



UNIVERSIDAD JUÁREZ AUTÓNOMA DE TABASCO

DIVISIÓN ACADÉMICA DE CIENCIAS AGROPECUARIAS



**IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE *Rickettsia felis* EN *Ctenocephalides felis*
COLECTADAS EN PERROS DOMICILIADOS DEL ESTADO DE TABASCO**

TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

LICENCIATURA EN MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

PRESENTA:

HÉCTOR ALFONSO HERNÁNDEZ SÁNCHEZ

BAJO LA DIRECCIÓN DE:

DR. OSWALDO MARGARITO TORRES CHABLÉ

EN CODIRECCIÓN DE:

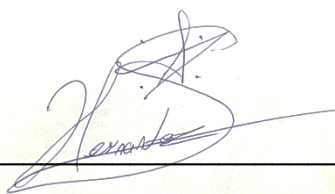
DRA. CLAUDIA VIRGINIA ZARAGOZA VERA

VILLAHERMOSA, TABASCO, MAYO DE 2025

Declaración de Autoría y Originalidad.

En la ciudad de Villahermosa, Tabasco, el día 8 del mes mayo del año 2025, el que suscribe Héctor Alfonso Hernández Sánchez alumno del Programa Educativo de Medicina Veterinaria y Zootecnia con número de matrícula 181C24052 adscrito a la División Académica de Ciencias Agropecuarias, de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, como autor de la Tesis presentada para la obtención del título y titulada Identificación molecular de *Rickettsia felis* en *Ctenocephalides felis* colectadas en perros domiciliados del estado de Tabasco, dirigida por el Dr. Oswaldo Margarito Torres Chablé y la Dra. Claudia Virginia Zaragoza Vera, DECLARO QUE: La Tesis es una obra original que no infringe los derechos de propiedad intelectual ni los derechos de propiedad industrial u otros, de acuerdo con el ordenamiento jurídico vigente, en particular, la LEY FEDERAL DEL DERECHO DE AUTOR (Decreto por el que se reforman y adicionan diversas disposiciones de la Ley Federal del Derecho de Autor del 01 de julio de 2020 regularizando y aclarando y armonizando las disposiciones legales vigentes sobre la materia), en particular, las disposiciones referidas al derecho de cita. Del mismo modo, asumo frente a la Universidad cualquier responsabilidad que pudiera derivarse de la autoría o falta de originalidad o contenido de la Tesis presentada de conformidad con el ordenamiento jurídico vigente.

Villahermosa, Tabasco a 8 de mayo del 2025.



C. Héctor Alfonso Hernández Sánchez



UJAT

UNIVERSIDAD JUÁREZ
AUTÓNOMA DE TABASCO

"ESTUDIO EN LA DUDA. ACCIÓN EN LA FE"



División Académica de
Ciencias Agropecuarias

Coordinación de
Estudios Terminales



2024
Felipe Carrillo
PUERTO
PRESIDENTE DEL GOBIERNO
MEXICANO (1930-1933)
MÉXICO

Asunto: Autorización de impresión
de Trabajo Recepcional.
Fecha: 02 de diciembre de 2024.

LIC. MARIBEL VALENCIA THOMPSON
JEFA DEL DEPARTAMENTO DE CERTIFICACIÓN Y
TITULACIÓN DE LA UJAT.
P R E S E N T E

Por este conducto y de acuerdo a la solicitud correspondiente por parte del interesado(a), le informo que, con base en el artículo 113 del Reglamento de Titulación Vigente en esta Universidad, la Dirección a mi cargo **autoriza** al **C. Héctor Alfonso Hernández Sánchez** con matrícula **182C24052**, egresado(a) de la Licenciatura de **Medicina Veterinaria y Zootecnia** de la División Académica de Ciencias Agropecuarias, **la impresión de su Trabajo Recepcional** bajo la modalidad de **Tesis**, titulado: **"IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE RICKETTSIA FELIS EN CTENOCEPHALIDES FELIS COLECTADAS EN PERROS DOMICILIADOS DEL ESTADO DE TABASCO"**.

Sin otro particular, aprovecho la ocasión para enviarle un cordial saludo.

ATENTAMENTE

M.V.Z. JORGE ALFREDO THOMAS TELLEZ
DIRECTOR

UJAT



DIVISIÓN ACADÉMICA DE
CIENCIAS AGROPECUARIAS
DIRECCIÓN

C.c.p. - Expediente Alumno.
Archivo

Km 25, Carret. Villahermosa-Teapa
Ra. La Huasteca, 2ª Sección, 86298, Centro, Tabasco, México
Tel. (+52 993) 3581500 ext. 6614
Correo electrónico: terminales.daca@ujat.mx

www.ujat.mx

Carta de Cesión de Derechos.

Villahermosa, Tabasco a 8 de mayo del 2025. Por medio de la presente manifestamos haber colaborado como AUTOR(A) y/o AUTORES(RAS) en la producción, creación y/o realización de la obra denominada Identificación molecular de *Rickettsia felis* en *Ctenocephalides felis* colectadas en perros domiciliados del estado de Tabasco. Con fundamento en el artículo 83 de la Ley Federal del Derecho de Autor y toda vez que, la creación y/o realización de la obra antes mencionada se realizó bajo la comisión de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco; entendemos y aceptamos el alcance del artículo en mención, de que tenemos el derecho al reconocimiento como autores de la obra, y la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco mantendrá en un 100% la titularidad de los derechos patrimoniales por un período de 20 años sobre la obra en la que colaboramos, por lo anterior, cedemos el derecho patrimonial exclusivo en favor de la Universidad.

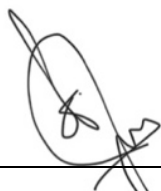
COLABORADORES

Egresado. Héctor Alfonso Hernández Sánchez.

Director. Dr. Oswaldo Margarito Torres Chablé.

Codirectora. Dra. Claudia Virginia Zaragoza Vera.

TESTIGOS



Guadalupe Arjona Jiménez



Maritza Zaragoza Vera

Dedicatorias.

Esta tesis va dedicada con todo mi corazón a mis padres Héctor Hernández Calixtro y Alma Sánchez Jiménez que son mis motivos de vida, a mis hermanas Yoliveth y Yamileth que han estado conmigo cuidándome y apoyándome incondicionalmente en mi vida.

A mi gran amigo y colega Samuel Canto con los que compartí grandes experiencias durante nuestra formación en la carrera universitaria.

A mis amigas del hospital veterinario, la Médico Veterinario Erica, Martha, Karen Itzel y Esbeydi; que con ellas compartí grandes experiencias en mi formación, las cuales tuvieron la paciencia, comprensión y brindaron todo su conocimiento y apoyo incondicional.

Con altas y bajas, pero siempre con la frente en alto.

Agradecimientos.

Le agradezco a Dios por permitirme llegar a este momento de mi vida y poderle agradecer un logro más.

A mis padres por todo su apoyo incondicional sobre todo en este transcurso de la elaboración de la tesis.

Como agradecimiento especial al Dr. Oswaldo M. Torres Chablé, que confió en mi para llevar adelante este trabajo y la Dra. Claudia V. Zaragoza Vera, quienes me han brindado todo su apoyo incondicional y me guiaron durante este proceso de elaboración de mi tesis con mucha paciencia y amor.

A la Médico Veterinario Martha Carolina, quien me brindo su tiempo y paciencia en la elaboración de PCR, la cual fue una pieza clave para sacar este trabajo adelante.

Principios bioéticos.

Cada uno de los tutores de los perros fueron informados debidamente y la colección de muestras se realizó después de obtener el consentimiento de los tutores. Los animales fueron manejados mediante técnicas de sujeción adecuadas y en todo momento con el debido respeto hacia la mascota y sus tutores. Así también, los residuos peligrosos, biológicos, infecciosos (RPBI) generados durante el proceso de colección de la muestra biológica fueron manejados de acuerdo con la Norma Oficial Mexicana NOM-087-ECOL-SSA1-2002.

Los tutores de las mascotas recibieron asesoramiento gratuito enfocado al control de los ectoparásitos que infestaban a sus mascotas.

ÍNDICE DE CONTENIDO.

1. Introducción.	12
1.1 Justificación	13
1.2 Planteamiento del problema.	13
1.3 Objetivo general.....	14
1.4 Objetivos específicos.....	14
2. Revisión de la literatura.	15
2.1 Género <i>Rickettsia</i>	15
2.1.1 Características microbiológicas.....	15
2.2 <i>Rickettsia felis</i>	16
2.3 Métodos para el diagnóstico de <i>Rickettsia</i> spp.	18
2.3.1 Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR).	18
3. Metodología.	20
3.1 Ubicación del estudio.	20
3.2 Tamaño de la muestra.....	21
3.3 Colecta de ectoparásitos en los caninos.	23
3.4 Extracción de ADN de las pulgas colectadas.....	23
3.5 Determinación de <i>Rickettsia felis</i> mediante PCR en <i>Ctenocephalides felis</i> colectadas en los perros muestreados.	24
3.6 Análisis de los datos.	25
4. Resultados.	26
5. Discusión.	27
6. Conclusión.	29
7. Referencias citadas.	30

ÍNDICE DE FIGURAS.

Figura 1.- Ciclo evolutivo de <i>Rickettsia felis</i>	17
Figura 2. Ubicación de la región Centro del estado de Tabasco	20
Figura 3.- Gel de agarosa al 1.5% donde se observa que las muestras evaluadas no amplificaron (carril 0: Marcador de masa molecular)	26

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE *Rickettsia felis* EN *Ctenocephalides felis* COLECTADAS EN PERROS DOMICILIADOS DEL ESTADO DE TABASCO.

RESUMEN.

Rickettsia felis es una bacteria intracelular clasificada dentro del orden *Rickettsiales* y la pulga de gato *Ctenocephalides felis* es considerada el principal vector y reservorio. La bacteria *R. felis* es capaz de infectar a gatos, perros y humanos. El objetivo del presente estudio fue identificar molecularmente *R. felis* en pulgas *C. felis* colectadas en perros domésticos del estado de Tabasco. El estudio se llevó a cabo de enero 2023 a enero 2024 en la Subregión Centro del estado de Tabasco. Los perros fueron muestreados en sus casas y se revisó la piel en busca de ectoparásitos; los cuales se colectaron mediante pinzas entomológicas y se colocaron en tubos de plásticos, identificados y transportados al laboratorio para realizar su identificación taxonómica. Posteriormente las pulgas fueron sometidas a extracción de ADN mediante la técnica de Salting-out. El ADN extraído fue empleado para la identificación de *R. felis* empleando los cebadores CS-78F y CS-323R para amplificar un producto de 401 pares de bases de una región del gen del citrato sintasa (*glfA*). Se muestrearon un total de 223 perros pertenecientes a 184 casas distribuidas en la subregión Centro en el estado de Tabasco. *C. felis* se encontró infestando a 63 de los perros muestreados (28.25%). El número de *C. felis* colectadas en total fue de 168 especímenes (54 machos y 114 hembras). Ninguna de las muestras evaluadas amplificó el producto esperado. Por lo que no existe evidencia molecular de la presencia de *R. felis* en pulgas *C. felis* colectadas en perros de la Subregión Centro del estado de Tabasco.

PALABRAS CLAVES.

Pulga, ectoparásito, *Rickettsiaceae*, vector, artrópodo.

ABSTRACT.

Rickettsia felis is an intracellular bacterium classified within the order *Rickettsiales*, with the cat flea, *Ctenocephalides felis*, considered the main vector and reservoir. The *R. felis* bacterium is capable of infecting cats, dogs, and humans. The objective of the present study was to molecularly identify *R. felis* in *Ctenocephalides felis* fleas collected from domestic dogs in the state of Tabasco. The study was conducted from January 2023 to January 2024 in the Centro Subregion of Tabasco. Dogs were sampled at home, and their skin was examined for ectoparasites, which were collected using entomological tweezers, placed in plastic tubes, identified, and transported to the laboratory for taxonomic identification. The fleas were then subjected to DNA extraction using the Salting-out technique. The extracted DNA was used for the identification of *R. felis* with primers CS-78F and CS-323R to amplify a 401-base pair product from a region of the citrate synthase gene (*gltA*). A total of 223 dogs from 184 households distributed across the Centro subregion of Tabasco were sampled. *C. felis* was found infesting 63 of the sampled dogs (28.25%). A total of 168 *C. felis* specimens were collected (54 males and 114 females). None of the evaluated samples amplified the expected product. Therefore, there is no molecular evidence of the presence of *R. felis* in *C. felis* fleas collected from dogs in the Central Subregion of Tabasco.

KEYWORDS.

Flea, ectoparasite, *Rickettsiaceae*, vector, arthropod.

1. Introducción.

Rickettsia felis es una bacteria intracelular clasificada dentro del orden *Rickettsiales* que actualmente incluye las familias *Rickettsiaceae* y *Anaplasmataceae*, la mayoría de los miembros asociados con huéspedes artrópodos y la familia *Holosporaceae*, simbiontes de protistas, en este caso la pulga de gato *Ctenocephalides felis* es considerada el principal vector y reservorio. La bacteria *R. felis* es capaz de infectar a gatos, perros y humanos (Faccini-Martínez *et al.*, 2013).

La distribución de *R. felis* es cosmopolita se han reportado artrópodos positivos para *R. felis* en Afganistán, Albania, Argelia, Argentina, Australia, Canadá, Chile, Colombia, Croacia, Chipre, República Checa, República Democrática del Congo, Etiopía, Gabón, India, Indonesia, Israel, Italia, Costa de Marfil, Japón, Líbano, Malasia, Marruecos, Panamá, Perú, Portugal, Rumania, el Reino Unido y Uruguay. Junto con los artrópodos infectados, se han reportado casos humanos de *R. felis*. en Australia, Brasil, China, Francia, Alemania, Kenia, Laos, México, Nueva Zelanda, Corea del Sur, España, Taiwán, Tailandia, Túnez y Estados Unidos. Casos humanos sin detección de artrópodos infectados se han informado en Egipto, Nepal y Suecia (Legendre & Macaluso, 2017).

R. felis suele ser transmitida por artrópodos, de los cuales sus vectores son piojos, pulgas, garrapatas y entre otras especies de ácaros, se considera zoonosis reemergente ya que en la actualidad resurgieron o han sido reportados recientemente en humanos (Abarca & Oteo, 2014).

En general, las pulgas son ectoparásitos que infestan con mayor frecuencia a los animales domésticos. Son insectos achatados lateralmente, con un tamaño de 3.5 mm como máximo, que suelen alimentan de la sangre de los animales en los que se encuentran como huéspedes. Existen alrededor de 2,400 especies de pulgas registradas en el mundo. Sin embargo, solo seis especies se considera que infestan a animales domésticos, en especial la pulga del gato: *C. felis*, normalmente infesta

a gatos, pero también llega a infestar a perros y al hombre ocasionando una zoonosis. En el caso del perro puede ser de mayor relevancia la pulga del gato (*Ctenocephalides felis*) y la propia pulga del perro (*Ctenocephalides canis*) como principales vectores (Šlapeta *et al.*, 2018).

Los caninos infectados por *R. felis* presentan fiebre, letargia, vómito, depresión, anorexia, petequias, equimosis, epistaxis, conjuntivitis, diarrea, pérdida de peso y deshidratación. Se puede observar, según la enfermedad va evolucionando, lesiones oculares, desordenes sanguíneos (anemia, trombocitopenia y ligera leucopenia), dolor en las articulaciones y anormalidades neurológicas (paraparesis o tetraparesis, ataxia síndrome vestibular) (Minahan *et al.*, 2023).

1.1 Justificación.

La infección causada por *R. felis* en perros domiciliados suele ocasionar diversos daños a los sistemas que deterioran su salud poniendo en riesgo su calidad de vida. Los perros domésticos suelen ser uno de los principales hospedadores de artrópodos y entre ellos se encuentra la pulga *C. felis*, por lo que los caninos funcionan como un vector mecánico para transportar a los diferentes tipos de artrópodos así, este vector puede infestar personas y transmitir esta bacteria zoonótica *R. felis*. De esta forma es como el ser humano puede llegar a infectarse poniendo en riesgo su vida, debido a que no se tiene un extenso conocimiento de esta zoonosis y a la falta de pruebas diagnósticas clínicamente disponibles para llegar rápidamente y con eficacia a un diagnóstico definitivo, lo cual contribuye a disminuir el tiempo en administrar el tratamiento adecuado.

1.2 Planteamiento del problema.

La bacteria intracelular *R. felis* afecta la salud de los perros domésticos y de los seres humanos ocasionando una zoonosis con gran impacto para la población del estado de Tabasco; aunque se desconocen muchos datos a nivel Estatal, principalmente saber que está latente en Tabasco y cómo puede ser ignorada en

nuestros diagnósticos y los factores asociados por el cuales *C. felis* puede llegar a infestar perros; ya que su principal hospedador es el gato.

1.3 Objetivo general.

Identificar molecularmente *Rickettsia felis* en pulgas *Ctenocephalides felis* colectadas en perros domésticos del estado de Tabasco.

1.4 Objetivos específicos.

- Identificar molecularmente la presencia de *Rickettsia felis* en pulgas *Ctenocephalides felis* colectadas en perros de Tabasco, México.
- Cuantificar el número de perros positivos a *Rickettsia felis*.
- Identificar el nivel de infección de *Rickettsia felis* en los perros muestreados del estado de Tabasco.

2. Marco teórico.

2.1 Género *Rickettsia*.

El género *Rickettsia* agrupa a un conjunto de especies bacterianas del Phylum Proteobacteria, subclase alfa 1 (α -1) del orden Rickettsiales. En la actualidad se conocen cerca de 25 especies del género, clasificadas tradicionalmente en 2 grupos principales: Grupo de las fiebres manchadas (GFM) y Grupo Tifus (GT), aunque, en actuales estudios filogenéticos del género se han definido y aceptado dos nuevos grupos: Grupo Transicional (GTR) y Grupo Ancestral (GA) (Oteo *et al.*, 2014; Gillespie *et al.*, 2008).

2.1.1 Características microbiológicas.

Las rickettsias se caracterizan por ser pequeños cocobacilos inmóviles con un diámetro de 0.3-0.6 μm por 0.2-2 μm de longitud. Todas las especies de este género son bacterias Gramnegativas intracelulares obligadas, pleomórficas, las cuales viven en el citoplasma, aunque en algunos casos también pueden alojarse en el núcleo de las células infectadas con proteínas de superficie que favorecen la evasión de la fagocitosis (Walker, 2007; Portillo *et al.*, 2017). Se dividen por fisión binaria de manera lenta (8-10 horas aproximadamente). Poseen una cápsula rica en polisacáridos, una pared celular con aspecto ultraestructural, compuesta de peptidoglucano y por una capa de lipopolisacáridos. También tienen una capa proteica llamada S-layer, compuesta de proteínas antigénicas inmunodominantes de superficie, o por sus siglas en inglés, SPA (Surface Protein Antigens) la cual representa del 10 al 15% del total de la estructura proteica de las rickettsias. Esta capa posee dos principales proteínas antigénicas, rOmpA y rOmpB, estas proteínas de superficie son importantes para la inmunidad humoral y la serotipificación, por ello, son los determinantes principales antigénicos involucrados en la respuesta inmune en pacientes con rickettsiosis (Oteo *et al.*, 2014; Helminiak *et al.*, 2022).

Las proteínas antígenas rOmpA y rOmpB tienen un peso molecular entre 170-190 kDa y 135 kDa con un tamaño de 2,000 y 1,600 aminoácidos,

respectivamente. La proteína rOmpA se encuentra exclusivamente en las rickettsias del GFM y la proteína rOmpB se encuentra tanto en las rickettsias del GFM como en las del GT (Portillo *et al.*, 2017; Helminiak *et al.*, 2022).

2.2 *Rickettsia felis*.

La bacteria intracelular obligada, *Rickettsia felis*, es un patógeno transmitido por vectores y el agente causante de la fiebre maculosa transmitida por pulgas. Aunque también se ha asociado con otros artrópodos como, mosquitos, ácaros y garrapatas (Danchenko *et al.*, 2022). Al igual que otras rickettsiosis (p. ej., tífus murino, rickettsiosis y fiebre maculosa mediterránea), los síntomas típicos en personas infectadas incluyen fiebre, dolor de cabeza, erupción maculopapular, fatiga, mialgia, artralgia, elevación de las enzimas hepáticas y escara en el lugar de la picadura. La enfermedad se considera clínicamente leve, pero en pacientes mayores y en personas con diagnóstico tardío, puede causar una enfermedad grave con signos gastrointestinales y neurológicos incluidos algunos casos de meningoencefalitis que pueden ser mortales (Helminiak *et al.*, 2022; Minahan *et al.*, 2023).

El conocimiento sobre *R. felis* sigue siendo relativamente limitado, particularmente en relación con su epidemiología. La infección se transfiere transestadialmente entre las etapas del ciclo de vida de las pulgas y se mantiene dentro de las poblaciones de pulgas mediante transmisión transovárica, aunque puede ser necesaria la amplificación horizontal dentro de un huésped infectado para el mantenimiento a largo plazo en poblaciones de pulgas que se alimentan conjuntamente (Abdullah *et al.*, 2020; Danchenko *et al.*, 2022).

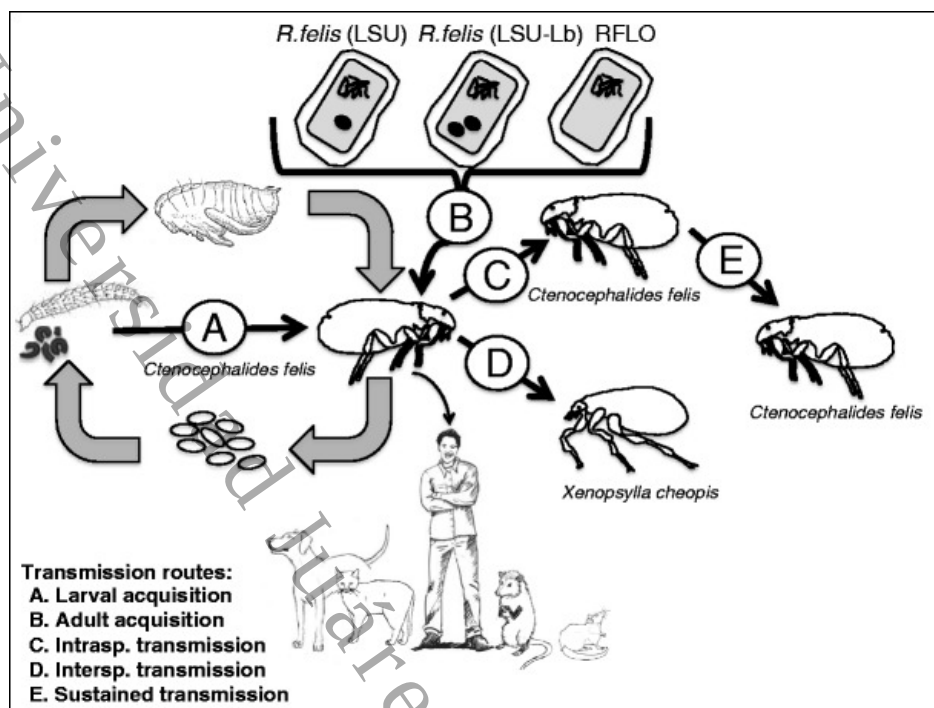


Figura 1.- Ciclo evolutivo de *Rickettsia felis* (Brown & Macaluso, 2016).

En la Figura 1 se muestra el ciclo evolutivo de *R. felis*, en donde pueden observarse las rutas de transmisión propuestas y descritas necesarias para la persistencia y el mantenimiento de las infecciones por *R. felis* en el ambiente. (A) La transmisión vertical no transovárica, es decir, la adquisición de larvas por heces de pulgas adultas infectadas de *R. felis*. (B) Bioensayos de adquisición de pulgas adultas infectados con *R. felis*. (C) La transmisión intraespecífica de *R. felis* entre pulgas de gato que se alimentan conjuntamente se demostró tanto en un sistema artificial como en un huésped vertebrado. (D) Se observó transmisión interespecífica de *R. felis* entre pulgas de gato y pulgas de rata que se alimentan conjuntamente en un huésped vertebrado. (E) La transmisión sostenida de *R. felis* mediante la alimentación conjunta se demostró mediante la propagación continua de la infección a pulgas de gato no infectadas recién emergidas en un sistema artificial en el transcurso de cuatro semanas (Brown & Macaluso, 2016).

2.3 Métodos para el diagnóstico de *Rickettsia* spp.

El diagnóstico para las enfermedades rickettsiales se basa fundamentalmente en la observación de las manifestaciones clínicas compatibles, asociadas a unas determinadas características epidemiológicas, como la presencia de síntomas particulares de la enfermedad, así como la ubicación geográfica del paciente. Como ya se ha comentado, algunas de las rickettsiosis como la Fiebre manchada de las montañas rocosas, y en pocos casos Tifus murino y Tifus epidémico, poseen una mortalidad elevada, y esta mortalidad está íntimamente relacionada con la demora en el diagnóstico y con el retraso en el inicio del tratamiento. En el resto de las rickettsiosis, el tratamiento evita la aparición de complicaciones y acorta la duración de la sintomatología (Pérez-Osorio *et al.*, 2008). Por lo tanto, es importante reconocer los diferentes métodos disponibles para la identificación oportuna del patógeno y contribuir a un buen diagnóstico de la enfermedad.

2.3.1 Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR).

El desarrollo de técnicas de biología molecular como la prueba de PCR ha permitido el diagnóstico de casos agudos de infecciones rickettsiales y la identificación de nuevas especies en el mundo, además se han convertido en herramientas rápidas, sensibles y específicas para la detección e identificación de rickettsias en distintos tipos de muestras como son sangre, biopsias cutáneas, líquido cefalorraquídeo, exudados, raspado de escaras y artrópodos involucrados (Bitam *et al.*, 2010; Abarca & Oteo, 2014). La técnica de PCR puede dar resultados positivos en muestras biológicas, ya sea de sangre o biopsia, tomadas entre el segundo y cuarto día del comienzo de síntomas y la respuesta se obtiene rápidamente, en 24 horas. En la actualidad existen básicamente dos procesos para la identificación de rickettsias: 1) la amplificación por PCR y digestión con enzimas de restricción; y 2) la secuenciación de segmentos cortos (Portillo *et al.*, 2017).

La secuenciación de los productos amplificados por PCR se realiza en la actualidad mediante secuenciadores automáticos. Una vez obtenida esta

secuencia, se compara con las depositadas en distintas bases de datos. Los genes más utilizados para el análisis filogenético son los siguientes: los genes que codifican la síntesis de ARNr 16S (*rrs*) y la síntesis de la enzima citrato sintasa (*glbA*); el gen *htrA*, que codifica una proteína de 17 kDa; el gen que codifica la síntesis de la proteína PS120 (gen *D*) y los genes que codifican la síntesis de dos proteínas de superficie: *rOmpA* y *rOmpB*, *rOmpA* (190 kDa) la cual está presente en todas las especies del grupo de fiebres manchadas y *rOmpB* (120 kDa) presente en todas las especies de *Rickettsia* (Oteo *et al.*, 2014; Fournier *et al.*, 2003). El gen que codifica la síntesis de ARNr 16S y el gen *htrA* son útiles para la identificación a nivel de género, pero su secuencia es muy similar en todas las especies (97.2-99.9% de similitud), por lo que no se consideran válidos para su diferenciación. Las secuencias de genes como el de la proteína 17 kDa, para la identificación de *R. rickettsii*, *R. prowazekii* y *R. japonica*, mientras los genes como *glbA*, *ompA*, *ompB* y *sca4* son usados para comparar e identificar especies (Abarca & Oteo, 2014; Portillo *et al.*, 2017; Panti-May *et al.*, 2015; Salceda-Sánchez *et al.*, 2023).

En los últimos años también se ha utilizado exitosamente la PCR en tiempo real o PCR cuantitativa para la detección de rickettsias en distintas muestras clínicas. Esta variante es un procedimiento rápido, específico y permite la obtención de resultados en menos de una hora para completar la identificación entre especies de rickettsias (Brown *et al.*, 2022).

3. Metodología.

3.1 Ubicación del estudio.

El presente estudio se llevó a cabo en la Subregión Centro del estado de Tabasco, ubicada a 17° 99' latitud Norte y 92° 95' longitud oeste. En la Subregión Centro se incluye la ciudad de Villahermosa capital del estado de Tabasco, en el sureste de México. La temperatura anual promedio es de 26 °C y presenta precipitación pluvial todo el año (INEGI, 2023).

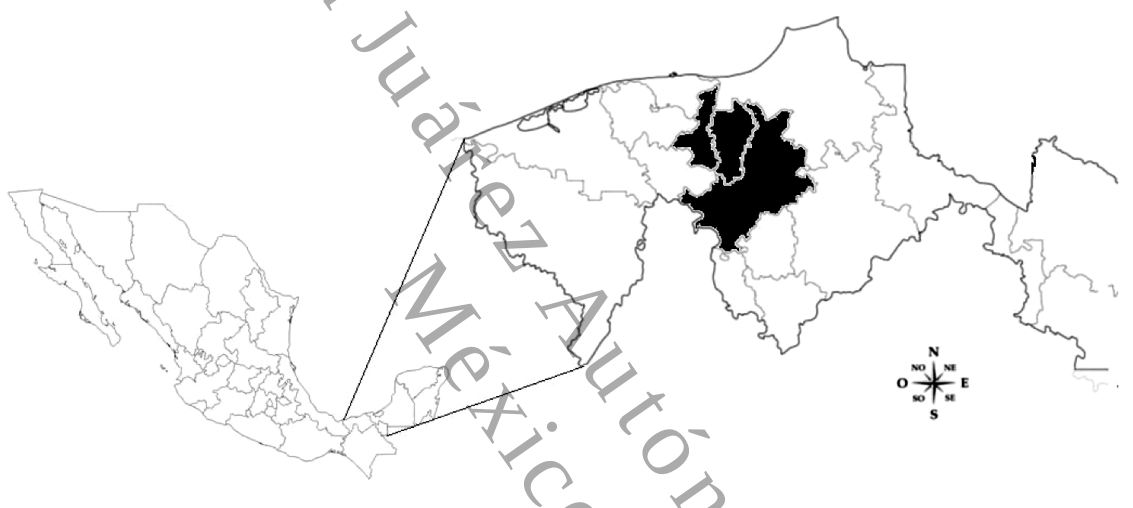


Figura 2. Ubicación de la región Centro del estado de Tabasco.

El presente estudio fue de diseño observacional, descriptivo, progresivo y transversal. En el estudio se contemplaron perros con dueño de más de tres meses de edad, sexo indistinto y de cualquier condición corporal (1-9) según Laflamme (1997), con o sin infestación de ectoparásitos y que se encontraban domiciliados en la Subregión Centro del estado de Tabasco. Se excluyeron perros cuyo manejo fue extremadamente difícil, perros menores de tres meses de edad y perros sin dueño.

3.2 Tamaño de la muestra.

El tipo de muestreo empleado fue tipo estratificado con asignación proporcional, el cual se empleó inicialmente para detectar la prevalencia de enfermedades transmitidas por vectores en perros del estado de Tabasco. Para determinar el tamaño de muestra de la población canina se utilizó el Censo Canino 2023 (proporcionado por la Secretaría de Salud del estado de Tabasco) en el cual se contemplaba una población total 310,160 perros. Se utilizó una prevalencia esperada del 50% debido a que se desconocía este dato en el lugar de estudio y este valor se consideró el más conservador, ya que parte de la premisa que existe la misma posibilidad de encontrar o no el objeto de estudio en la población. Se utilizó la fórmula para determinación del tamaño de muestra en poblaciones finitas y conocidas de acuerdo a García-García *et al.*, (2013) considerando un margen de error del 5% y un nivel de confianza del 95%.

$$n = \frac{N}{1 + \frac{e^2(N-1)}{Z^2 pq}}$$

n= Tamaño de muestra.

N= Tamaño de la población.

e= Error admitido (5%).

Z= Valor de tabla para el nivel de confianza 1- α otorgado (97%).

P= Frecuencia esperada del factor a estudiar (50% = 0.5).

q= 1-p.

Sustituyendo la formula obtenemos:

$$n = \frac{310160}{1 + \frac{0.05^2 (310160 - 1)}{1.96^2 (0.5)(0.5)}} = 384$$

Para determinar el tamaño de muestra para cada estrato (ecorregión) se utilizó la fórmula de ajuste para un muestreo estratificado de tipo proporcional quedando de la siguiente manera:

$$ni = n \frac{Ni}{N}$$

Donde:

ni = Muestra representativa del estrato.

n = Muestra total.

Ni = Población total dentro del estrato.

N = Población total.

De tal forma que al sustituir los datos se obtiene lo siguiente:

Región centro: $ni = 384 \frac{51436}{310160} = 64$

Sustituyendo los valores se obtuvo una población de 384 perros para todo el Estado. Mediante una asignación proporcional se obtuvo que, para la Subregión del Centro con un total de 51,456 perros, se requirió muestrear un total de 64 animales.

3.3 Colecta de ectoparásitos en los caninos.

En los perros donde se encontrasen pulgas se realizó la colecta de algunos especímenes directamente del cuerpo del animal, por medio de pinzas entomológicas y se colocaron en tubos de plástico de 1.5 ml.

Cada muestra de ectoparásitos fue etiquetada y conservada con refrigerantes en contenedores de plástico durante su traslado al laboratorio en donde se mantuvieron en congelación a -20 °C para su conservación. Posteriormente, se procedió a la identificación de los especímenes colectados mediante claves taxonómicas para la identificación de pulgas (Acosta & Morrone, 2003; Linardi & Santos, 2012; Ali *et al.*, 2020; van der Mescht *et al.*, 2021).

3.4 Extracción de ADN de las pulgas colectadas.

La extracción de ADN se realizó mediante la técnica de sales descrita para la extracción de ADN de mosquitos (Torres-Chable *et al.*, 2018) con algunas modificaciones. Brevemente, la técnica involucra agregar 200 µl de buffer de maceración (0.1M NaCl, 0.2M Sacarosa, 0.1M Tris Buffer, 0.05M EDTA, 0.05% SDS) y se realizó el macerado de los especímenes usando mortero y pistilo hasta alcanzar una mezcla homogénea. En este caso se empleó nitrógeno líquido para realizar la maceración de las pulgas. Luego de este paso, los macerados se colocaron en tubos de 1.5 ml, se centrifugaron por 30 segundos a 18,000 x g e inmediatamente las muestras se colocaron a incubación a 65 °C durante 30 minutos. Al finalizar la incubación, se agregaron 21 µl de acetato de potasio 8M (para alcanzar una concentración final de 1M), se mezclaron manualmente con ligeros golpes al vial y se incubaron en hielo por 30 minutos. Posteriormente, se realizó una centrifugación a 18,500 x g durante 15 minutos y al finalizar se tomaron 200 µl del sobrenadante y se colocaron en un tubo de 1.5 ml, se agregaron 200 µl de etanol al 100% y se homogenizaron manualmente por inversión del tubo. Las muestras se dejaron reposar durante toda la noche a -20 °C.

Al día siguiente, las muestras se centrifugaron a 18,000 x g durante 15 minutos y el etanol fue desechado mediante decantación. Se agregaron 200 µl de etanol al 75% y se centrifugaron a 18,000 x g durante 15 minutos, desechando de nuevo el etanol por decantación. Después, se agregaron 200 µl de etanol al 100% y se centrifugaron nuevamente a 18,000 x g durante 15 minutos, y posteriormente el etanol fue desechado por decantación. Los tubos de 1.5 ml conteniendo el pellet se dejaron secar durante toda la noche en la campana de PCR esterilizada previamente por sistema UV. El pellet fue resuspendido en 100 µl de TE (solución de Tris-EDTA, pH 8.0), el ADN obtenido se cuantificó en Nanodrop (Thermo Fisher Scientific®, USA). Las muestras obtenidas se ajustaron a una concentración de ADN de entre 80 y 100 ng/µl.

3.5 Determinación de *Rickettsia felis* mediante PCR en *Ctenocephalides felis* colectadas en los perros muestreados.

Para la realización del presente estudio se emplearon un par de cebadores para amplificar una región del gen del citrato sintasa (*glbA*) común en todas las especies de *Rickettsia*: CS-78F (GCAAGTATCGGTGAGGATGTAAT) y CS-323R (GCTTCCTTAAATTCATAAATCAGGAT) los cuales amplifican un producto de 401 pares de base (pb). Las condiciones de PCR establecidas fueron las siguientes: desnaturalización inicial a 95 °C por 10 min, seguido de 40 ciclos de desnaturalización a 95 °C por 30 segundos, alineación a 58 °C por 30 segundos, elongación a 72 °C por 40 segundos, y una elongación final de 72 °C por 7 min (Nguyen *et al.*, 2020). Posteriormente, todas las muestras positivas fueron evaluadas empleando un par de cebadores que amplificaban una región del gen de la proteína de membrana externa *OmpB*, común en las rickettsias del grupo de las fiebres manchadas: *ompB*-F (CGACGTTAACGGTTTCTCATTCT) y *ompB*-R (ACCGGTTTCTTTGTAGTTTTCGTC). Las condiciones establecidas para la PCR fueron las siguientes: 95°C durante 3 minutos, seguido de 40 ciclos de amplificación a 95 °C por 30 segundos, 54°C por 30 segundos y 72°C por 30 segundos, y un paso final de extensión de 72°C por 7 minutos (Hii *et al.*, 2011).

Las reacciones se realizaron utilizando 2.5 µl de ADN genómico (50–200 ng), 2.5 U de Taq polimerasa, 10 pM de cada cebador y 250 µM de cada dNTP en solución tampón 1X de PCR (Tris-HCl 20 mM, pH 8,4, KCl 50 mM, MgCl₂ 1,5 mM) en un volumen final de 25 µl.

Los productos de PCR fueron purificados utilizando el kit de recuperación de ADN en gel Zymoclean® (Zymo Research, California, EE. UU.) siguiendo las especificaciones del proveedor. Las muestras purificadas se enviaron a secuenciación. Las secuencias obtenidas fueron analizadas utilizando el software FinchTV y los archivos FASTA fueron contrastados con las ya existentes en el GenBank para realizar la identificación de especies.

3.6 Análisis de los datos.

En relación con el número de pools positivos se determinó el rango mínimo de infección (RMI) de las pulgas mediante la siguiente fórmula.

$$\text{Rango Minimo de Infección} = \frac{N^{\circ} \text{ de pools positivos}}{N^{\circ} \text{ total de pulgas colectadas}}$$

Los resultados serán presentados en cuadros descriptivos en donde se expondrá la frecuencia de pulgas en perros de la Subregión Centro del estado de Tabasco, la cantidad total de pulgas colectadas, la frecuencia de *C. felis* en los perros muestreados y el RMI de *R. felis* en las pulgas *C. felis*.

4. Resultados.

De enero 2023 a enero 2024 se muestrearon un total de 223 perros pertenecientes a 184 casas distribuidas en la Subregión Centro en el estado de Tabasco. *C. felis* se encontró infestando a 63 de los perros muestreados (28.25%). El número de *C. felis* colectadas en total fue de 168 especímenes (54 machos y 114 hembras). Se realizó la extracción de ADN de los especímenes colectados y se cuantificó en Nanodrop® (Thermo Fisher Scientific, USA).

Se realizaron las reacciones de PCR usando los cebadores para amplificar una región del gen *gltA*, y otras para amplificar al gen *ompB* común en todas las rickettsias del grupo de las fiebres manchadas incluyendo *R. felis*. Sin embargo, ninguna de las muestras mostró una amplificación del ADN buscado.

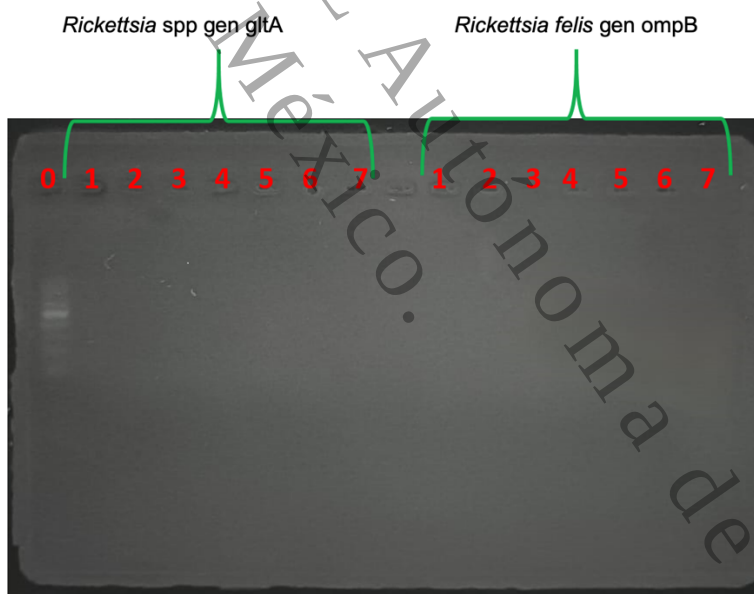


Figura 3.- Gel de agarosa al 1.5% donde se observa que las muestras evaluadas no amplificaron (carril 0: Marcador de masa molecular).

Debido a que todas las muestras evaluadas se consideraron negativas, no pudieron realizarse los análisis estadísticos de asociación. Así como tampoco fue posible determinar un rango de infección en las pulgas.

5. Discusión.

R. felis ha sido encontrada en diversas pulgas del mundo y aunque especialmente se ha considerado a su principal vector *Ctenocephalides felis*, también ha sido reportada en otras especies como *Ctenocephalides canis*, *Pulex irritans* y *Archeopsylla erinacei* (Rolain *et al.*, 2009).

A pesar de que pulgas infectadas con *R. felis* han sido colectadas en diversos hospedadores mamíferos, se considera que el perro doméstico juega un papel importante ya que posee la habilidad de mantener periodos prolongados de rickettsemia, permaneciendo sin signología clínica y con valores hematológicos normales. Este hecho coloca al perro doméstico como un animal reservorio para la transmisión horizontal de la rickettsia a las pulgas (Ng-Nguyen *et al.*, 2020).

La distribución de *R. felis* ha sido considerada cosmopolita, en países europeos se ha registrado en Alemania, Grecia, Italia, Malta, Polonia, Serbia, Eslovaquia, suiza y Turquía (Tsokana *et al.*, 2022). En Países asiáticos China, Taiwán, Indonesia, Malasia, Singapur, Tailandia, Filipinas y Vietnam (Nguyen *et al.*, 2020). En América, se ha reportado en países como Brasil (De Oliveira *et al.*, 2020), Colombia (Colonia *et al.*, 2020), Estados Unidos de Norteamérica (Hoque *et al.*, 2020) y en México (Salceda-Sánchez *et al.*, 2023).

En nuestro país, la presencia de *R. felis* ha sido reportada en forma limitada a estados de la República como Yucatán (Zavala-Velázquez *et al.*, 2002, Zavala-Castro *et al.*, 2006; Panti-May *et al.*, 2015) y Puebla (Salceda-Sánchez *et al.*, 2023). En el estado de Tabasco no se tienen reportes de la presencia del patógeno en vectores o bien casos humanos de rickettsiosis causados por *R. felis* y en el presente estudio tampoco fue posible encontrar evidencia molecular de infección en su principal vector *C. felis*. No se descarta la posibilidad de que exista en baja proporción infectando a *C. felis*, o bien que, en otras subregiones del estado de Tabasco, como las zonas costeras que pudieran tener condiciones ambientales con mayor similitud con el estado de Yucatán, pudiera detectarse la presencia de la rickettsia. En ese sentido, una búsqueda con una mayor distribución geográfica

podría contribuir a conocer la presencia o ausencia de este patógeno en pulgas de zonas costeras del estado. Por el momento y bajo las condiciones del presente estudio no parece ser un patógeno de importancia para las mascotas, principalmente perros y gatos de la Subregión, Centro del estado de Tabasco.

6. Conclusión.

No existe evidencia molecular de la presencia de *Rickettsia felis* en pulgas *Ctenocephalides felis* colectadas en perros de la Subregión, Centro del estado de Tabasco.

7. Referencias citadas.

- Abarca, K., & Oteo, J. A. (2014). Aproximación clínica y principales rickettsiosis transmitidas por garrapatas presentes en Latinoamérica. *Revista Chilena de Infectología*, 31, 569–576.
http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182014000500009&nrm=iso
- Abdullah, S., Lait, P., Helps, C., Newbury, H., & Wall, R. (2020). The prevalence of *Rickettsia felis* DNA in fleas collected from cats and dogs in the UK. *Veterinary Parasitology*, 282, 109143.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2020.109143>
- Acosta, R., & Morrone, J. J. (2003). Clave ilustrada para la identificación de los taxones supraespecíficos de Siphonaptera de México. *Acta Zoológica Mexicana*, 39–53.
http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0065-17372003000200004&nrm=iso
- Ali, Y., Barman, A., Abdullah, s. M., Islam, K. B. M., & Mohanta, U. (2020). Morphological identification and prevalence of the dog flea *Ctenocephalides canis* (Curtis, 1826) and the cat flea *Ctenocephalides felis* (Bouché, 1835) in Dhaka city, Bangladesh. *Parasitology*, 54, 163–172.
- Bitam, I., Dittmar, K., Parola, P., Whiting, M. F., & Raoult, D. (2010). Fleas and flea-borne diseases. *International Journal of Infectious Diseases*, 14(8), e667–e676.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ijid.2009.11.011>
- Brown, L. D., & Macaluso, K. R. (2016). *Rickettsia felis*, an Emerging Flea-Borne Rickettsiosis. *Current Tropical Medicine Reports*, 3(2), 27–39.
<https://doi.org/10.1007/s40475-016-0070-6>
- Brown, L. D., Maness, R., & Greer, K. (2022). Detection of *Bartonella* spp. and *Rickettsia* spp. in cat fleas (*Ctenocephalides felis*) collected from free-roaming

- domestic cats in southeastern Georgia, USA. *Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports*, 32, 100743. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2022.100743>
- Colonia, C. B., Ramírez-Hernández, A., Gil-Mora, J., Agudelo, J. C., Castaño Villa, G. J., Pino, C., Betancourt-Ruiz, P., Pérez Cárdenas, J. E., Blanton, L. S., & Hidalgo, M. (2020). Flea-borne Rickettsia species in fleas, Caldas department, Colombia. In *Journal of infection in developing countries* (Vol. 14, Issue 10, pp. 1155–1163). <https://doi.org/10.3855/jidc.12524>
- Danchenko, M., Benada, O., Škultéty, L., & Sekeyová, Z. (2022). Culture Isolate of Rickettsia felis from a Tick. In *International Journal of Environmental Research and Public Health* (Vol. 19, Issue 7). <https://doi.org/10.3390/ijerph19074321>
- de Oliveira, J. C. P., Reckziegel, G. H., Ramos, C. A. do N., Giannelli, A., Alves, L. C., de Carvalho, G. A., & Ramos, R. A. N. (2020). Detection of Rickettsia felis in ectoparasites collected from domestic animals. *Experimental and Applied Acarology*, 81(2), 255–264. <https://doi.org/10.1007/s10493-020-00505-2>
- Faccini-Martínez, Á. A., Forero-Becerra, E. G., Cortés-Vecino, J. A., Polo-Teran, L. J., Jácome, J. H., Vargas, J. J., Valbuena, G., & Hidalgo, M. (2013). Caso probable de fiebre manchada (Rickettsia felis) transmitida por pulgas. *Biomédica*, 33, 9–13. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-41572013000500002&nrm=iso
- García-García, J. A., Reding-Bernal, A., & López-Alvarenga, J. C. (2013). Cálculo del tamaño de la muestra en investigación en educación médica. *Investigación En Educación Médica*, 2(8), 217–224. [https://doi.org/10.1016/S2007-5057\(13\)72715-7](https://doi.org/10.1016/S2007-5057(13)72715-7)
- Gillespie, J. J., Williams, K., Shukla, M., Snyder, E. E., Nordberg, E. K., Ceraul, S. M., Dharmanolla, C., Rainey, D., Soneja, J., Shallom, J. M., Vishnubhat, N. D.,

- Wattam, R., Purkayastha, A., Czar, M., Crasta, O., Setubal, J. C., Azad, A. F., & Sobral, B. S. (2008). Rickettsia Phylogenomics: Unwinding the Intricacies of Obligate Intracellular Life. *PLOS ONE*, 3(4), e2018. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0002018>
- Helminiak, L., Mishra, S., & Kim, H. K. (2022). Pathogenicity and virulence of Rickettsia. *Virulence*, 13(1), 1752–1771. <https://doi.org/10.1080/21505594.2022.2132047>
- Hii, S. F., Kopp, S. R., Abdad, M. Y., Thompson, M. F., O'Leary, C. A., Rees, R. L., & Traub, R. J. (2011). Molecular Evidence Supports the Role of Dogs as Potential Reservoirs for Rickettsia felis. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 11(8), 1007–1012. <https://doi.org/10.1089/vbz.2010.0270>
- Hoque, M. M., Barua, S., Kelly, P. J., Chenoweth, K., Kaltenboeck, B., & Wang, C. (2020). Identification of Rickettsia felis DNA in the blood of domestic cats and dogs in the USA. *Parasites & Vectors*, 13(1), 581. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04464-w>
- INEGI. (2023). *Instituto Nacional de Estadística y Geografía-INEGI, Mexico*. <http://www.inegi.org.mx>
- Laflamme, D. (1997). Development and validation of a body condition score system for dogs. <https://api.semanticscholar.org/CorpusID:126433879>
- Legendre, K., & Macaluso, K. (2017). Rickettsia felis: A Review of Transmission Mechanisms of an Emerging Pathogen. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 2, 64. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed2040064>
- Linardi, P. M., & Santos, J. L. C. (2012). Ctenocephalides felis felis vs. Ctenocephalides canis (Siphonaptera: Pulicidae): some issues in correctly identify these species. *Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária*, 21, 345–354. http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1984-29612012000400002&nrm=iso

- Minahan, N. T., Wu, W.-J., & Tsai, K.-H. (2023). *Rickettsia felis* is an emerging human pathogen associated with cat fleas: A review of findings in Taiwan. *Journal of Microbiology, Immunology and Infection*, 56(1), 10–19. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jmii.2022.12.006>
- Ng-Nguyen, D., Hii, S.-F., Hoang, M.-T. T., Nguyen, V.-A. T., Rees, R., Stenos, J., & Traub, R. J. (2020). Domestic dogs are mammalian reservoirs for the emerging zoonosis flea-borne spotted fever, caused by *Rickettsia felis*. *Scientific Reports*, 10(1), 4151. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61122-y>
- Nguyen, V.-L., Colella, V., Greco, G., Fang, F., Nurcahyo, W., Hadi, U. K., Venturina, V., Tong, K. B. Y., Tsai, Y.-L., Taweethavonsawat, P., Tiwananthagorn, S., Tangtrongsup, S., Le, T. Q., Bui, K. L., Do, T., Watanabe, M., Rani, P. A. M. A., Dantas-Torres, F., Halos, L., & Otranto, D. (2020). Molecular detection of pathogens in ticks and fleas collected from companion dogs and cats in East and Southeast Asia. *Parasites & Vectors*, 13(1), 420. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04288-8>
- Oteo, J. A., Nava, Santiago, Sousa, Rita de Mattar, Salim, V., José M, A. K., Labruna, M. B., & Zavala-Castro, J. (2014). Guías Latinoamericanas de la RIICER para el diagnóstico de las rickettsiosis transmitidas por garrapatas. *Revista Chilena de Infectología*, 31, 54–65. http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182014000100009&nrm=iso
- Panti-May, J., Torres-Castro, M., Hernández-Betancourt, S., Rossanet, K., Zavala-Castro, J., López Avila, K., & Tello Martin, R. A. (2015). Detection of *Rickettsia felis* in wild mammals from three municipalities in Yucatan, Mexico. *EcoHealth*, 12, 523–527. <https://doi.org/10.1007/s10393-014-1003-2>
- Pérez-Osorio, C., Zavala-Velázquez, J., León- Arias, J., & Zavala-Castro, J. (2008). *Rickettsia felis* as Emergent Global Threat for Humans. In *Emerg Infect Dis*. 14(7):1019-1023. (Vol. 14, Issue 7). <https://stacks.cdc.gov/view/cdc/17155>

- Portillo, A., de Sousa, R., Santibáñez, S., Duarte, A., Edouard, S., Fonseca, I. P., Marques, C., Novakova, M., Palomar, A. M., Santos, M., Silaghi, C., Tomassone, L., Zúquete, S., & Oteo, J. A. (2017). Guidelines for the Detection of *Rickettsia* spp. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 17(1), 23–32. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.1966>
- Rolain, J. M., Bitam, I., Buffet, S., Marié, J. L., Bourry, O., Portelli-Clerc, C., Beaucournu, J. C., Parola, P., Fournier, P. E., Davoust, B., & Raoult, D. (2009). Presence or absence of plasmid in *Rickettsia felis* depending on the source of fleas. *Clinical Microbiology and Infection*, 15, 296–297. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.02245.x>
- Salceda-Sánchez, B., Gasca-Zarate, C. M., Jiménez-Soto, K., Grostieta, E., López-Sánchez, C. G., Soto-Gutiérrez, J. J., Lammoglia-Villagómez, M. Á., Huerta-Peña, J., Hernández-Carbajal, G. R., Chagoya-Fuentes, J. L., Jácome-Sosa, E., Pérez-Brígido, C. D., Ballados-González, G. G., Becker, I., & Sánchez-Montes, S. (2023). Molecular detection of *Rickettsia felis* in fleas and ticks collected from dogs and cats of Puebla, Mexico. *Zoonoses and Public Health*, 70(2), 176–183. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/zph.13011>
- Šlapeta, J., Lawrence, A., & Reichel, M. P. (2018). Cat fleas (*Ctenocephalides felis*) carrying *Rickettsia felis* and *Bartonella* species in Hong Kong. *Parasitology International*, 67(2), 209–212. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.parint.2017.12.001>
- Torres-Chable, O. M., Baak-Baak, C. M., Cigarroa-Toledo, N., Blitvich, B. J., Brito-Argaez, L. G., Alvarado-Kantun, Y. N., & Machain-Williams, C. I. (2018). Molecular detection of *Dirofilaria immitis* in dogs and mosquitoes in Tabasco, Mexico. *Journal of Vector Borne Diseases*, 55(2), 151.
- Tsokana, C. N., Kapna, I., & Valiakos, G. (2022). Current Data on *Rickettsia felis* Occurrence in Vectors, Human and Animal Hosts in Europe: A Scoping Review. In *Microorganisms* (Vol. 10, Issue 12).

<https://doi.org/10.3390/microorganisms10122491>

van der Mescht, L., Matthee, S., & Matthee, C. A. (2021). New taxonomic and evolutionary insights relevant to the cat flea, *Ctenocephalides felis*: A geographic perspective. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 155, 106990. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ympev.2020.106990>

Walker, D. H. (2007). Rickettsiae and Rickettsial Infections: The Current State of Knowledge. *Clinical Infectious Diseases*, 45(Supplement_1), S39–S44. <https://doi.org/10.1086/518145>

Zavala-Castro, J. E., Zavala-Velázquez, J. E., Walker, D. H., Ruiz Arcila, E. E., Laviada-Molina, H., Olano, J. P., Ruiz-Sosa, J. A., Small, M. A., & Dzul-Rosado, K. R. (2006). Fatal human infection with *Rickettsia rickettsii*, Yucatán, Mexico. *Emerging Infectious Diseases*, 12(4), 672–674. <https://doi.org/10.3201/eid1204.051282>

Zavala-Velázquez, J. E., Zavala-Castro, J. E., Vado-Solís, I., Ruiz-Sosa, J. A., Moron, C. G., Bouyer, D. H., & Walker, D. H. (2002). Identification of *Ctenocephalides felis* Fleas as a Host of *Rickettsia felis*, the Agent of a Spotted Fever Rickettsiosis in Yucatán, Mexico. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 2(2), 69–75. <https://doi.org/10.1089/153036602321131869>

Identificación molecular de Rickettsia felis en Ctenocephalides felis colectadas en perros domiciliados del estado de Tabasco

INFORME DE ORIGINALIDAD

1 %

ÍNDICE DE SIMILITUD

FUENTES PRIMARIAS



docplayer.es
Internet

52 palabras — 1 %

EXCLUIR CITAS

ACTIVADO

EXCLUIR FUENTES

DESACTIVADO

EXCLUIR BIBLIOGRAFÍA

ACTIVADO

EXCLUIR COINCIDENCIAS < 50 PALABRAS

U.J.A.T.



DIVISIÓN ACADÉMICA DE
CIENCIAS AGROPECUARIAS
JEFATURA DE ESTUDIOS TERMINALES

Alojamiento de la Tesis en el Repositorio Institucional

Título de tesis:	Identificación molecular de <i>Rickettsia felis</i> en <i>Ctenocephalides felis</i> colectadas en perros domiciliados del estado de Tabasco.
Autor de tesis:	Héctor Alfonso Hernández Sánchez. Oswaldo Margarito Torres Chablé. Claudia Virginia Zaragoza Vera.
ORCID:	https://orcid.org/0009-0009-2132-9175 https://orcid.org/0000-0001-7482-6663 https://orcid.org/0000-0002-8629-7401
Resumen de tesis:	<i>Rickettsia felis</i> es una bacteria intracelular clasificada dentro del orden <i>Rickettsiales</i> y la pulga de gato <i>Ctenocephalides felis</i> es considerada el principal vector y reservorio. La bacteria <i>R. felis</i> es capaz de infectar a gatos, perros y humanos. El objetivo del presente estudio fue identificar molecularmente <i>R. felis</i> en pulgas <i>C. felis</i> colectadas en perros domésticos del estado de Tabasco. El estudio se llevó a cabo de enero 2023 a enero 2024 en la Subregión Centro del estado de Tabasco. Los perros fueron muestreados en sus casas y se revisó la piel en busca de ectoparásitos; los cuales se colectaron mediante pinzas entomológicas y se colocaron en tubos de plásticos, identificados y transportados al laboratorio para realizar su identificación taxonómica. Posteriormente las pulgas fueron sometidas a extracción de ADN mediante la técnica de Salting-out. El ADN extraído fue empleado para la identificación de <i>R. felis</i> empleando los cebadores CS-78F y CS-323R para amplificar un producto de 401 pares de bases de una región del gen

	del citrato sintasa (gltA). Se muestrearon un total de 223 perros pertenecientes a 184 casas distribuidas en la subregión Centro en el estado de Tabasco. <i>C. felis</i> se encontró infestando a 63 de los perros muestreados (28.25%). El número de <i>C. felis</i> colectadas en total fue de 168 especímenes (54 machos y 114 hembras). Ninguna de las muestras evaluadas amplificó el producto esperado. Por lo que no existe evidencia molecular de la presencia de <i>R. felis</i> en pulgas <i>C. felis</i> colectadas en perros de la Subregión, Centro del estado de Tabasco.
Palabras claves de la Tesis:	Pulga, ectoparásito, <i>Rickettsiaceae</i> , vector, artrópodo.
Referencias citadas:	Abarca, K., & Oteo, J. A. (2014). Aproximación clínica y principales rickettsiosis transmitidas por garrapatas presentes en Latinoamérica. <i>Revista Chilena de Infectología</i>, 31, 569–576. http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182014000500009&nrm=iso Abdullah, S., Lait, P., Helps, C., Newbury, H., & Wall, R. (2020). The prevalence of <i>Rickettsia felis</i> DNA in fleas collected from cats and dogs in the UK. <i>Veterinary Parasitology</i>, 282, 109143. https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2020.109143 Acosta, R., & Morrone, J. J. (2003). Clave ilustrada para la identificación de los taxones supraespecíficos de Siphonaptera de México. <i>Acta Zoológica Mexicana</i>, 39–53. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0065-17372003000200004&nrm=iso Ali, Y., Barman, A., Abdullah, s. M., Islam, K. B. M., & Mohanta, U. (2020). Morphological identification and prevalence of the dog flea <i>Ctenocephalides canis</i> (Curtis, 1826) and the cat flea <i>Ctenocephalides felis</i> (Bouché, 1835) in Dhaka city, Bangladesh. <i>Parasitology</i>, 54, 163–172.

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.	Bitam, I., Dittmar, K., Parola, P., Whiting, M. F., & Raoult, D. (2010). Fleas and flea-borne diseases. <i>International Journal of Infectious Diseases</i>, 14(8), e667–e676. https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ijid.2009.11.011 Brown, L. D., & Macaluso, K. R. (2016). Rickettsia felis, an Emerging Flea-Borne Rickettsiosis. <i>Current Tropical Medicine Reports</i>, 3(2), 27–39. https://doi.org/10.1007/s40475-016-0070-6 Brown, L. D., Maness, R., & Greer, K. (2022). Detection of Bartonella spp. and Rickettsia spp. in cat fleas (Ctenocephalides felis) collected from free-roaming domestic cats in southeastern Georgia, USA. <i>Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports</i>, 32, 100743.
--	--