



XV encuentro
Participación de la
Mujer
en la Ciencia

Dorothy Croufoot Hodgkin
Química Británica



EVALUACIÓN DE LOS PATRONES DE EXPRESIÓN DE GENES RELACIONADOS CON FACTORES DE VIRULENCIA Y QUORUM SENSING EN BRUCELLA MELITENSIS AISLADA DE HUMANO

Evelin Yanina Martínez Acevedo¹, Itzel Estephania Guarneros León¹, Eliu Flores Martínez¹, Victorino Gilberto Serafin Alatríste Bueno¹, Elsa Iracena Castañeda Roldán¹ y Laura Morales Lara¹

¹ Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. yaninadelcentrolab@gmail.com

La brucelosis es una zoonosis causada por bacterias del género *Brucella*, *B. melitensis* es una de las especies más virulentas. Su poder patógeno es activado en respuesta a la expresión organizada y coordinada en tiempo y espacio de factores de virulencia que participan en el encendido y apagado del Quorum Sensing (QS).

Identificar diferencias en patrones de expresión de mRNA de los genes *vjbR*, *virB2*, *fliC*, *fliF*, *aibP*, *omp31*, *rbsB* y *ugpB* en *B. melitensis* aislada de humano (H18) y *B. melitensis* 16M, durante la fase de crecimiento exponencial.

Se establecieron las curvas de crecimiento en caldo BrucellaBUAP, 37°C/20h. La expresión de mRNA se evaluó mediante RT-PCR (2, 6, 8 y 12h, fase exponencial). Los amplicones obtenidos fueron analizados por electroforesis en gel de agarosa al 1%, 110V/30 min. La densitometría se normalizó con mRNA BMEI0861.

Se identificaron diferencias significativas en la expresión de genes *vjbR* y *aibP*, *virB2*, *fliF*, *fliC* y *ugpB*, en *B. melitensis* 16M y H18 entre las fases temprana y tardía logarítmica, y una expresión mayor en la cepa aislada de humano en comparación con la cepa de referencia.

Los resultados obtenidos sugieren que los cambios durante la fase logarítmica pueden modular la expresión de genes involucrados en la virulencia y el QS. La fase logarítmica temprana se caracterizó por el incremento de factores de virulencia a diferencia de la final de la misma en la cual el efecto fue opuesto, al incrementar la expresión de *aibP*, relacionado con la disminución de la expresión de factores de los virulencia *vjbR*, *virB2*, *fliF* y *fliC*. Es posible que la cepa humana tenga una mayor capacidad para incrementar la expresión de estos genes, en comparación con la cepa de referencia, lo que podría influir en sus capacidades virulentas.