ASPECTOS DE LA BIOLOGÍA MOLECULAR DE LOS AISLAMIENTOS CUBANOS DE Anaplasma marginale

Corona B., Martinez S., Finalet J., Rivas D. y Ortiz F.

Departamento de Biología Molecular. Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria. Apartado 10, San José de las Lajas, La Habana, Cuba.

Introducción

La anaplasmosis bovina causada por la rickettsia *Anaplasma marginale* es una enfermedad que provoca grandes pérdidas en los países tropicales y subtropicales (4). En Cuba es la primera causa de morbilidad del ganado adulto según datos del IMV. Se han definido, al menos, seis proteínas de superficie de los cuerpos iniciales, descritas en el aislamiento Florida de este hemoparasíto. El estudio y comparación de los aislamientos con respecto a estas proteínas resulta de gran importancia para los estudios previos sobre programas de vacunación dirigidos a lograr proteccion en el ganado. El objetivo de este trabajo fue mostrar de forma resumida los resultados obtenidos de estudios moleculares realizados a dos aislamientos cubanos de *Anaplasma marginale*.

Materiales y Métodos

Se estudiaron dos aislamientos cubanos: Habana y Camaguey. La amplificación se realizó a partir de ADN extraído de sangre, según la metodología descrita por Ambrosio *et al* (3). Se realizó para ambos aislamientos la amplificación mediante PCR de los genes que codifican para las proteínas de superficie de los cuerpos iniciales MSP 1 beta, MSP 1 alfa, MSP 4 y MSP 5, utilizando cebadores diseñados a partir de las secuencias reportadas en la literatura (3, 1, 5, 7). Se realizó la diferenciación de ambos aislamientos mediante la técnica de PCR-AP utilizando un panel de 5 cebadores con tallas entre 20-25 bases.

Resultados y Discusión

Se logró amplificar los genes que codifican para las proteínas MSP 1 beta, MSP 4 y MSP 5, de ambos aislamientos, apareciendo en todos los casos la banda de la talla esperada, según los cebadores utilizados. La presencia de estos genes en nuestros aislamientos resulta de gran importancia para los estudios de inmunogenicidad de las proteínas de superficie codificadas por estos, teniendo en cuenta lo reportado por Palmer *et al* (6) donde se plantea la presencia de epitopes altamente conservados entre diferentes aislamientos. El gen que codifica para la proteína MSP 1 alfa no amplificó en el aislamiento Camagüey, lo que puede deberse a diferencias en la secuencia nucleotídica del mismo con respecto al aislamiento Florida, coincidiendo con diferencias encontradas por otros autores al comparar la secuencia de este gen entre diferentes aislamientos (1).

Al realizar el estudio por PCR-AP se encontraron patrones polimórficos diferentes para ambos aislamientos, de ahí que este método pueda ser utilizado para análisis genómico en estudios de epidemiología.

1. Allred DR *et al.* Proc Natl Acad Sci 1990; 87:3320-3324.
2. Ambrosio RE *et al.* J Vet 1987;54: 63-65.
3. Barbet AF *et al.* Infect Immun 1991; 59:971-976.
4. Erick IS *et al.* J Clinical Microbiol Feb 1989;279-284.
5. Oberle SM *et al.* Gene 1993;136: 291-294.
6. Palmer GH *et al.* Vet Parasit 1995; 57:233-253.
7. Visser ES *et al.* Infect Immun 1992; 60:5139-5144.