

Caracterización molecular de aislados de *Streptococcus suis* procedentes de animales silvestres

Verónica Sánchez del Rey

veronicasanchez@visavet.ucm.es

Coautores

Elena Frax Echeverría. Leydis Zamora Morales. Teresa García-Seco Romero

Tutores

Ana Isabel Vela Alonso. Víctor Briones Dieste

Resumen: En este estudio hemos utilizado el serotipado, técnicas como PFGE (*pulsed field gel electrophoresis*) y MLST (*multilocus sequence typing*) y la presencia de los genes que codifican los principales factores de virulencia [*muramidase-released protein (mrp)*, *extracelular protein factor (ef)* y *suilisina (sly)*] para investigar la diversidad de aislados de *Streptococcus suis* obtenidos de diferentes especies silvestres (jabalí, conejo silvestre y cabra montés) en España. Los resultados obtenidos indican, que independientemente de la especie animal, todos los aislados mostraban el mismo genotipo respecto a los genes de virulencia (*mrp-ef-sly*). Respecto al serotipado, ninguno de los aislados de cabra montés fue caracterizado en los serotipos más frecuentes en el cerdo. En el caso del jabalí, un 27,7% fueron clasificados en el serotipo 9, un 1,5% en el serotipo 7 y un 1,5% en el serotipo 2. A diferencia de esta especie animal, la mayoría de los aislados de conejo fueron de serotipo 9. Finalmente la caracterización por PFGE y MLST determinó la existencia de una elevada diversidad genética en la población de *S. suis* procedente de jabalí, mientras que la de conejos fue más homogénea a nivel genético. Por tanto, nuestros resultados sugieren que las distintas especies animales silvestres presentan poblaciones de *S. suis* diferentes.

Palabras clave: *Streptococcus suis*. Animales silvestres. Reservorio. Caracterización molecular.

Investigación Aplicada
Póster

Recibido: 1 abril 2011.
Aceptado: 4 abril 2011.