

## ANÁLISIS MOLECULAR DE LA CEPA DE *Bartonella bacilliformis*, AISLADA DEL CASO DE ENFERMEDAD DE CARRIÓN OCURRIDO EN SETIEMBRE DEL 2006 EN LA CUENCA DEL RÍO SANTA EULALIA

Carlos Padilla, Gladys Ventura, Giovana Mendoza, Gisely Hijar, Elizabeth Anaya. <sup>1</sup>

El 8 de septiembre se reporta un caso de bartonelosis confirmado por frotis (8%) de un varón de 41 años con domicilio en Lima que visitó la zona de Santa Eulalia por un día en el mes de Julio del presente año. Hay antecedentes previos de la presencia de la bartonelosis en esta cuenca del Río Santa Eulalia. El análisis de la muestra sanguínea de este caso resulto positivo en el cultivo y a partir de él se confirmó la presencia de *Bartonella bacilliformis*, mediante la técnica de PCR.

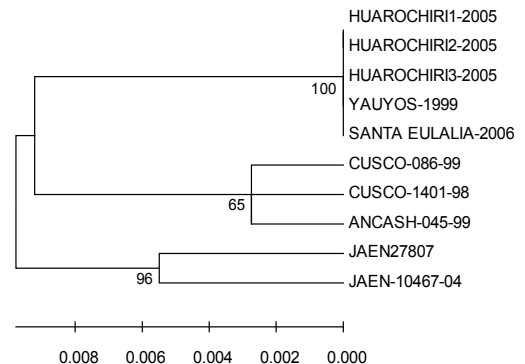
Dada la importancia de este caso y a la sospecha de que esta persona pueda haberse infectado en otras zonas endémicas se decidió comparar la cepa aislada a partir de este paciente con cepas de casos ocurridos el año anterior en la misma cuenca del Río Santa Eulalia, Yauyos y otras zona endémicas mas distante al caso en estudio como son Jaén y Cusco.

Para evaluar la posible relación entre este caso con casos de bartonelosis ocurridos el año pasado en la misma zona y casos en otras áreas endémicas se amplificó por PCR la región intergénica ribosomal y se secuenció este fragmento amplificado. Las secuencias obtenidas fueron comparadas entre si usando el software MEGA 3.1, algoritmo Bootstrap Neighbor joining, en-

contrándose los resultados que se muestran en el dendograma que se muestra a continuación:

La secuencia de la región intergénica ribosomal del aislamiento obtenido de paciente de la Cuenca de Santa Eulalia (Huarochiri) del 2006 presenta 100% de homología con cepas aisladas en la misma zona (Valle de Santa Eulalia) el año pasado. Asimismo, presenta alta homología con un aislamiento obtenido en la zona de Yauyos en el 1999. presenta menor homología con aislamientos de Cusco, Ancash y Jaén.

En conclusión, estos resultados indican que el paciente se infectó en la cuenca del Río Santa Eulalia y la posibilidad de que se haya infectado en otras áreas endémicas, que pudo haber visitado en anteriores oportunidades es remota, lo cual coincide también con la historia epidemiológica negativa de visitas a otros lugares de riesgo para bartonelosis.



**Figura 4.** Dendograma de secuencias intergénicas ribosomales de aislamientos de *Bartonella bacilliformis* generada por el software MEGA 3.1 usando el algoritmo Bootstrap Neighbor joining. Los números indican el valor bootstrap de cada brazo del dendograma

<sup>1</sup> Grupo de Bartonelosis. Centro Nacional de Salud Pública. Instituto Nacional de Salud