

Prueba PCR multiplex para el diagnóstico de la brucelosis canina

ANA PAOLA MICELI, CECILIA LAURA DI LORENZO Y ANA BELÉN SCUFFI

Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP). La Plata, Buenos Aires, Argentina

cdilorenzo57@gmail.com

La *Brucella canis* tiene como huésped específico al canino, pero este es capaz de infectarse también con *Brucella abortus*, *suis* y *melitensis*. El objetivo del trabajo es el de determinar la utilidad diagnóstica de una prueba de PCR multiplex para la discriminación de la infección en el canino por las diferentes especies del género *Brucella spp.* Se utilizaron cepas de *B canis* RM 6/66, Cepa M menos y 81 cepas bioquímicamente compatibles, aislados de caninos naturalmente infectados y certificadas por el Instituto Malbrán de Argentina, Cepas vacunales de *B abortus* cepa 19, RB51 y *B. melitensis* Rev 1, una cepa de campo de *Brucella suis*, certificada por el Instituto Malbrán. Las cepas se cultivaron en Agar Tripticosa Soya por 48 h, y se realizó la extracción del DNA, utilizando el kit de Fermentas (*Genomic DNA Purifications Kit*). Se continuó con el protocolo publicados por GARCÍA-YOLDI y col. (2006), utilizando los 8 pares de oligonucleótidos publicados. Las bandas correspondientes a las cepas lisas difieren en número y tamaño, *B abortus* cepa 19 amplificó tres bandas principales de: 1682; 794; y 450 pb; *Brucella abortus* RB51: amplificó 3 bandas principales (794, 587 y 450 pb) diferenciándose de la anterior en la presencia de la banda de 587 pb. *B. melitensis* cepa Rev 1 amplificó 5 bandas de 1682,1071,794,587,450). *B suis*, amplificó 5 bandas

(1682,794,587,450 y 280 pb, respectivamente). Las cepas de *B. canis* RM 666, y el resto de las cepas de *B. canis* resultaron con las mismas 5 bandas que amplificara *B. suis*. Los resultados resultan alentadores, por lo que el PCR puede ser una excelente metodología para el diagnóstico directo de la brucelosis canina, de una manera simple y segura, para aquellos laboratorios que no tienen la posibilidad de realizar el examen bacteriológico, permitiendo además la identificación de las biovariedades y la posibilidad de inferir sobre las posibles fuentes de infección y el cuadro epidemiológico de la enfermedad en cada caso. Debiendo resaltar que a partir del trabajo de otros autores y nuestros resultados, la semejanza entre *B. suis* y *B. canis* plantea la necesidad de analizar sus posibles causas.

Palabras clave: brucelosis canina, diagnóstico molecular, género biovariedades.