

Abanico Veterinario. Enero-Diciembre 2021; 11:1-14. <http://dx.doi.org/10.21929/abavet2021.26>
Artículo Original. Recibido: 02/03/2021. Aceptado: 02/06/2021. Publicado: 10/06/2021. Clave: e2021-2.

Presencia de *Chlamydia abortus* en cabras con historial de abortos en México Presence of *Chlamydia abortus* in goats with a history of abortions in Mexico

Sánchez-Rocha Liliana¹ID, Arellano-Reynoso Beatriz^{1*}ID, Hernández-Castro Rigoberto²ID, Palomares-Resendiz Gabriela³ID, Barradas-Piña Francisco⁴ID, Díaz-Aparicio Efrén³ID

¹Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, Circuito Exterior de Ciudad Universitaria, Coyoacán, Ciudad de México, 04510, México. ²Departamento de Ecología de Agentes Patógenos, Hospital General “Dr. Manuel Gea González”, Tlalpan, Ciudad de México, 14080, México. ³CENID Salud Animal e Inocuidad, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Carretera Federal México-Toluca Km. 15.5, Cuajimalpa, Ciudad de México, 05110, México. ⁴CE La Posta, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Km. 22.5 Carretera Federal Veracruz-Córdoba Paso del Toro, C.P. 94277, Municipio de Medellín de Bravo, Veracruz, México. *Autor responsable y para correspondencia: Beatriz Arellano Reynoso. E-mail: liliana_srocha@hotmail.com, arerey@yahoo.com, rigo31@yahoo.com, gabio_1704@hotmail.com, fcobarradast@gmail.com, efredia@yahoo.com

RESUMEN

Chlamydia abortus causa abortos o nacimientos prematuros en rumiantes; adicionalmente, es una zoonosis que puede causar abortos o neumonías en personas que tienen contacto con animales enfermos o sus secreciones. El objetivo de este estudio fue aislar *C. abortus* de cabras mexicanas con historial de aborto y de cabras recién paridas con antecedentes de abortos; se recolectaron 186 muestras de 49 rebaños, en los estados de Coahuila, Jalisco, Puebla, Veracruz y Querétaro. El aislamiento bacteriano de las muestras clínicas fue realizado utilizando la línea celular de fibroblastos de ratón L929 y la identificación molecular se logró mediante la amplificación de un fragmento de 342 pb correspondiente a la región 16S-23S espaciador intergénico ribosomal RNA. Los productos de amplificación se secuenciaron y se compararon con la base de datos GenBank. El aislamiento identificó el 23.1% de las muestras y la PCR identificó el 9.6% como positivas. La búsqueda de homologías reveló una identidad del 100% con *Chlamydia abortus* EF486854, U76710, U68444, entre otras. La presencia de *C. abortus* se confirmó en cabras con antecedentes de aborto en México mediante aislamiento bacteriano, PCR y secuenciación. Estos hallazgos sugieren que *C. abortus* jugó un papel sustancial en cabras con antecedentes de aborto en México.

Palabras clave: *Chlamydia abortus*, caprinos, abortos, México.

ABSTRACT

Chlamydia abortus causes a series of reproductive disorders in ruminants, including abortions, premature births and stillbirths. Additionally, as a zoonosis, it can cause miscarriages or pneumonia in people who come in contact with sick animals or their secretions. The objective of this study was to isolate *C. abortus* from Mexican goats with a history of abortion and from recently parturient goats with a history of abortion; 186 samples were collected from 49 herds in Coahuila, Jalisco, Puebla, Veracruz and Querétaro states. Bacterial isolation of the clinical samples was performed using the mouse fibroblast cell line L929 and molecular identification was achieved by amplification of a 342 bp fragment corresponding to the 16S-23S ribosomal intergenic spacer RNA region. The amplification products were sequenced and compared with the GenBank database. Isolation identified 23.1% of the samples and PCR identified 9.6% as positive.

Homology search revealed 100% identity with *Chlamydia abortus* EF486854, U76710, U68444, among others. The presence of *C. abortus* was confirmed in goats with a history of abortion in Mexico by bacterial isolation, PCR and sequencing. These findings suggest that *C. abortus* played a substantial role in goats with a history of abortion in Mexico.

Keywords: *Chlamydia abortus*, goats, abortions, Mexico, chlamydiosis.

INTRODUCCIÓN

La clamidiosis es una enfermedad infecciosa que se da en ovejas, cabras y vacas en todo el mundo y que provoca trastornos reproductivos, como abortos, partos muertos y crías débiles o prematuras que mueren poco después de nacer. El agente etiológico, *Chlamydia abortus*, es la principal causa de pérdidas reproductivas en cabras y ovejas en los países del norte de Europa, y causa aproximadamente el 44% de todos los abortos infecciosos diagnosticados en el Reino Unido (Stuen y Longbottom, 2011). Como zoonosis, *C. abortus* presenta el mayor riesgo para las mujeres embarazadas, ya que es capaz de colonizar la placenta humana provocando el aborto. También se ha descrito una neumonía respiratoria atípica en trabajadores que estuvieron en contacto con rumiantes (Longbottom y Coulter, 2003; Ortega et al., 2015; Pichon et al., 2020). *Chlamydia* es una bacteria Gram negativa y un parásito intracelular obligado. Presenta un ciclo de desarrollo multimórfico asíncrono con dos estadios, los cuerpos elementales y reticulares, ambos con lipopolisacáridos. A diferencia de la pared celular típica de las bacterias, las paredes celulares de *Chlamydia* no presentan ácido murámico (Rodolakis y Laroucau, 2015).

En México, la clamidiosis en cabras y ovejas, así como el papel de *Chlamydia* en los abortos de las ovejas se reportaron por primera vez en la década de 1990 (Escalante et al., 1996). El primer aislamiento de *C. abortus* (entonces *C. psittaci* serotipo 1) en cabras se publicó en 1997 (Escalante et al., 1997). En 2001, se demostró la presencia de *Chlamydia* en un proceso zoonótico originado en un rebaño de cabras infectado (Escalante et al., 2001). En 2004 se demostró la presencia de *C. abortus* (entonces *Chlamydophila abortus*) en cabras mediante serología y aislamiento, y de nuevo en 2005, 2006 y 2008 (Lazcano, 2006; Soriano et al., 2011). En 2011, un estudio encontró *C. abortus* en el 26,9% de las cabras muestreadas en el estado de Guanajuato, México, alcanzando un 9,60% de seropositividad (Mora et al., 2015). Palomares et al. (2020) evaluaron la frecuencia serológica individual y del rebaño, así como los factores de riesgo para *C. abortus* en siete estados productores de ovinos en México, e identificaron el aborto enzoótico en ovejas. Teniendo en cuenta estos antecedentes, el objetivo de este estudio fue determinar si *C. abortus* está presente en los casos de aborto caprino en diferentes regiones de México.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestras

Este estudio se realizó entre agosto de 2016 y febrero de 2018. Se obtuvo un total de 186 exudados vaginales de 49 rebaños con abortos reportados en cinco estados de México. El estado de Coahuila proporcionó 82 muestras (44,10%) de 24 rebaños, seguido de Veracruz con 67 muestras (36,02%) de 18 rebaños, Jalisco con 25 muestras (13,44%) de tres rebaños, Querétaro con siete muestras (3,76%) de un rebaño y Puebla con cinco muestras (2,68%) de tres rebaños.

Todas las hembras muestreadas eran de raza mixta y las condiciones de cría variaban según el estado. Las muestras de Jalisco y Querétaro procedían de rebaños estabulados y mantenidos como reproductores bajo un manejo intensivo. Estos animales se alimentaban con dietas equilibradas con suplementos minerales y no coexistían con otras especies animales. En cambio, los caprinos de Puebla, Coahuila y Veracruz se mantenían en condiciones de manejo extensivo para la producción de carne, ya sea comercial o de consumo no comercial. Estos rebaños pasaban las mañanas pastando en la vegetación no manejada y a lo largo de los bordes de los caminos y eran encerrados durante la noche sin suplemento alimenticio adicional. Estas cabras convivían con otras especies animales en los corrales, principalmente con ovejas y pollos, así como con caballos, perros y gatos.

Se tomaron muestras de cabras que habían abortado recientemente o de cabras que habían parido recientemente con un historial de abortos (no más de 30 días en ambos casos). Las muestras vaginales se tomaron con hisopos estériles y se transportaron en tubos con 2 ml de medio de sacarosa-fosfato/glutamato (SPG) (217 mM de sacarosa, 4 mM de KH_2PO_4 , 7 mM de K_2HPO_4 y 1% de L-glutamina), complementado con 10% de suero fetal bovino (FBS; GIBCO, EE.UU.) y antibióticos (100 $\mu\text{g/ml}$ de estreptomina, 50 $\mu\text{g/ml}$ de gentamicina; Invitrogen, EE.UU.) ([Sachse et al., 2009](#)). En el laboratorio, las muestras se mantuvieron a -20°C hasta su procesamiento. Los experimentos con muestras y *Chlamydia* viva se realizaron en un laboratorio de bioseguridad de tipo III. Para la técnica de inmunofluorescencia y las reacciones de PCR, utilizamos una cepa de *C. abortus* A.22 amablemente donada por Petter C. Griffiths del Central Veterinary Laboratory, Reino Unido, en 1993. Esta muestra fue importada con el certificado zoosanitario n° 27491.

Aislamiento bacteriano

El aislamiento bacteriano se realizó en fibroblastos de ratón de la línea celular L929. Las células se cultivaron en un medio mínimo esencial de Eagle (EEMM; Invitrogen, EE.UU.), complementado con un 10% de suero bovino fetal (FBS), un 1% de aminoácidos no

esenciales, un 1% de L-glutamina a 37°C y un 5% de CO₂ (Escalante *et al.*, 1996). Para la identificación de los cuerpos clamidiales, se utilizaron 0,9×10⁵ células por pocillo, en placas de cultivo de poliestireno de 24 pocillos con cubreobjetos de vidrio estériles de 12 mm de diámetro (Mora *et al.*, 2015). La identificación de las inclusiones intracitoplasmáticas producidas por *C. abortus* se llevó a cabo mediante la técnica de inmunofluorescencia directa, utilizando las pruebas comerciales IMGEN Chlamydia (OXOID, Reino Unido) según las instrucciones del fabricante. Las inclusiones intracitoplasmáticas se visualizaron en un microscopio UV (Leica DM1000) con objetivos de 40X y 100X. Se consideró que una muestra era negativa después de dos pases ciegos sin detección de inclusiones intracitoplasmáticas.

Extracción de ADN

Las muestras de exudado vaginal se homogeneizaron y luego se transfirieron 500 µl de cada una a un microtubo estéril que se inactivó a 80°C durante 20 min. A continuación, se añadieron 100 µl de tampón NET (50 mM NaCl, 125 mM EDTA, 50 mM Tris HCl, pH 7,6) y 50 µl de SDS al 24% (3,4% de concentración final) y se incubaron a 80°C durante 10 min. Después, añadimos ARNasa a 75 µg/ml de concentración final, y se incubó durante 2 h a 50°C, seguido de proteinasa K (USB, Ohio, USA) a una concentración final de 325 µg/ml y se incubó a 50°C durante 90 min más. A continuación, añadimos un volumen 25:24:1 de fenol, cloroformo y alcohol isoamilico (Sigma-Aldrich, USA), mezclamos durante 15 min y centrifugamos a 16.060 g durante 5 min a temperatura ambiente.

Por último, se añadieron 0,6 volúmenes de isopropanol al sobrenadante y se centrifugó a 16.060 g durante 15 min. El ADN resultante se lavó con etanol frío al 70% y se centrifugó a 16.060 g durante 5 min. El ADN se resuspendió con 25 µl de agua libre de ADNasa.

Identificación molecular

La identificación molecular se realizó mediante PCR utilizando cebadores que amplifican un espaciador intergénico de ARN ribosómico 16S-23S de 342 pb. Los cebadores se diseñaron con el programa IDT SciTools Primer QuestSM, utilizando la secuencia del operón ribosómico de *C. abortus* A.22 depositada en GenBank con el número de acceso U68444.1 (Everett *et al.*, 1997). Las reacciones de PCR se realizaron en un volumen final de 50 µl, incluyendo un tampón de PCR 1X, 3 mM de MgCl₂, 400 µM de dNTP's, 25 pmol de cada cebador, 1 U de DreamTaq Polymerase (Thermo, USA), y 50 ng de ADN. La cepa *C. abortus* A.22 se utilizó como control positivo.

El protocolo de amplificación consistió en un ciclo inicial de desnaturalización de 5 min a 95°C, 40 ciclos a 95°C durante 1 min, 63°C durante 30 s, 72°C durante 1 min y una

extensión final a 72°C durante 10 min. Los productos de amplificación se observaron en un gel de agarosa al 1% (Thermo, USA) teñido con bromuro de etidio (0,5 µg/ml).

Las muestras que resultaron positivas para *C. abortus* mediante la PCR se purificaron utilizando el sistema comercial de extracción en gel QIAquick, siguiendo las instrucciones del fabricante. La secuenciación del producto se realizó en ambas direcciones mediante el método de secuenciación por fluorescencia Taq FS Dye Terminator. La secuencia consenso y la alineación de la secuencia se lograron con el programa Vector NTI.

Las secuencias del espaciador intergénico del ARN ribosómico 16S-23S obtenidas en este estudio se sometieron a búsquedas BLAST en la base de datos GenBank. Se establecieron alineamientos múltiples utilizando las secuencias del género *Chlamydia* disponibles en el GenBank con los algoritmos Clustal W y Muscle incluidos en el software MEGA versión 7.0.26 (Kumar *et al.*, 2016). La reconstrucción filogenética se realizó mediante un enfoque bayesiano con MrBayes versión 3.2 (Ronquist *et al.*, 2012). El análisis se realizó durante 3.000.000 de generaciones con árboles de muestreo cada 100 generaciones. Los árboles con puntuaciones inferiores a las de la fase estacionaria ("burn-in") fueron descartados, y los árboles que alcanzaron la fase estacionaria fueron recogidos y utilizados para construir árboles de consenso mayoritario.

RESULTADOS

Se infectaron células L929 con muestras clínicas y se utilizó la inmunofluorescencia para visualizar las inclusiones clamidiales. En total, se encontraron inclusiones en 43 de 186 muestras evaluadas (23,11%), es decir, 18 de 82 muestras de Coahuila, 13 de 67 de Veracruz, 7 de 25 de Jalisco y 5 de 7 de Querétaro (cuadro 1).

Tabla 1. Resumen de los resultados obtenidos de las técnicas bacteriológicas y de PCR empleadas en las muestras de exudados vaginales

Origen – Estados	Muestras	Positivo al aislamiento bacteriano	Positivo al PCR
Veracruz	67	13	2
Jalisco	25	7	5
Coahuila	82	18	5
Querétaro	7	5	6
Puebla	5	0	0
Total	186	43	18
Porcentaje total	100 %	23.19 %	9.68 %

El análisis por PCR reveló que 18 de las 186 muestras de ADN de exudado vaginal eran positivas para *C. abortus*. En todas las regiones muestreadas, Querétaro tuvo seis

muestras positivas, Coahuila y Jalisco tuvieron cinco muestras positivas cada uno, Veracruz tuvo dos y las muestras de Puebla no tuvieron resultados positivos.

Identificamos que la zona de amplificación incluía 70 pb de la subunidad ribosomal 16S, una región intergénica de 105 pb, la subunidad ribosomal 5S de 115 pb, otra región intergénica de 3 pb y la subunidad ribosomal 23S de 49 pb. Las secuencias fueron editadas con el programa Vector NTI y se realizó una búsqueda de homología en la base de datos GenBank (BLASTn), encontrando una identidad del 100% con *Chlamydia abortus* EF486854, U76710, U68444, entre otras. La *Chlamydia abortus* FMVZ455365 fue la única cepa que presentó una homología diferente a las otras cepas, esto debido a un simple cambio en una base C/T en la posición 236, sin embargo esta cepa mostró 100 identidades con *C. abortus* CP031646, LS450958 y KX870501, entre otras. Las secuencias completas obtenidas para *C. abortus* se depositaron en el GenBank con los números de acceso FMVZ0Y55 (MZ093042), FMVZ455376 (MZ099638), FMVZ0Y54 (MZ099636), FMVZ455365 (MZ093041), FMVZ45535 (MZ093043), FMVZ9505 (MZ099635) y FMVZ9595 (MZ099634) (Figura 1).

DISCUSIÓN

Los resultados revelaron la presencia de *C. abortus* en cabras de cuatro de los cinco estados mexicanos muestreados. En un estudio anterior, se aisló *C. abortus* en cabras del estado de Guanajuato que habían abortado (Mora *et al.*, 2015).

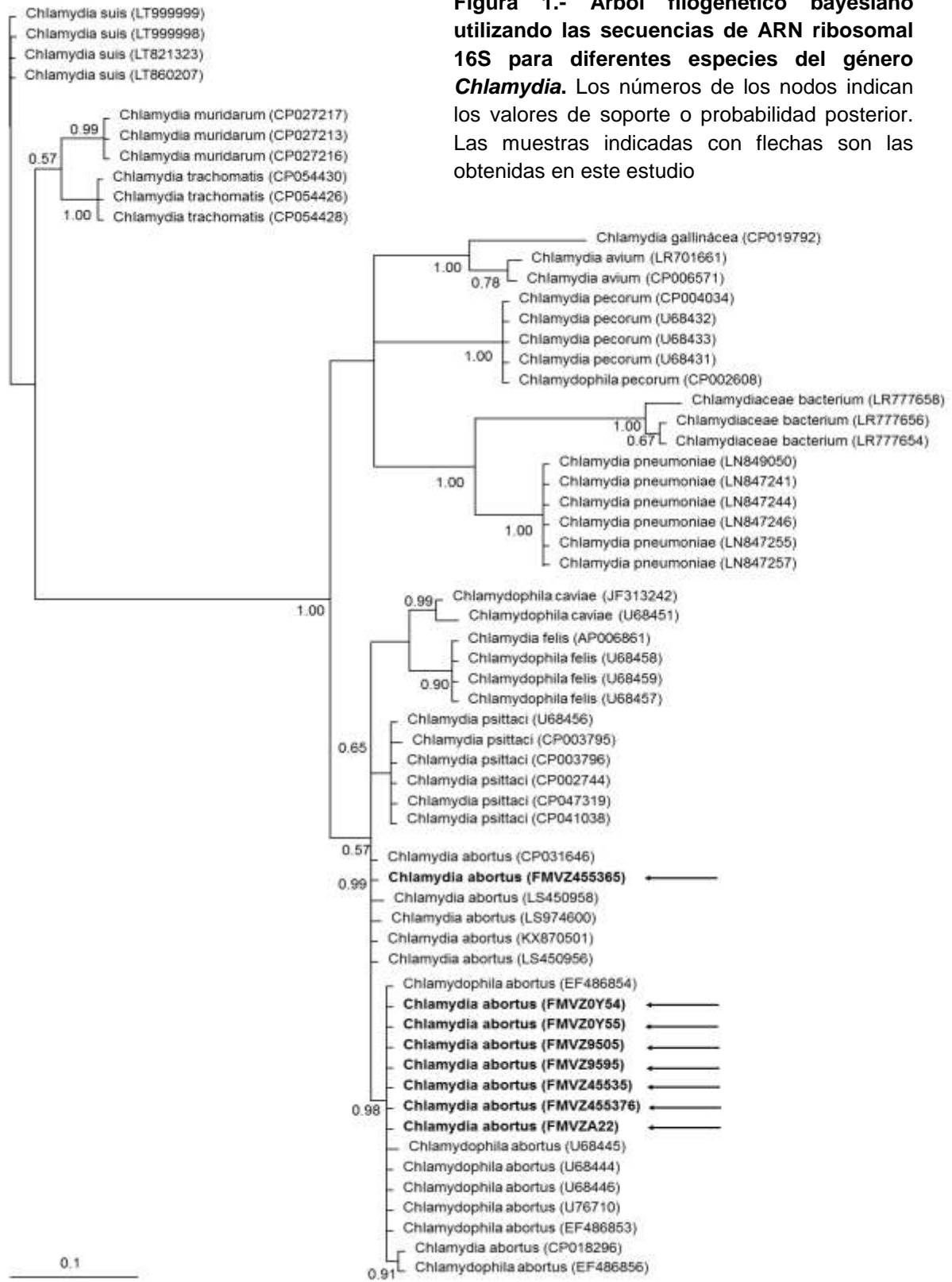
Existen diferentes causas de aborto infeccioso o no infeccioso en rumiantes, y la desnutrición durante la gestación parece ser la más común en los sistemas de producción caprina extensiva. La falta de alimento, las largas distancias entre las zonas de pastoreo y de refugio, la exposición a altas temperaturas y la escasez de agua potable son condiciones de pastoreo frecuentes durante la estación seca que pueden causar estrés que conduce al aborto. Sin embargo, dado que *C. abortus* es siempre un patógeno y no forma parte de la flora bacteriana, el aislamiento de este microorganismo en rebaños en los que varios animales presentan fallos reproductivos puede tomarse como un diagnóstico definitivo y preciso (Mellado *et al.*, 2004; Urrutia *et al.*, 2015; OIE, 2018).

El aislamiento es la prueba de referencia para demostrar la presencia de *C. abortus*, pero las inconsistencias en el cultivo celular, incluyendo la muerte durante el transporte, la conservación inadecuada de la muestra o la contaminación pueden conducir a una baja sensibilidad (Thejls *et al.*, 1994; Sachse *et al.*, 2009). Al complementar el aislamiento con la PCR, encontramos 18/186 (9,23%) muestras positivas. Nuestros resultados son inferiores a los descritos por Mora *et al.* (2015), quienes informaron de 30/125 (24%) muestras de exudado vaginal positivas a la PCR y pudieron confirmar el 88,23% de las muestras positivas obtenidas por aislamiento. En el presente estudio, la PCR solo

confirmó el 42,8% de los resultados positivos observados mediante aislamiento. Es posible que hayamos observado falsos negativos debido a la baja carga bacteriana de la muestra, la contaminación cruzada de la muestra o porque otros elementos presentes en las muestras de exudado vaginal pueden haber inhibido la PCR (OIE, 2018). Se sabe que algunos elementos normalmente presentes en las muestras clínicas a veces afectan a la sensibilidad del ensayo, o incluso impiden la amplificación del ADN (Schrader *et al.*, 2012). Entre estos elementos se encuentran los polisacáridos, el calcio, el colágeno, la hemoglobina, la sacarosa y las proteinasas que se originan en el propio animal o en su flora bacteriana.

Por el contrario, aunque inferior a la de Mora *et al.* (2015), nuestra tasa de confirmación de positividad por PCR fue superior a la reportada por Campos-Hernández *et al.* (2014). En ese estudio, que evaluó 246 muestras mediante PCR, la presencia de *C. abortus* solo pudo confirmarse en el bazo de un feto abortado. Asimismo, nuestros resultados de positividad por PCR son superiores a los de algunos estudios europeos. Un informe de Italia (Chisu *et al.*, 2013) utilizó la PCR para detectar 3/40 (7,5%) muestras positivas en rebaños de ovejas con alta incidencia de abortos. En contraste con nuestro estudio, su evaluación tenía menos muestras, pero estas provenían de placentas. Por otro lado, un estudio en Alemania (Lenzko *et al.*, 2011) muestreó 32 rebaños de cabras con tasas de aborto inferiores al 1%. Analizaron 352 exudados vaginales mediante PCR, y sus resultados revelaron que 28 animales (7,95%) eran positivos a *C. abortus*. Estos datos indican que las infecciones por *Chlamydia* ocurren con frecuencia en esta región incluso en ausencia de altas tasas de aborto, esto podría deberse a la endemicidad de la enfermedad en la región (Lenzko *et al.*, 2011).

Aunque las placentas y los fetos abortados son los tejidos con mayor carga bacteriana y, por tanto, la mejor fuente para el aislamiento bacteriano (Sachse *et al.*, 2009; Rodolakis y Laroucau, 2015), las condiciones de cría del rebaño muestreado hacían inviable la recogida de estos tejidos. La mayoría de los rebaños de nuestro estudio se mantienen bajo sistemas de manejo extensivo, donde las cabras sin supervisión recorren muchos kilómetros para llegar a los pastos comunales. Como estas condiciones de campo hacen inviable la recuperación y recogida de fetos y placentas, en su lugar tomamos muestras de exudados vaginales. Los estudios realizados tanto en México como en otros países han demostrado que los exudados vaginales son muestras adecuadas y pueden utilizarse ampliamente para el diagnóstico. (Papp *et al.*, 1994; Jiménez-Estrada *et al.*, 2008; Gutierrez *et al.*, 2011; Campos-Henández *et al.*, 2014; Mora *et al.*, 2015; Laroucau *et al.*, 2018; O' Neill *et al.*, 2019)



Aunque se acepta que trabajar con tejidos que tienen una alta carga bacteriana favorece el nivel de sensibilidad de la PCR ([Livingstone et al. 2009](#)), otros estudios en México han utilizado con éxito la PCR para detectar *C. abortus* en exudados vaginales. En 2008, un estudio analizó 304 exudados vaginales de ovejas con historial de abortos procedentes del Estado de México. Este estudio encontró un 0,65% de positividad ([Jiménez-Estrada et al., 2008](#)) que es una tasa de positividad menor que la de nuestros resultados. Es posible que las prácticas ganaderas que permiten la interacción entre ovejas y cabras predispongan la diseminación de *Chlamydia* entre rebaños.

Como parte de la identificación de las especies de *Chlamydia* implicadas en nuestro estudio, y concretamente para descartar la posibilidad de que otra bacteria sea responsable de los abortos en las cabras (concretamente *C. pecorum*), fue necesario complementar la PCR con la secuenciación de fragmentos amplificados.

Las secuencias mostraron una alta identidad con la mayoría de las secuencias de *C. abortus*, disponibles en las bases de datos. Se obtuvo un resultado similar cuando se realizaron análisis filogenéticos, observando poca variación en el clado de *C. abortus* FMVZ455365, que un aparentemente separado de las cepas mexicanas de *C. abortus* con una probabilidad posterior del 98 y 99%, respectivamente.

A partir de 2016, la clamidiasis se considera endémica en México ([DOF, 2016](#)). Antes de esto, había sido considerada exótica, lo que impedía la implementación de técnicas de diagnóstico y medidas de control, lo que a su vez favorecía la propagación de la enfermedad. Es posible que las consecuencias de la presencia de *Chlamydia abortus* en México sean similares a las reportadas a nivel mundial, y que la falta de herramientas de detección necesarias haya favorecido su presencia en México sin que se haga evidente ([Sachse et al., 2009](#)). Además, el análisis de los estudios de ovejas y cabras puede mostrar que la bacteria se ha diseminado por todo el país, pero no en la misma proporción en las diferentes regiones. De hecho, los resultados serológicos positivos de zonas de México con importantes poblaciones caprinas (distribuidas por el norte, centro, oeste y este del país) parecen mostrar que la falta de diagnóstico rutinario antes del transporte de los animales ha fomentado la diseminación de la enfermedad, y los riesgos sanitarios y socioeconómicos concomitantes ([Mora et al., 2015](#); [Campos-Henández et al., 2014](#); [Jiménez-Estrada et al., 2008](#)).

El objetivo de nuestro estudio fue determinar la presencia de *Chlamydia* spp. en algunas regiones importantes de producción caprina en México. Aunque el tipo de muestreo que utilizamos no nos permitió medir la prevalencia de la enfermedad, nuestros resultados mostraron que *Chlamydia abortus* se aisló en el 23% de las cabras que habían sufrido abortos. Esto evidencia que *C. abortus* es un patógeno importante que requiere atención

así como la implementación de medidas de control, tanto en cabras como en otras especies productivas en las que tenemos evidencia de la enfermedad. Estudios serológicos recientes en vacas lecheras mexicanas con abortos y trastornos reproductivos mostraron que de un total de 833 muestras analizadas, 90 (10,8%) resultaron positivas a *C. abortus*. En el estado de Guanajuato, el 6% (15/237) de los animales resultaron seropositivos y el 18,5% (15/81) de los rebaños muestreados tienen al menos un animal seropositivo (Limón et al., 2011). En un estudio serológico realizado en rebaños de ovejas entre 2011 y 2013, se analizaron 5.321 muestras de sangre de ovejas de 209 unidades de producción de 61 municipios de siete estados de México, y se encontraron tasas de positividad entre el 24% y el 67% (Palomares et al., 2020). Es necesario realizar más investigaciones sobre la prevalencia y la distribución de *C. abortus* para entender mejor su impacto en las cabras y la producción en México. También es necesario implementar medidas pertinentes para controlar y prevenir la transmisión de *C. abortus* entre los animales para evitar la infección humana. Además, es necesario prestar especial atención a la educación y concienciación sobre el riesgo de la enfermedad para las personas que trabajan directamente con los animales, así como en los laboratorios de microbiología, dado que los casos humanos de infecciones por *C. abortus* se derivan de la exposición a ovejas y cabras infectadas, aerosoles y materiales contaminados (Longbottom y Coulter, 2003; Ortega et al., 2015; Pichon et al., 2020).

CONCLUSIÓN

El presente estudio confirma que *Chlamydia abortus* se encuentra en cabras mexicanas que han tenido abortos, en los estados de Coahuila, Jalisco, Querétaro y Veracruz. Además, que *Chlamydia abortus* es el agente etiológico de la clamidiosis, lo que apoya y confirma la presencia de clamidiosis en México. Es de suma importancia estudiar la distribución de esta bacteria en todo México, con el fin de implementar medidas de prevención y control para evitar la propagación de la enfermedad, así como para disminuir el riesgo de infección en humanos.

Declaración de conflicto de intereses

Los autores no tienen nada que declarar.

LITERATURA CITADA

CAMPOS-HERNÁNDEZ E, Vázquez-Chagoyán JC, Salem AZ, Saltijeral-Oaxaca JA, Escalante-Ochoa C, López-Heydeck SM, de Oca-Jiménez RM. 2014. Prevalence and molecular identification of *Chlamydia abortus* in commercial dairy goat farms in a hot region in Mexico. *Tropical Animal Health and Production*. 46(6):919-924. <https://doi.org/10.1007/s11250-014-0585-6>

CHISU V, Porcu R, Tanda A, Masala G. 2013. First isolation and characterization of *Chlamydophila abortus* from abortion tissues of sheep in Sardinia, Italy. *Veterinaria Italiana*. 49(4):331-334. <https://doi.org/10.12834/VetIt.1303.10>

DOF (Diario oficial de la Federación). 2016. Acuerdo mediante el cual se dan a conocer en los Estados Unidos Mexicanos las enfermedades y plagas exóticas y endémicas de notificación obligatoria de los animales terrestres y acuáticos. 4 de mayo de 2016. http://www.dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5436016&fecha=04/05/2016

ESCALANTE OC, Díaz A, Segundo Z, Suárez G. 1997. Isolation of *Chlamydia psittaci* involved in abortion of goats in Mexico: First Report. *Revista Latinoamericana de Microbiología*. 39(3-4):117–121. PMID: 10932720. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10932720/>

ESCALANTE OC, Lazcano A, Soberón M. 2001. *Chlamydophila* spp. Como agente zoonótico en México: Reporte de un caso. Abstracts of XXXVII Reunión Nacional de Investigación Pecuaria. Tuxtla Gutierrez, Chiapas, México. Pp. 41. ISSN: 24485284.

ESCALANTE OC, Rivera F, Trigo T, Romero M. 1996. Detection of *Chlamydia psittaci* in enteric subclinical infections in adult sheep through cell culture isolation. *Revista Latinoamericana de Microbiología*. 38(1):17–23. PMID: 8783901. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/8783901/>

EVERETT KD, Andersen AA. 1999. Identification of nine species of the *Chlamydiaceae* using PCR-RFLP. *International Journal of Systematic Bacteriology*. 49(2): 803–813. <https://doi.org/10.1099/00207713-49-2-803>

EVERETT KD, Andersen AA. 1997. The ribosomal intergenic spacer and domain I of the 23S rRNA gene are phylogenetic markers for *Chlamydia* spp. *International Journal of Systematic Bacteriology*. 47(2): 461-473. <https://doi.org/10.1099/00207713-47-2-461>

GUTIERREZ J, Williams EJ, O'Donovan J, Brady C, Proctor AF, Marques PX, Worrall S, Nally JE, McElroy M, Bassett HF, Sammin DJ, Markeya BK. 2011. Monitoring clinical outcomes, pathological changes and shedding of *Chlamydophila abortus* following experimental challenge of periparturient ewes utilizing the natural route of infection. *Veterinary Microbiology*. 147(1-2):119-126. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2010.06.015>

JIMÉNEZ-ESTRADA JM, Escobedo-Guerra MR, Arteaga-troncoso G, López-hurtado M, De Haro-Cruz MDJ, Montes de Oca JR, Guerra-Infante FM. 2008. Detection of *Chlamydophila abortus* in Sheep (*Ovis aries*) in Mexico. *American Journal of Animal and Veterinary Sciences*. 3(4):91-95. <https://thescipub.com/abstract/ajavsp.2008.91.95>

KUMAR S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*. 33(7):1870-1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>

LAROUCAU K, Aaziz R, Vorimore F, Menard MF, Longbottom D, Denis G. 2018. Abortion storm induced by the live *C. abortus* vaccine 1B strain in a vaccinated sheep flock, mimicking a natural wild-type infection. *Veterinary Microbiology*. 225:31-33. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.09.012>

LAZCANO AC. 2006. Detección de *Chlamydophila* spp. en rebaños caprinos del Estado de Michoacán mediante técnica inmunodiagnóstica ELISA y aislamiento bacteriológico. Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México, CDMX, México. https://ru.dgb.unam.mx/handle/DGB_UNAM/5/browse?type=author&order=ASC&rpp=20&value=Lazcano+Arrebillaga%2C+Cnidia

LENZKO H, Moog U, Henning K, Lederbach R, Diller R, Menge C, Sachse K, Sprague LD. 2011. High frequency of chlamydial co-infections in clinically healthy sheep flocks. *BMC Veterinary Research*. 7(29). <https://doi.org/10.1186/1746-6148-7-29>

LIMÓN GMM, Favila HLC, Herrera LE, Lozano DRR, Meléndez SRM, Morales AJF, Díaz AE, Vitela MI, Córdova LD. 2011. Clamidiofilosis en vacas lecheras con problemas reproductivos en Guanajuato y Aguascalientes: Resultados preliminares. Abstracts of XLVII Reunión Nacional de Investigación Pecuaria, Mérida, Yucatán, México. ISBN: 978-60-425-582-9.

LIVINGSTONE M, Wheelhouse N, Maley SW, Longbottom D. 2009. Molecular detection of *Chlamydophila abortus* in post-abortion sheep at oestrus and subsequent lambing. *Veterinary Microbiology*. 135(1-2):134-141. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2008.09.033>

LONGBOTTOM D, Coulter LJ. 2003. Animal chlamydioses and zoonotic implications. *Journal of Comparative Pathology*. 128(4):217-244. <https://doi.org/10.1053/jcpa.2002.0629>

MELLADO M, Valdez R, Lara LM, García JE. 2004. Risk factors involved in conception, abortion, and kidding rates of goats under extensive conditions. *Small Ruminant Research*. 55 (1-3):191-198. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2003.10.016>

MORA DJC, Díaz AE, Herrera LE, Suárez GF, Escalante OC, Jaimes VS, and Arellano-Reynoso B. 2015. Isolation of *Chlamydia abortus* in dairy goat herds and its relation to abortion in Guanajuato, Mexico. *Veterinaria Mexico OA*. 2(1). <https://doi.org/10.21753/vmoa.2.1.339>

OIE (Organización mundial de sanidad animal). 2018. Manual terrestre de la OIE. Capítulo 3.7.5. Aborto enzoótico de las ovejas (Clamidiosis ovina) (Infección por *Chlamydia abortus*). https://www.oie.int/fileadmin/Home/esp/Health_standards/tahm/3.07.05_Aborto_enz_ov_ejas.pdf

O'NEILL LM, Keane OM, Ross PJ, Nally JE, Seshu J, Markey B. 2019. Evaluation of protective and immune responses following vaccination with recombinant MIP and CPAF from *Chlamydia abortus* as novel vaccines for enzootic abortion of ewes. *Vaccine*. 37(36): 5428–5438. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2019.06.088>

ORTEGA N, Caro MR, Gallego MC, Murcia-Belmonte A, Alvarez D, Del Rio L, Cuello F, Buendía AJ, Salinas J. 2015. Isolation of *Chlamydia abortus* from a laboratory worker diagnosed with atypical pneumonia. *Irish Veterinary Journal*. 69, 8. <https://doi.org/10.1186/s13620-016-0067-4>

PALOMARES REG, Mejía SP, Aguilar RF, De la Cruz CL, Jiménez SH, Leyva CJC, Morales PMI, Díaz AE. 2020. Frecuencia y factores de riesgo asociados a la presencia de *Chlamydia abortus*, en rebaños ovinos en México. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*.11(3):783-794. ISSN 2428-6698. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i3.5269>

PAPP JR, Shewen PE, Gartley CJ.1994. Abortion and subsequent excretion of *Chlamydiae* from the reproductive tract of sheep during estrus. *Infection and Immunity*. 62:3786-3792. PMID: 8063395. <https://iai.asm.org/content/62/9/3786.short>

PICHON N, Guindre L, Laroucau K, Cantaloube M, Nallatamby A, Parreau S. 2020. *Chlamydia abortus* in Pregnant Woman with Acute Respiratory Distress Syndrome. *Emerging Infectious Diseases*. 26(3): 628-629. <https://doi.org/10.3201/eid2603.191417>

RONQUIST F, Teslenko M, van der Mark P, Ayres DL, Darling A, Höhna S, Larget N, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP. 2012. MrBayes 3.2: Efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology*. 61(3): 539-542. <https://doi.org/10.1093/sysbio/sys029>

SACHSE K, Vretou E, Livingstone M, Borel N, Pospischil A, Longbottom D. 2009. Recent developments in the laboratory diagnosis of chlamydial infections. *Veterinary Microbiology*. 135(1-2):2-21. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2008.09.040>

SCHRADER C, Schielke A, Ellerbroek L, Johne R. 2012. PCR inhibitors - occurrence, properties and removal. *Journal of Applied Microbiology*. 113(5): 1014-1026. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2672.2012.05384.x>

RODOLAKIS A, Laroucau K. 2015. *Chlamydiaceae* and chlamydial infections in sheep or goats. *Veterinary Microbiology*. 181(1-2):107-118. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2015.07.010>

SORIANO VE, Jiménez EJM, Salgado MC, López HM, Escobedo GMR, Guerra IFM. 2011. Identificación de *Chlamydophila abortus* en un aborto ovino en Almoloya de Juárez, México. *Revista electrónica de veterinaria*. 12(11): 1-6. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=63622049007>

STUEN S, Longbottom D. 2011. Treatment and control of chlamydial and rickettsial infections in sheep and goats. *Veterinary Clinics of North America: Food Animal Practice*. 27(1):213-233. <https://doi.org/10.1016/j.cvfa.2010.10.017>

THEJLS H, Gnarpe J, Gnarpe H, Larsson PG, Platz-Christensen JJ, Ostergaard L, Victor A. 1994. Expanded gold standard in the diagnosis of *Chlamydia trachomatis* in a low prevalence population: diagnostic efficacy of tissue culture, direct immunofluorescence, enzyme immunoassay, PCR and serology. *Genitourinary Medicine*. 70 (5):300-303. <https://sti.bmj.com/content/70/5/300>

URRUTIA MJ, Vera AHR, Villagómez-Amezcuca ME. 2015. "Aborto no infeccioso". In: Díaz-Aparicio E, Tórtora-PÉREZ J, Palomares-Resendiz E, Gutiérrez-Hernández J. Enfermedades de las cabras. Mexico: INIFAP, SAGARPA. ISBN: 978-607-37-0411-3.