1
Sagrado Corazón de Jesús	7	4	1
El Pastor	8	5	1
Salinas Grandes	6	5	1
Santa Elena	7	6	1
<b>TOTAL</b>	<b>130</b>	<b>100</b>	<b>20</b>

**Colección de garrapatas.** Se recolectaron cinco garrapatas de los animales domésticos objeto de estudio; para la extracción de las garrapatas en los animales, se utilizaron pinzas para extraer las garrapatas y alcohol al 90% para su desprendimiento. Las garrapatas fueron depositadas en tubos de 10 ml conteniendo alcohol al 90% para su conservación y traslado, debidamente rotulado con la ubicación y nombre de la explotación e identificación del animal. Las garrapatas fueron transportadas al Laboratorio de Microbiología del Área de Conocimiento de Ciencias Agrarias y Veterinaria, de la Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua - León (UNAN - León), para su análisis.

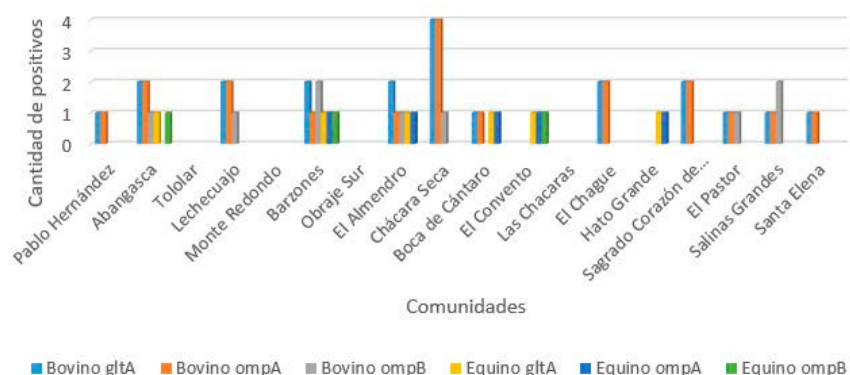
**Clasificación taxonómica.** Las garrapatas fueron identificadas utilizando un esteroscopio (Marca LW Scientific de 7X a 50X) en géneros y especies, mediante claves morfométricas propuestas por Fairchild y Barros-Batesti (Arzua et al., 2005), agrupadas por especie.

**Extracción del ADN.** Se utilizó el kit comercial Thermo Scientific GeneJet Plant Genomic DNA purification de 250 reacciones. Las garrapatas, previamente clasificadas, fueron seccionadas longitudinalmente, desde la base del capítulo hasta la placa subanal, con un bisturí estéril y fueron

colocadas en un microvial estéril de 1.5 ml para su procesamiento. Se utilizaron solventes orgánicos contenidos en el kit, para la obtención de material genético y luego fue purificado, obteniendo una extracción de 50 microlitros, el cual, fue almacenada a -20°C hasta su análisis.

**Amplificación por PCR de punto final.** Se realizó un primer PCR para la detección de *Rickettsia*, utilizando los cebadores C-S78 y C-S323, dirigidos a un fragmento de 401 pb del gen de la citrato sintasa (*gltA*). Se utilizaron las siguientes condiciones de ciclado de PCR: 95 °C durante 3 min, seguido de 40 ciclos de 95 °C durante 15 s, 55 °C durante 30 s, 72 °C durante 30 s y una extensión final a 72 °C durante 7 min (Labruna et al., 2004) (Ndip et al., 2004). Se realizó un segundo PCR (anidado), para la amplificación de los genes de proteína de membrana externa de *Rickettsia*, utilizando el cebador *OmpA* (532 pb) y un conjunto de cebadores anidados para el gen *OmpB* (≈420 pb-SFG). Para el cebador *OmpA*, se utilizaron las siguientes condiciones: 94 °C durante 5 min, seguido de 94 °C durante 30 s, 58 °C durante 1 min, 72 °C durante 2 min, durante 35 ciclos y una extensión final a 72 °C durante 5 min (Regnery et al., 1991). Las siguientes condiciones para la proteína de membrana externa de *OmpB*. Un paso inicial de desnaturalización a 95 °C durante 5 min, seguido de 35 ciclos de 95 °C durante 15 s, 54 °C durante 15 s y 72 °C durante 30 s, y una extensión final a 72 °C durante 3 min. El ciclo de PCR anidada fue de 95 °C durante 5 min, seguido de 35 ciclos de 95 °C durante 15 s, 56 °C durante 15 s y 72 °C durante 30 s, y una extensión final a 72 °C durante 3 min (Choi et al., 2005). Los ensayos de PCR se realizaron en un termociclador 2720 (Applied Biosystems) utilizando una mezcla maestra Master Mix (Taq Polimerasa, MgCl<sub>2</sub>, dNTP's, agua libre de nucleasa), 1 ng de ADN molde y 1 µl de cada uno de los pares de cebadores *gltA*, *OmpA* y *OmpB* externo (20 µM) en un volumen total de 25 µl. La mezcla de reacción de PCR anidada contenía 1 µl de 10 µM de los cebadores *OmpB* internos en un volumen de reacción de 25 µl. Los productos de PCR se separaron en un gel de agarosa al 1.5% junto con un marcador de ADN de referencia de 100 pb (Thermo Fisher Scientific) y se visualizaron con bromuro de etidio en un transiluminador UV. Los primeros utilizados se describen en la (Tabla 2) (Koka et al., 2017).

Posteriormente se realizó la amplificación para la detección de genes relacionados con *Rickettsia*, resultando 1045 garrapatas positivas distribuidas en las diferentes especies de animales; en el caso de *Rhipicephalus microplus* en bovinos, 21 amplificaron para el gen *gltA*, 19 a *OmpA* y 9 para *OmpB*, en equinos 6 amplificaron para *gltA*, 5 a *OmpA* y 3 a *OmpB*; para *Amblyomma mixtum*, 17 bovinos amplificaron al gen *gltA*, 16 a *OmpA* y 13 a *OmpB*, en equinos 4 amplificaron para *gltA*, 3 a *OmpA* y 2 a *OmpB* y en caninos 1 amplificó para los genes *gltA*, *OmpA* y *OmpB*; para *Dermacentor nitens*, 2 bovinos amplificaron para el gen *gltA*, 3 a *OmpA* y 2 a *OmpB*, en equinos 23 amplificaron para el gen *gltA*, 26 a *OmpA* y 22 a *OmpB*; para *Rhipicephalus sanguineus*, en caninos, 4 amplificaron para el gen *gltA*, 4 a *OmpA* y 2 para *OmpB*. En la (gráficas 1, 2, 3 y 4), se muestran las distribuciones de los genes de *Rickettsia* en las diferentes especies de garrapatas por comunidad.



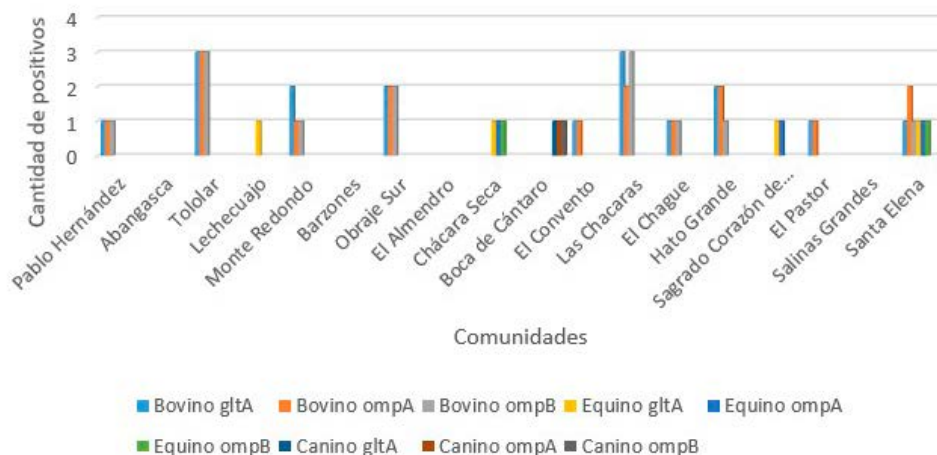
Gráfica 1. Genes de Rickettsia en Rhipicephalus microplus por comunidad

Tabla 2. Lista de los cebadores de PCR utilizados en el presente estudio

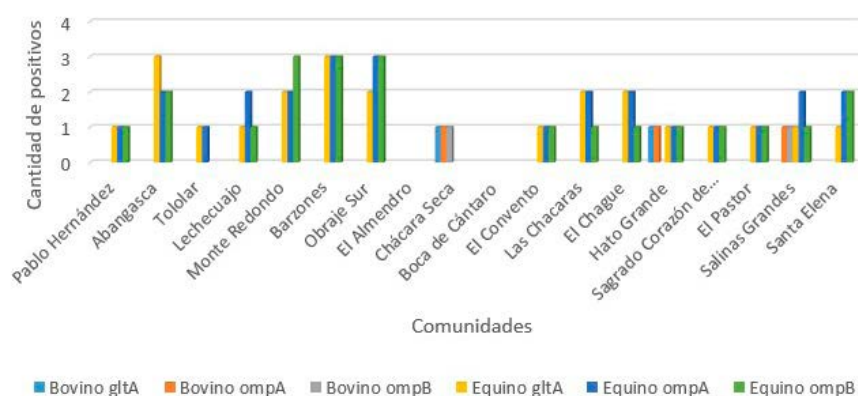
Microorganismo	Gen	Cebador	Secuencia	Long. (bp)	Referencia
<i>Rickettsia</i> sp	<i>gltA</i>	CS-78	GCAAGTATCG	401	(Labruna et al., 2004)
		CS-323	GTGAGGATGTAAT		
Grupo de la Fiebre Manchada	<i>OmpA</i>	Rr190.70p	ATGGCGAATATTTCTCCAAAA	532	(Roux & Raoult, 2000)
		Rr190.602n	AGTGCAGCATTCGCTCCCCCT		
<i>Rickettsia</i>					
<i>Rickettsia</i> sp	<i>OmpB</i>	<i>ompB</i> -OF	GTAACCGGAAGTAATCGTTTTCGTAA	511	(Choi et al., 2005)
	<i>ompB</i> -O		GCTTTATAACCAGCTAAACCACC		
	<i>ompB</i> SFG IF		GTTTAATACGTGCTGCTAACCAA	420	
	<i>ompB</i> SFG IR		GGTTTGGCCCATATACCATAAG		

## Resultados y discusión

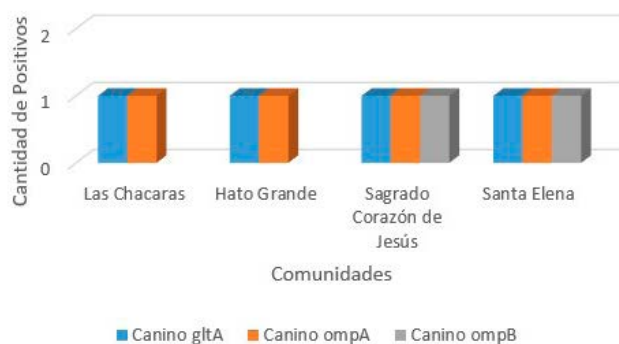
Se recolectaron cinco garrapatas por animal, distribuidos en 130 bovinos, 100 equinos y 20 caninos, para un total de 1250 garrapatas. Se identificaron tres especies de garrapatas, en bovinos, *Rhipicephalus microplus* 93/130 (71.5%), *Amblyomma mixtum* 29/130 (22.3%) y *Dermacentor nitens* 8/130 (6.2%), en equinos *Rhipicephalus microplus* 51/100 (51%), *Amblyomma mixtum* 5/100 (5%) y *Dermacentor nitens* 44/100 (44%), en caninos *Rhipicephalus sanguineus* 19/20 (95%) y *Amblyomma mixtum* 1/20 (5%).



Gráfica 2. Genes de Rickettsia en Amblyomma mixtum por comunidad



**Gráfica 3.** Genes de *Rickettsia* en *Dermacentor nitens* por comunidad



**Gráfica 4.** Genes de *Rickettsia* en *Rhipicephalus sanguineus* por comunidad

Se identificaron cuatro especies de garrapatas parasitando a diferentes especies de animales, a pesar de que el Municipio de León, presenta un clima cálido-seco, alcanzando temperaturas de 37°C en verano, propicio para el desarrollo del ciclo biológico de especies como *Rhipicephalus microplus*, en bovinos principalmente, seguidamente de equinos, se lograron identificar otras especies como *Amblyomma mixtum* y *Dermacentor nitens*, donde habitan en entornos naturales como pastizales, matorrales, zonas boscosas y bordes de campos, buscando la vegetación alta (hierba, hojas), para parasitar huéspedes, esto es debido a que en la mayoría de las comunidades existe este tipo de vegetación, además de la trashumancia de animales procedentes del norte del país, que posiblemente ya venían parasitados con garrapatas, así lo demuestran estudios como (Düttmann et al., 2016), donde realizó un estudio de la distribución de garrapatas en ganadería en varios departamentos del país, logrando identificar las mismas especies que reporta este estudio.

En las gráficas 1, 2, 3 y 4, se muestran los genes detectados para la identificación de *Rickettsias* por especie de garrapata y comunidad, *Rhipicephalus microplus*, 27 (21 en bovinos y 6 en equinos) muestras resultaron positivas al gen *gltA*, 24 (19 en bovinos y 5 en equinos) amplificaron para el gen *OmpA* y 12 (9 en bovinos y 3 en equinos) para el gen *OmpB*; *Amblyomma mixtum*, se detectaron 22 muestras positivas al gen *gltA* (17 en bovinos, 4 en equinos y 1 en canino), 20 (16 en bovinos, 3 en equinos y 1 en canino) resultaron positivas al gen *OmpA* y 16 (13 en bovinos, 2 en equinos y 1 en canino) al gen *OmpB*; *Dermacentor nitens*, 25 (2 en bovinos y 23 en equinos) muestras resultaron positivas al gen *gltA*, 29 (3 en bovinos y 26 en equinos) al gen *OmpA* y 24 (2 en bovinos y 22 en equinos) al gen *OmpB*; *Rhipicephalus sanguineus*, 4 muestras resultaron positivas al gen *gltA*, 4 al gen *OmpA* y 2 al gen *OmpB*, todas pertenecientes a la especie canina.

Se identifica una variabilidad en la distribución de los genes detectados por especie de garrapata y animal, esto se debe a que las garrapatas poseen predilección por un hospedador, aunque pueden albergar otras, como es el caso de los bovinos, donde la especie principal de garrapata es la *Rhipicephalus microplus*, para parasitar, en el caso *Amblyomma mixtum*, también puede parasitar a bovinos, aunque en menor medida; sin embargo, puede encontrarse en otras especies como equinos y caninos; en el caso de *Dermacentor nitens*, parasita principalmente a equinos, por lo que se encontró en mayor cantidad, en menor medida puede hacerlo en bovinos y para *Rhipicephalus sanguineus*, es el principal vector del perro, aunque se logró identificar otras especies en caninos, como ya se describió anteriormente; estudios realizados por (Koka et al., 2017), sobre la detección de genes de *Rickettsia*, del grupo de las fiebre manchada, donde analizaron 380 grupos de garrapatas, encontrando que el 25% resultaron positivos al gen *gltA*, 21 grupos de garrapatas (22,1 %) dieron positivo para el gen *OmpA* y 27 (28,4 %) para el gen *OmpB*, lo que concuerda con lo reportado en nuestro estudio. Otro estudio realizado por (Labruna & Mattar, 2023), en varios países de Latinoamérica y el Caribe, así como en España y Portugal, reportan la presencia de *Rickettsia* amplificando el gen *gltA* en países como Guatemala, Costa Rica y Panamá, identificada en la especie *Amblyomma cajennense* (actualmente *Amblyomma mixtum*). Estudios realizados por Springer A., sobre la detección de *Rickettsia monacensis* y *Rickettsia amblyommatis* en garrapatas recolectadas de perros en Costa Rica y Nicaragua, recolectaron 680 garrapatas de perros de propietarios particulares en Nicaragua y Costa Rica, se analizaron 316 grupos de garrapatas para detectar la infección por *Rickettsia* mediante PCR cuantitativa en tiempo real dirigida al gen *gltA*; posteriormente, analizaron seis objetivos genómicos adicionales (ADNr 16S, *gltA*, *sca4*, *ompA*, *ompB* y el espaciador intergénico 23S-5S) para la determinación de la especie de *Rickettsia*, la especie de garrapata predominante fue *Rhipicephalus sanguineus sensu lato* (s.l.) (19,9% de los perros infestados en Costa Rica, 48,0% en Nicaragua), seguida de *Ixodes boliviensis* (3,1% en Costa Rica / ninguna en Nicaragua) y *Amblyomma ovale* (4,8% en Costa Rica, 0,9% en Nicaragua) (Springer et al., 2018); este estudio demuestra que hay mayor circulación de *Rhipicephalus sanguineus* en Nicaragua tal como se demostró en este estudio.

## Conclusiones

Se recolectaron cinco garrapatas por animal, distribuidos en 130 bovinos, 100 equinos y 20 caninos, para un total de 1250 garrapatas. Se identificaron cuatro especies de garrapatas, en bovinos, *Rhipicephalus microplus* 93/130 (71.5%), *Amblyomma mixtum* 29/130 (22.3%) y *Dermacentor nitens* 8/130 (6.2%), en equinos *Rhipicephalus microplus* 51/100 (51%), *Amblyomma cajennense* 5/100 (5%) y *Dermacentor nitens* 44/100 (44%), en caninos *Rhipicephalus sanguineus* 19/20 (95%) y *Amblyomma mixtum* 1/20 (5%). De la amplificación a los diferentes genes para la identificación de *Rickettsia*, 209 garrapatas resultaron positivas, en el caso de *Rhipicephalus microplus* en bovinos, 21 amplificaron para el gen *gltA*, 19 a *OmpA* y 9 para *OmpB*, en equinos 6 amplificaron para *gltA*, 5 a *OmpA* y 3 a *OmpB*; para *Amblyomma mixtum*, 17 bovinos amplificaron al gen *gltA*, 16 a *OmpA* y 13 a *OmpB*, en equinos 4 amplificaron para *gltA*, 3 a *OmpA* y 2 a *OmpB* y en caninos 1 amplificó para los genes *gltA*, *OmpA* y *OmpB*; para *Dermacentor nitens*, 2 bovinos amplificaron para el gen *gltA*, 3 a *OmpA* y 2 a *OmpB*, en equinos 23 amplificaron para el gen *gltA*, 26 a *OmpA* y 22 a *OmpB*; para *Rhipicephalus sanguineus*, en caninos, 4 amplificaron para el gen *gltA*, 4 a *OmpA* y 2 para *OmpB*.

## Declaraciones

**Fondos:** Este estudio no fue financiado.

**Conflicto de intereses:** Los autores no tienen intereses financieros o no financieros relevantes que revelar. No revelaron conflictos de intereses. Cumplimiento de estándares éticos: No se realizó ningún experimento con animales mayores o personas.

**Contribuciones de autores:** JLBE, LVHS Y LFSA, Redacción, análisis de datos, Borrador Original, Redacción, Revisión y Edición. JLBE y LVHS: Conceptualización, Metodología, toma de datos y Redacción de Borrador Original.

**Disponibilidad de datos:** Los conjuntos de datos están disponibles a través del autor correspondiente previa solicitud.

## Referencias Bibliográficas

- Arzua, M., Onofrio, V. C., & Barros-Battesti, D. M. (2005). Catalogue of the tick collection (Acari, Ixodida) of the Museu de História Natural Capão da Imbuia, Curitiba, Paraná, Brazil. *Revista Brasileira de Zoologia*, 22, 623-632. <https://doi.org/10.1590/S0101-81752005000300015>
- Charles, R. A., Bermúdez, S., Banović, P., Alvarez, D. O., Díaz-Sánchez, A. A., Corona-González, B., Etter, E. M. C., Rodríguez González, I., Ghafar, A., Jabbar, A., Moutailler, S., & Cabezas-Cruz, A. (2021). Ticks and Tick-Borne Diseases in Central America and the Caribbean: A One Health Perspective. *Pathogens*, 10(10), 1273. <https://doi.org/10.3390/pathogens10101273>
- Chitanga, S., Chibesa, K., Sichibalo, K., Mubemba, B., Nalubamba, K. S., Muleya, W., Changula, K., & Simulundu, E. (2021). Molecular Detection and Characterization of Rickettsia Species in Ixodid Ticks Collected From Cattle in Southern Zambia. *Frontiers in Veterinary Science*, 8. <https://doi.org/10.3389/fvets.2021.684487>
- Choi, Y.-J., Jang, W.-J., Kim, J.-H., Ryu, J.-S., Lee, S.-H., Park, K.-H., Paik, H.-S., Koh, Y.-S., Choi, M.-S., & Kim, I.-S. (2005). Spotted fever group and typhus group rickettsioses in humans, South Korea. *Emerging Infectious Diseases*, 11(2), 237-244. <https://doi.org/10.3201/eid1102.040603>
- Dongyou, L. (2015). Rickettsia. En *Molecular Medical Microbiology* (Second edition, pp. 2043-2056). Academic Press. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-397169-2.00111-6>
- Düttmann, C., Flores, B., Kadoch Z, N., & Bermúdez C, S. (2016). Hard ticks (Acari: Ixodidae) of livestock in Nicaragua, with notes about distribution. *Experimental and Applied Acarology*, 70(1), 125-135. <https://doi.org/10.1007/s10493-016-0059-9>
- Fournier, P.-E., Dumler, J. S., Greub, G., Zhang, J., Wu, Y., & Raoult, D. (2003). Gene Sequence-Based Criteria for Identification of New Rickettsia Isolates and Description of Rickettsia heilongjiangensis sp. Nov. *Journal of Clinical Microbiology*, 41(12), 5456-5465. <https://doi.org/10.1128/jcm.41.12.5456-5465.2003>
- Hoffman, T., Olsen, B., & Lundkvist, Å. (2023). The Biological and Ecological Features of Northbound Migratory Birds, Ticks, and Tick-Borne Microorganisms in the African–Western Palearctic. *Microorganisms*, 11(1), 158. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11010158>
- Instituto Nacional de Información de Desarrollo—INIDE. (s. f.). Recuperado 28 de abril de 2026, de <https://www.inide.gob.ni/Home/dataBasesCENAGRO>
- Koka, H., Sang, R., Kutima, H. L., & Musila, L. (2017). The Detection of Spotted Fever Group Rickettsia DNA in Tick Samples From Pastoral Communities in Kenya. *Journal of Medical Entomology*, 54(3), 774-780. <https://doi.org/10.1093/jme/tjw238>
- Labruna, M. B., & Mattar V, S. (2023, junio 7). Rickettsioses in Latin America, Caribbean, Spain and Portugal | *Revista MVZ Córdoba*. Revista MVZ Córdoba. <https://revistamvz.unicordoba.edu.co/article/view/282>
- Labruna, M. B., Whitworth, T., Horta, M. C., Bouyer, D. H., McBride, J. W., Pinter, A., Popov, V., Gennari, S. M., & Walker, D. H. (2004). Rickettsia species infecting Amblyomma cooperi ticks from an area in the state of São Paulo, Brazil, where Brazilian spotted fever is endemic. *Journal of Clinical Microbiology*, 42(1), 90-98. <https://doi.org/10.1128/JCM.42.1.90-98.2004>
- Lopes, M. G., Junior, J. M., Foster, R. J., Harmsen, B. J., Sanchez, E., Martins, T. F., Quigley, H., Marcili, A., & Labruna, M. B. (2016). Ticks and rickettsiae from wildlife in Belize, Central America. *Parasites & Vectors*, 9(1), 62. <https://doi.org/10.1186/s13071-016-1348-1>
- Moreira-Soto, R. D., Moreira-Soto, A., Calderón-Arguedas, Ó., Jiménez, M., Corrales-Aguilar, E., & Troyo, A. (2023). Detection of Rickettsia spp. in ticks of wildlife fauna from Costa Rica: First report of Rickettsia rhipicephali in Central America. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 14(1), 102071. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2022.102071>
- Ndip, L. M., Fokam, E. B., Bouyer, D. H., Ndip, R. N., Titanji, V. P. K., Walker, D. H., & McBride, J. W. (2004). Detection of Rickettsia africae in patients and ticks along the coastal region of Cameroon. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 71(3), 363-366.
- Polsomboon Nelson, S., Bourke, B. P., Badr, R., Tarpey, J., Caicedo-Quiroga, L., Leiva, D., Pott, M., Cruz, A., Chao, C.-C., Achee, N. L., Grieco, J. P., Jiang, L., Jiang, J., Farris, C. M., & Linton, Y.-M. (2022). Ticks (Acari: Ixodidae) and Associated Pathogens Collected From Domestic Animals and Vegetation in Stann Creek District, Southeastern Belize, Central America. *Journal of Medical Entomology*, 59(5), 1749-1755. <https://doi.org/10.1093/jme/tjac112>
- Regnery, R. L., Spruill, C. L., & Plikaytis, B. D. (1991). Genotypic identification of rickettsiae and estimation of intraspecies sequence divergence for portions of two rickettsial genes. *Journal of Bacteriology*, 173(5), 1576-1589. <https://doi.org/10.1128/jb.173.5.1576-1589.1991>
- Roux, V., & Raoult, D. (2000). Phylogenetic analysis of members of the genus Rickettsia using the gene encoding the outer-membrane protein rOmpB (ompB). *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 50(4), 1449-1455. <https://doi.org/10.1099/00207713-50-4-1449>
- Rymaszewska, A., & Piotrowski, M. (2024). Rickettsia Species: Genetic Variability, Vectors, and Rickettsiosis—A Review. *Pathogens*, 13(8), 661. <https://doi.org/10.3390/pathogens13080661>
- Springer, A., Montenegro, V. M., Schicht, S., Wölfel, S., Schaper, S. R., Chitimia-Dobler, L., Siebert, S., & Strube, C. (2018). Detection of Rickettsia monacensis and Rickettsia amblyommatis in ticks collected from dogs in Costa Rica and Nicaragua. *Ticks and Tick-borne Diseases*, 9(6), 1565-1572. <https://doi.org/10.1016/j.ttbdis.2018.08.002>