



Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Medicina Veterinaria
Escuela Académico Profesional de Medicina Veterinaria

**Identificación de la microflora bacteriana cecal del cuy
(*Cavia porcellus*) mediante análisis del gen 16S rDNA**

TESIS

Para optar el Título Profesional de Médico Veterinario

AUTOR

Roxana Eva MIREs LÓPEZ

Lima, Perú

2012

Resumen

El presente estudio se dirigió a la identificación molecular de bacterias presentes en el ciego del cuy mediante técnicas moleculares. ADN genómico bacteriano fue obtenido a partir de 200 uL de contenido cecal de cuy. Fragmentos de 728 pares de bases del gen 16S rDNA fueron amplificados a partir de un pool de ADN genómico bacteriano mediante PCR. Los productos de PCR fueron clonados al azar en PGEM-T vector plasmid (Promega), transformados en *Escherichia coli* JM109 y 50 colonias fueron seleccionadas al azar y secuenciadas en ambos sentidos en un secuenciador automático ABI 3130 Genetic Analyzer. Dieciséis secuencias únicas del gen 16S rDNA fueron obtenidas mostrando altos grados de similaridad (> 95%) y un valor de e (e value -140) con secuencias de bacterias previamente descritas en bases de datos del GeneBank, Blast server for bacterial identification, Ribosomal database project y BiBi database indicando la presencia de *Escherichia coli*, *Escherichia albertii*, *Shigella sp.*, *Shigella sonnei*, *Shigella boydii* y *Hafnia alveien* contenido cecal de cuy. El presente trabajo ha demostrado la presencia de bacterias del género *Escherichia*, *Shigella* y *Hafnia* en el contenido cecal del cuy mediante el secuenciamiento del gen 16S rDNA.

Palabras clave: Cuy, ciego, bacteria, 16S rDNA

Keywords: Cuy, caecum, bacterium, 16S rDNA

ABSTRACT

The present study addressed the molecular identification of bacteria in the cecum of the guinea pig using molecular techniques. Bacterial genomic DNA was obtained from cecal contents de200 uL of guinea pig. Fragments of 728 bp of 16S rDNA were amplified from a pool of bacterial genomic DNA by PCR. The PCR products were cloned at random plasmid pGEM-T vector (Promega), transformed into *Escherichia coli* JM109 and 50 colonies were randomly selected and sequenced in both directions on an automatic sequencer ABI 3130 Genetic Analyzer. Sixteen unique sequences of 16S rDNA gene were obtained showing high degrees of similarity (> 95%) and a value of e (e value -140) with previously described bacterial sequences in GenBank databases, Blast server for bacterial identification, Ribosomal BiBi project database and database indicating the presence of *Escherichia coli*, *Escherichia albertii*, *Shigella sp.*, *Shigella sonnei*, *Shigella boydii* and *Hafnia alvei* in guinea pig cecal contents. This work has demonstrated the presence of bacteria of the genus *Escherichia*, *Shigella* and *Hafnia* in the cecal contents of guinea pig by 16S rDNA sequencing.

Keywords: Cuy, caecum, bacterium, 16S rDNA