

CARACTERIZACION MOLECULAR DE AISLAMIENTOS DE *Brucella canis* EN LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Miceli A¹, Di Lorenzo C¹, Scuffi B¹, Argenio L¹.

¹Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de La Plata. Buenos Aires Argentina

INTRODUCCIÓN

Las cepas de *Brucella canis* (*B. canis*) son clasificadas dentro de dos grupos, Grupo 1 y Grupo 2, de acuerdo a la presencia o ausencia de una delección de 794 pb en el gen del polisacárido desacetilasa, respectivamente (Koylass *et al.*, 2010).

OBJETIVO/S

Nuestro objetivo fue determinar el genotipo de los aislamientos de *Brucella canis* predominante en la Prov. de Buenos Aires, a partir de 39 aislamientos de *B. canis* provenientes de infecciones naturales.

MATERIALES & MÉTODOS

Las 39 cepas aisladas fueron analizadas por tres Reacciones en Cadena de la Polimerasa (PCR) simple, empleando 3 pares de cebadores, de los 8 descritos por García-Yoldi *et al.* (2006). El primer par de cebadores utilizado fue el específico de género BME110987f y BME110987r, que amplifica un fragmento de 152 pb en todas las especies de *Brucella* excepto *B. neotomae*. El segundo par consistió en los cebadores BR00953f y BR0953r, que amplifican un fragmento de 272 pb en *B. canis*, *B. suis* y *B. neotomae*. El último par fue el BME11436f y el BME11435r específicos de especie, que amplifican un fragmento de 794 pb en *B. suis*, pero no en *B. canis* ATCC 23365.

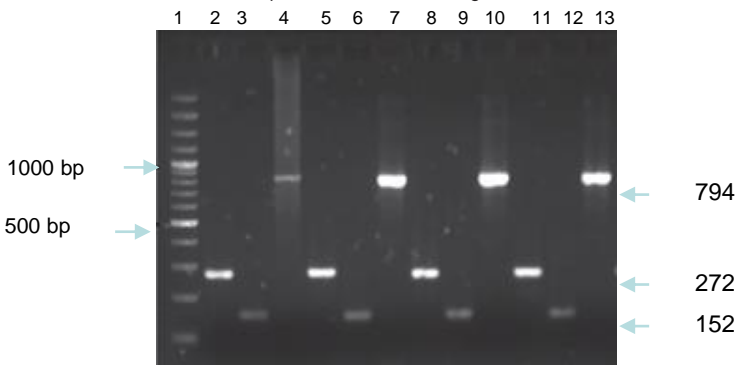
Tabla 1. Secuencia de los Cebadores utilizados

Cebadores	Secuencia
BME110987f	CGCAGACAGTGACCATCAAA
BME110987r	GTATTCAGCCCCGTTACCT
BR00953f	GGAACACTACGCCACCTTGT
BR0953r	GATGGAGCAAACGCTGAAG
BME11436f	ACGCAGACGACCTTCGGTAT
BME11435r	TTTATCCATCGCCCTGTCAC

RESULTADOS

Todos los aislamientos amplificaron los fragmentos de 152, 272 y 794 pb indicando que pertenecen al Grupo 2

Figura 1. Amplificación de 3 productos PCR (152, 272 and 794 bp) de 5 cepas de las 39 *B. canis* aisladas de caninos naturalmente infectados en la pcia de Buenos Aires Argentina



Referencia: Línea 1: Marcador de peso molecular (Fermentas Inc., Burlington, Canadá). Líneas 2-4: Cepa 1. Líneas 5-7: Cepa2. Líneas 8-10: Cepa 3. Líneas 11-13: Cepa 4. Líneas 14-16: Cepa 5.

CONCLUSIONES

•Este estudio presenta evidencia sólida para clasificar las cepas de *Brucella canis* aisladas en Buenos Aires (Argentina) en el Grupo 2. Este estudio molecular de *B. canis* en Argentina, puede ser el inicio de la caracterización de la dinámica epidemiológica y clínica de la infección en el país.