

# **AISLAMIENTO DE BRUCELLA MELITENSIS VARIADAD CANIS ST18 Y ST 21 EN ARGENTINA**

Microbiología, Enfermedades Infecciosas y parasitarias.

**Miceli.AP, Di Lorenzo.C ,Cabral.M, , Scuffi,MB and Risso,M.** <sup>1</sup>

<sup>1</sup> *La Plata Facultas de Ciencias Veterinarias*

[ana.miceli@fcv.unlp.edu.ar](mailto:ana.miceli@fcv.unlp.edu.ar)

## **INTRODUCCION**

La brucelosis es una enfermedad causada por *Brucella canis*, que es una bacteria que se aisló por primera vez de los fetos de cachorros muertos en el medio de los años 1960. Se trata de las bacterias más comunes que pueden infectar a las perras. Parece que en los últimos años se ha escrito mucho sobre la brucelosis en la cría de perros, pero a pesar de todo, las tasas de infección puede llegar a alcanzar hasta un 8-10%. *Brucella canis* también representa un riesgo significativo para la salud pública, ya que es transmisible a los seres humanos. Los seres humanos pueden desarrollar una insuficiencia hepática grave o la artritis

## **MATERIALES Y METODOS**

La brucelosis es una de las principales causas de la infertilidad canina. Es principalmente una enfermedad de transmisión sexual, pero también puede ser transmitida por el contacto con fluidos corporales infectados. La enfermedad se puede transmitir de perros a humanos. El diagnóstico de la brucelosis ha sido tradicionalmente por la sonda de detección serológica y cultivo de las bacterias. La incorporación de la detección molecular por PCR, puede proporcionar una identificación más rápida, sensible y específica de estas bacterias en una muestra y minimizar la exposición humana. Ensayos basados en la PCR Se han desarrollado muchos para la identificación de *Brucella.spp* para mejorar las capacidades de diagnóstico. Bruce lader etc

El uso de esta herramienta de la tipificación molecular en nuestro propio laboratorio reveló que, aunque en general el ensayo funciona de forma excelente, para distinguir cepas de abortus B (S19 y SRB51) y *B. melitensis* (Rev. 1) *B. canis*, pero hubo problemas con la discriminación entre *B. canis* y *B. suis*.

## **DISCUSION Y CONCLUSIONES**

De acuerdo con Whatmore en 2007, que confirma la estrecha relación de *B. canis* con *B. suis* biovar 3 y 4 aislamientos de la que difiere en sólo 1 o 2 sitios polimórficos ambos localizados en el fragmento omp25, identificadas con ST18 como *canis* y ST21 , como *suis*.

El objetivo fue identificar biotipo de *Brucella canis* en circulación en nuestro país, mediante PCR. Utilizamos 83 cepas de *Brucella canis*, confirmados por la Argentina Instituto ANLIS Malbrán, aislados en la provincia de Buenos Aires y San Luis, usando la PCR multiplex descrito por García-

Yoldi et al, 2006 En pocas palabras:.. Protocolo de extracción de ADN con la Genómica Purificación de ADN Kit PureExtreme Escalera: Fermentas Gene. Regla: 50 pb escalera del ADN. GapdPH como control de la expresión de ADN. Los cebadores y protocolo, según García-Yoldi. Obtuvimos 80 cepa de este aspecto del estudio como suis B (ST21) y 3 cepa mirada como canis (ST18). Hasta ahora, el biotipo aislado en la provincia de Buenos Aires se informó a ST21 biotipo comprar la incorporación de nueva cepa de otra provincia de dar oportunidad de identificación de otra byotipe (ST18), ya descriptive.by Whatmore, A en 2007.

## BIBLIOGRAFIA

-Caracterización de la diversidad genética de *Brucella* por multilocus .Adrian M Whatmore \*, Lorraine L Perrett y Alastair MacMillan P

-Comparative Whole-Genome Hybridization Reveals Genomic Islands in *Brucella* Species†Gireesh Rajashekara, Jeremy D. Glasner, David A. Glover, and Gary A. Splitter\**Department of Animal Health and Biomedical Sciences, University of Wisconsin, Madison, Wisconsin 53706* Received 23 February 2004/Accepted 19 April 2004

-Evolución comparada de mecanografía SNP y 'Bruce-ladder' en el discriminación de *Brucella suis* y *Brucella canis* Mark S. Koylass, Amanda C. King, James Edwards-Smallbone, Krishna K. Gopaul, Lorraine L. Perrett, Adrian M. Whatmore