



## ANÁLISIS AMPLIO DE GENOTIPOS DE *M. BOVIS* A PARTIR DE AISLADOS MEXICANOS MEDIANTE LA TÉCNICA DE VNTR

Elba Rodríguez Hernández<sup>1</sup>, Susana Flores Villalva<sup>1</sup>, Germinal J. Cantó Alarcón<sup>2</sup>, Feliciano Milián Suazo<sup>2</sup>, Alejandro Nava Vargas<sup>2</sup> y Yezenia Rubio Venegas<sup>2</sup>

1 CENID FISIOLÓGIA Y MA-INIFAP, 2 Universidad Autónoma de Querétaro. rohe577@hotmail.com

En México existen pocos reportes del estudio a gran escala de genotipos de *M. bovis* determinados mediante la técnica de VNTR, y en vista de que muchas regiones del país han sido poco exploradas a este respecto, en nuestro trabajo utilizando la técnica antes mencionada, realizamos la genotipificación de aislados provenientes de diferentes regiones del país. Obtuvimos datos de perfiles genotípicos de *M. bovis* que aportan información relevante sobre las diferencias genéticas de las cepas estudiadas, la relación entre ellas y distribución; para cumplir con nuestro objetivo se muestrearon hatos lecheros de diversas regiones del país. Obtuvimos muestras de animales enviados a rastro a partir de tejido sospechoso a la infección con tuberculosis. Con las muestras analizadas identificamos alrededor de 451 perfiles genéticos de aislados de *M. bovis*; a estas mismas muestras previamente se les había tipificado mediante la técnica de espiligotipificación, así que realizamos la comparación y la relación entre ellos. Las muestras positivas fueron analizadas por VNTR utilizando 12 *loci*. Realizamos el análisis de longitud de fragmentos del producto de la PCR. Los perfiles obtenidos fueron capturados en Excel y se compararon filogenéticamente entre ellos; utilizando el programa MIRU-VNTR *plus* para obtener los dendogramas. La diversidad alélica de los VNTR individualmente y en combinación fue calculada usando la siguiente ecuación  $D=1-\sum x_i^2[n/(n-1)]$ . Los resultados demuestran que una colección de 12 MIRU-VNTR en combinación con resultados de espiligotipificación de estos aislados incrementa considerablemente el poder de discriminación entre cepas, con lo que se demuestra su eficacia; especialmente los loci 2461 ( $D=0.857$ ) y 577 ( $D=0.808$ ) como método de primera línea para el análisis de transmisión de la tuberculosis. Con los datos obtenidos de los perfiles de espiligotipificación y VNTR pudimos determinar la relación genética entre las cepas; comparar los perfiles y determinar sus diferencias.