Los resultados se muestran en un código numérico que permite establecer si hay zonas en que estén presentes microorganismos que comparten la misma información genética. Con los datos obtenidos se puede determinar el grado de diseminación para cada variedad de la micobacteria: si está distribuida en toda una región o si tienen una localización geográfica específica. Esto a su vez nos da una idea de que tanta movilización de ganado y diseminación del microorganismo a partir de ésta se presenta en una región determinada.

¿Cuál es la utilidad de la genotipificación de M. bovis?

Con los estudios de genotipificación podemos conocer mejor cómo se da la diseminación de la tuberculosis en los animales y diseñar procedimientos adecuados para el control y prevención de la enfermedad. También sirve para que de acuerdo a la virulencia de la variedad identificada, se pueda saber qué tan severa podría ser la enfermedad en un brote, así como cuál es su origen probable. Esto último, a su vez puede ser de gran valor para evitar la aplicación de barreras sanitarias en el comercio internacional de ganado en pie.

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias

Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal

Autores

MC. Elba Rodríguez Hernández
Dr. Oscar Pizano Martínez
MVZ. Alejandro Nava Vargas
Dr. Feliciano Milián Suazo

Código INIFAP: MX-O-310402-22-12-00-12-1

www.inifap.gob.mx

Tel. (01) 419 292003

Comité Editorial del CENID-Fisiología y Mejoramiento Animal

Dr. Héctor Raymundo Vera Ávila
Presidente

Dr. Ricardo Basurto Cutiérrez
Secretario

Dr. Miguel E. Arechavaleta Velasco
Vocal

Su tiraje constó de 1000 ejemplares

Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal (CENIDF y MA) Km. 1 Carretera Colón, Ajuchitlán, Qro. Marzo del 2014.

Desplegable para productores Núm. 1
¿Qué es la tuberculosis bovina?

La tuberculosis bovina (TBB) es una enfermedad causada por la micobacteria *Mycobacterium bovis*; se caracteriza por la presentación de granulomas (inflamaciones como tubérculos) especialmente en pulmones y nódulos linfáticos del bovino. La micobacteria *M. bovis* no solo infecta a los bovinos, también es capaz de infectar a otras especies de animales y a los humanos; por lo tanto, es un riesgo para la salud pública. La tuberculosis causa importantes pérdidas económicas en la industria ganadera en México, tan solo los costos de la campaña para su control ascienden a 450 millones de pesos por año.

¿Es posible identificar las rutas de propagación de la tuberculosis?

Sí, es posible saber cómo se propaga la enfermedad en una región determinada tanto en México como en el mundo. La identificación genotípica de la micobacteria por medio de técnicas de biología molecular nos ayuda a hacerlo. También nos permite saber si la variedad identificada es de alta virulencia y sobre todo, determinar cuáles son las fuentes de la infección. Uno de los métodos más eficientes para genotipificación es el de análisis de VNTRs.

¿Qué son los VNTRs?

Los VNTRs son marcadores genéticos que permiten identificar a la variedad de *M. bovis* que esté presente en muestras de tejidos de un animal infectado. Para el análisis de VNTRs se aplica la PCR, la cual es una técnica que sirve para amplificar fragmentos de material genético. En el

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias se utiliza la genotipificación de *M. bovis* mediante el análisis de VNTRs para llevar a cabo estudios epidemiológicos de la tuberculosis bovina.

La identificación de variedades de *M. bovis* a partir de muestras de ganado en diferentes estados de México, se realiza para establecer las posibles rutas de diseminación del microorganismo y cuáles son los focos de infección en esas regiones.

¿Cómo se hace la identificación de genotipos de *M. bovis* mediante VNTRs?

Para hacer la identificación se colectan muestras de tejido de ganado de diferentes regiones del país. En el laboratorio esas muestras son procesadas para realizar los ensayos de PCR. Los fragmentos de material genético son visualizados y analizados en base a su tamaño.