



**Universidad Nacional Mayor de San Marcos**

**Universidad del Perú. Decana de América**

**Facultad de Ciencias Biológicas**

**Escuela Profesional de Ciencias Biológicas**

**“Análisis de la diversidad genética de *Brucella melitensis* en aislados clínicos”**

**TESIS**

Para optar el Título Profesional de Biólogo con mención en  
Biología Celular y Genética

**AUTOR**

Milagros ZAVALETA APESTEGUI

**ASESOR**

Pablo RAMÍREZ ROCA

Lima, Perú

2016

## Resumen

La brucelosis es considerada un problema de salud pública en el mundo. En el Perú el 95% de los casos de brucelosis humana se producen en las ciudades de Ancash, Ica, Lima y Callao y se ha reportado un incremento en el número de casos por año. Los animales infectados y sus productos lácteos son el principal medio de transmisión. En el Perú, existen escasas referencias sobre la epidemiología de la brucelosis a nivel molecular y se desconoce si existe o no variabilidad genética entre las cepas o aislados de esta especie. El presente estudio analiza el grado de diversidad genética de 24 aislados de *B. melitensis* obtenidas a partir de las muestras clínicas de pacientes mediante la aplicación de la técnica HOOF-Prints, mediante el análisis del número variable de repeticiones en tándem de 8 loci, un método rápido, de bajo costo y que permitió determinar la diversidad alélica de la población siendo el locus 7 el más polimórfico ( $D = 0.8$ ).

Palabras clave: Brucelosis, *Brucella melitensis*, género monoespecífico, aislados clínicos, VNTRs, diversidad genética.

## **Abstract**

Brucellosis is considered a worldwide public health problem. In Peru 95% of cases of human brucellosis occur in the cities of Ancash, Ica, Lima and Callao and an increase in the number of cases per year has been reported. Infected animals and dairy products are the main way of transmission. In Peru, there are few references on the epidemiology of brucellosis at the molecular level and it is unknown whether there is genetic variation between strains or isolates of this species. This study analyzes the genetic diversity degree of 24 *B. melitensis* isolates obtained from clinical specimens of patients by applying the HOOF-Prints technique, by analyzing the variable number of tandem repeats of 8 loci, a rapid method, cost-effective and that allowed determine the allelic diversity of the population being locus 7 the most polymorphic (D = 0.8).

Keywords: Brucellosis, *Brucella melitensis*, monospecific genus, clinical isolates, VNTRs, genetic diversity.