

*Brucella* sp. são os agentes causadores da brucelose, doença debilitante no homem e com grandes consequências econômicas na criação de animais domésticos. Apesar da existência de diferentes espécies, elas têm sido descritas como geneticamente homogêneas. Por serem patógenos cujo manuseio pode ser fonte de contaminação ao homem, a procura por métodos rápidos de identificação desses micro-organismos pode ser útil para diminuir os riscos de contaminação e na tomada de medidas de controle. O principal objetivo deste trabalho foi utilizar a técnica de rep-PCR para tipificar cepas de campo e de referência de *Brucella* sp. pertencentes à bacterioteca do Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia. Foram utilizados os oligonucleotídeos do elemento BOX, uma sequência repetida presente no genoma de várias bactérias. No total serão utilizadas 101 cepas de *Brucella* sp., assim como cepas de gêneros relacionados geneticamente ou não para o controle da especificidade da reação. A extração de DNA de todas as amostras foi realizada pelo método Tris- EDTA e a confirmação do gênero *Brucella* sp. por testes bioquímicos e PCR gênero-específico com o par de oligonucleotídeos específicos para a proteína de 31KDa de *Brucella* sp. (oligonucleotídeos Bruc 887/1457). A análise das reações de PCR foram realizadas em eletroforese em gel de agarose 1%, utilizando o tampão SB (ácido bórico de sódio) para a Box-PCR e 1,5% para a PCR específica de gênero. Até o presente momento, 38 cepas de *Brucella* sp. foram testadas na técnica BOX-PCR. Todas apresentam o mesmo perfil eletroforético, apresentado 7 fragmentos entre 2595,6 e 400 pares de base. As bactérias *Ochrobacterium anthropi* (bactéria geneticamente muito próximo de *Brucella* sp.) e *Staphylococcus auricularis* apresentaram perfil eletroforético diferente do perfil de *Brucella* sp. Assim, pelos resultados preliminares obtidos conclui-se que a técnica BOX-PCR pode caracterizar o gênero *Brucella* utilizando esta metodologia mas não diferenciar as espécies e biovars dentro deste gênero. Apoio: PIBIC-CNPq.