

ALPHAFOLD EN ENFERMEDADES ZONÓTICAS: LA INTELIGENCIA ARTIFICIAL APLICADA A BRUCELLA SPP.

AlphaFold in Zoonotic Diseases: Artificial Intelligence applied to Brucella spp.

AlphaFold em Doenças Zoonóticas: Inteligência Artificial aplicada a Brucella spp.

Mayra Alejandra Saeteros Amorozo *, <https://orcid.org/0009-0009-6067-9178>

Mildre Mercedes Vidal del Río, <https://orcid.org/0000-0003-3496-5057>

Raúl González Salas, <http://orcid.org/0000-0003-1623-3709>

Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador

*Autor para correspondencia. email ua.mayrasa95@uniandes.edu.ec

Para citar este artículo: Saeteros Amorozo, M. A., Vidal del Río, M. M. y González Salas, R. (2026). AlphaFold en Enfermedades Zoonóticas: La Inteligencia Artificial aplicada a Brucella spp. *Maestro y Sociedad*, 23(2), 1334-5. <https://maestroysociedad.uo.edu.cu>

RESUMEN

Introducción: La inteligencia artificial, especialmente AlphaFold, está transformando la biología estructural y la investigación de enfermedades zoonóticas como la brucelosis, causada por *Brucella* spp., un patógeno que amenaza la salud pública y la ganadería a nivel mundial. Materiales y métodos: Se realizó una revisión cualitativa y descriptiva mediante búsqueda en PubMed, SciELO, Science Direct y Google Académico con los términos "Brucella", "AlphaFold", "AI", "Artificial Intelligence", "Drug Discovery" y "Virtual Screening", limitada a artículos en inglés publicados entre 2020 y 2025. De 26 publicaciones iniciales, se seleccionaron 16 para análisis riguroso. Resultados: Los modelos tridimensionales de proteínas de *Brucella* (BvrR, Omp25, Omp31) permitieron el mapeo de epítomos y el cribado virtual para desarrollar fármacos y vacunas de ARNm multiepítomica dirigidas al sistema de secreción tipo IV. El modelado de WadA con AlphaFold aclaró los mecanismos de virulencia asociados al lipopolisacárido. Además, se diseñó un antígeno multiepítomica con alta sensibilidad y especificidad para diagnóstico serológico, superando las limitaciones de reactividad cruzada de pruebas convencionales. Discusión: AlphaFold acelera la priorización de dianas terapéuticas y antígenos, conectando factores de virulencia con inmunogenicidad. Sin embargo, persisten limitaciones como la falta de captura de fenómenos alostéricos y la dependencia de alineamientos múltiples profundos, por lo que se requieren validaciones experimentales preclínicas y clínicas. Conclusiones: La integración de AlphaFold y la bioinformática ofrece oportunidades prometedoras para el desarrollo de fármacos, vacunas y diagnósticos contra la brucelosis dentro del enfoque One Health, aunque es indispensable avanzar hacia validaciones in vitro e in vivo.

Palabras clave: Brucella, AlphaFold, Inteligencia Artificial, Dianas terapéuticas, One Health.

ABSTRACT

Introduction: Artificial intelligence, especially AlphaFold, is transforming structural biology and research into zoonotic diseases such as brucellosis, caused by *Brucella* spp., a pathogen that threatens public health and livestock worldwide. Materials and methods: A qualitative and descriptive review was conducted by searching PubMed, SciELO, ScienceDirect, and Google Scholar using the terms "Brucella," "AlphaFold," "AI," "Artificial Intelligence," "Drug Discovery," and "Virtual Screening," limited to English-language articles published between 2020 and 2025. Of the initial 26 publications, 16 were selected for rigorous analysis. Results: Three-dimensional models of *Brucella* proteins (BvrR, Omp25, Omp31) enabled epitope mapping and virtual screening for the development of multi-epitope mRNA drugs and vaccines targeting the type IV secretion system. Modeling WadA with AlphaFold clarified the lipopolysaccharide-associated virulence mechanisms. Furthermore, a multi-epitope antigen with high sensitivity and specificity for serological diagnosis was designed, overcoming the cross-reactivity limitations of conventional tests. Discussion: AlphaFold accelerates the prioritization of therapeutic targets and antigens by linking virulence factors with immunogenicity. However, limitations

such as the lack of capture of allosteric phenomena and the dependence on deep multiple alignments remain, thus requiring preclinical and clinical experimental validations. Conclusions: The integration of AlphaFold and bioinformatics offers promising opportunities for the development of drugs, vaccines, and diagnostics against brucellosis within the One Health approach, although further in vitro and in vivo validations are essential.

Keywords: Brucella, AlphaFold, Artificial Intelligence, Therapeutic Targets, One Health.

RESUMO

Introdução: A inteligência artificial, especialmente o AlphaFold, está transformando a biologia estrutural e a pesquisa de doenças zoonóticas como a brucelose, causada por *Brucella* spp., um patógeno que ameaça a saúde pública e a pecuária em todo o mundo. Materiais e métodos: Foi realizada uma revisão qualitativa e descritiva por meio de buscas nas bases de dados PubMed, SciELO, ScienceDirect e Google Scholar, utilizando os termos "Brucella", "AlphaFold", "IA", "Inteligência Artificial", "Descoberta de Fármacos" e "Triagem Virtual", limitada a artigos em inglês publicados entre 2020 e 2025. Das 26 publicações iniciais, 16 foram selecionadas para análise rigorosa. Resultados: Modelos tridimensionais de proteínas de *Brucella* (BvrR, Omp25, Omp31) possibilitaram o mapeamento de epítomos e a triagem virtual para o desenvolvimento de fármacos e vacinas de mRNA com múltiplos epítomos, direcionados ao sistema de secreção do tipo IV. A modelagem da proteína WadA com o AlphaFold esclareceu os mecanismos de virulência associados ao lipopolissacarídeo. Além disso, um antígeno multi-epítopo com alta sensibilidade e especificidade para diagnóstico sorológico foi desenvolvido, superando as limitações de reatividade cruzada dos testes convencionais. Discussão: O AlphaFold acelera a priorização de alvos terapêuticos e antígenos ao vincular fatores de virulência à imunogenicidade. No entanto, limitações como a falta de captura de fenômenos alostéricos e a dependência de alinhamentos múltiplos profundos permanecem, exigindo, portanto, validações experimentais pré-clínicas e clínicas. Conclusões: A integração do AlphaFold com a bioinformática oferece oportunidades promissoras para o desenvolvimento de medicamentos, vacinas e diagnósticos contra a brucelose dentro da abordagem de Saúde Única, embora validações adicionais in vitro e in vivo sejam essenciais.

Palavras-chave: Brucella, AlphaFold, Inteligência Artificial, Alvos Terapêuticos, Saúde Única.

Recibido: 5/2/2026 Aprobado: 28/3/2026

INTRODUCCIÓN

La inteligencia artificial (IA) en los últimos años ha pasado de ser solo una idea abstracta que pretendía revolucionar la ciencia a convertirse en una herramienta fundamental en la investigación biomédica (Xu et al., 2021). Hoy la IA se basa en sistemas que aprenden de los datos y puede razonar sobre patrones que nos permiten tomar decisiones con una rapidez que antes creíamos imposible (Xu et al., 2021). En su base estructural, la IA se apoya en diversos aspectos como la percepción, la cognición y la decisión, todo ello impulsado por una infraestructura de datos (Xu et al., 2021). En biología, esta inteligencia no solo acelera el análisis de una gran variedad de información, sino que también es interdisciplinaria y favorece la creación de modelos predictivos, permitiéndonos reintegrar todas las áreas de las ciencias médicas (Hassoun et al., 2021). Así como en el siglo XX con la aparición de la estadística, la inteligencia artificial llegó para transformar los modelos de predicción, aunque aún existan modelos interpretables adaptados a problemas biológicos reales (Hassoun et al., 2021).

En este contexto, AlphaFold es un logro de relevancia significativa a la hora de desarrollar nuevos fármacos (Nussinov et al., 2022). El modelo, basado en un conjunto de datos, predice estructuras tridimensionales de proteínas con una precisión cercana a la experimental, y a través de su base de datos, una variedad de modelos ya reorienta preguntas sobre función, evolución y enfermedad (Nussinov et al., 2022). Su potencial en el descubrimiento de fármacos y en la priorización de dianas es enorme. Sin embargo, aún quedan factores por estudiar, como los mecanismos de plegamiento de estas proteínas (Nussinov et al., 2022). Además, al devolver una conformación rankeada por proteína, AlphaFold no toma en cuenta fenómenos como la alostería, refiriéndose al cambio funcional en un determinado sitio de la proteína cuando se produce un cambio en un sitio distante (Nussinov et al., 2022; Greener & Sternberg, 2018). Estas limitaciones pueden reducirse combinando los modelos con simulaciones y otros tipos de inteligencia artificial para generar y analizar ensamblajes (Nussinov et al., 2022).

Para la medicina veterinaria, AlphaFold abre campos que antes se creían inexplorables. Un ejemplo claro es el estudio de enfermedades zoonóticas como la brucelosis, causada por la bacteria *Brucella* spp., que es un

patógeno de gran interés ya que representa una amenaza significativa tanto para la ganadería como para la salud pública (Rivas-Solano, 2015; Yang et al., 2024). Actualmente, la Organización Mundial de la Salud (OMS) clasifica a la brucelosis como una de las enfermedades más desatendidas a nivel mundial, con más de 500,000 nuevos casos de brucelosis humana anualmente (Wang et al., 2025; Liu et al., 2024). Sin embargo, la creciente tasa de resistencia a los antibióticos que controlan la *Brucella* plantea grandes desafíos para el tratamiento clínico (Wang et al., 2025; Liu et al., 2024). Debido a la distancia evolutiva, las predicciones para estas bacterias pueden suponer un problema cuando faltan secuencias de alineamiento múltiple (MSA) (Wheeler, 2021). Una de las soluciones a este problema es enriquecer la base de secuencias con linajes de otros muestreos y ajustar el pipeline para mejorar la cobertura MSA y, de esta manera, elevar la confianza estructural de las proteínas (Wheeler, 2021). En síntesis, AlphaFold proporciona al médico veterinario investigador una representación estructural para priorizar antígenos y dianas, diseñar hipótesis verificables y conectar datos con resultados clínicos para mejorar el tratamiento de estas enfermedades zoonóticas, mejorando así la salud pública desde la perspectiva One Health (Nussinov et al., 2022; Ghanbari et al., 2020). El reto no se queda solo en predecir estructuras tridimensionales, sino ir más allá e integrarlas en flujos reproducibles que combinen ensamblajes conformacionales (Nussinov et al., 2022; Hassoun et al., 2021). Finalmente, esta revisión tiene como objetivo el análisis exhaustivo de diferentes artículos científicos para crear una base de conocimiento sobre cómo herramientas inteligentes como AlphaFold pueden ayudar interdisciplinariamente para la creación de soluciones tanto en ciencias biológicas como en la medicina veterinaria.

MATERIALES Y MÉTODOS

Este trabajo fue un estudio cualitativo y descriptivo. Se realizó una búsqueda compleja para identificar artículos de texto completo que reportaran brucelosis y desarrollo de nuevas terapias a través del uso de herramientas de Inteligencia Artificial, principalmente AlphaFold. Se exploraron las siguientes bases de datos: (I) PubMed; (II) SciELO; (III) Science Direct; y (IV) Google Académico. Se utilizaron los términos en inglés “*Brucella*”, “AlphaFold”, “AI”, “Artificial Intelligence”, “Drug Discovery” and, “Virtual Screening”, aplicados al título, el resumen y las palabras clave. Si el contenido del resumen no era suficiente para evaluar los datos, se revisó el archivo de texto completo de la publicación. Se extrajo información sobre: (I) Desarrollo de fármacos; (II) Desarrollo de vacunas; (III) Nuevas técnicas serológicas. Se excluyeron las referencias duplicadas, así como datos redundantes. Los criterios de inclusión fueron artículos en inglés cuya publicación haya sido entre 2020-2025.

RESULTADOS

La búsqueda en las tres bases de datos mencionadas anteriormente arrojó 26 publicaciones, de las cuales se excluyeron 10 artículos por no cumplir las palabras claves, así como por los criterios de inclusión. La muestra analizada fue de 16 artículos (n=16) se hizo una evaluación rigurosa, para obtener la información más relevante respecto al uso de la Inteligencia Artificial en la medicina Veterinaria.

***Brucella* spp. Desarrollo de fármacos**

La brucelosis es una de las afecciones zoonóticas más importantes, ya que está ampliamente distribuida a nivel mundial. Los principales síntomas incluyen abortos y esterilidad en el ganado, así como fiebre recurrente en los humanos, lo que afecta directamente tanto a la producción como a la salud pública. A pesar del esfuerzo realizado para su erradicación, esta enfermedad sigue persistiendo (Elrashedy et al., 2024; Rivas-Solano, 2015). Con el desarrollo de la IA, varios trabajos se han centrado en el uso de la predicción estructural y la bioinformática para priorizar dianas de *Brucella* relevantes en salud animal y humana. Los factores de virulencia descritos para este patógeno intracelular incluyen el lipopolisacárido (LPS), el flagelo, el sistema de secreción tipo IV (T4SS) y las proteínas de membrana externa (Omps) (Elrashedy et al., 2024; Rivas-Solano, 2015). Se ha integrado el modelado 3D con AlphaFold e I-TASSER para tres blancos clave: el regulador BvrR y las OMPs *Omp25* y *Omp31* (Elrashedy et al., 2024). Además, los investigadores realizaron el cribado virtual, que consiste en utilizar herramientas bioinformáticas para predecir compuestos potencialmente activos a partir de una biblioteca de moléculas y predecir cuáles tienen mayor afinidad sobre BvrR y las OMPs (Elrashedy et al., 2024; Gimeno et al., 2019). Los resultados muestran cómo la integración del modelado proteico y el análisis funcional de las tres proteínas diana permitió detectar el sitio activo; cada molécula de la biblioteca se acopló virtualmente al sitio de unión objetivo para cada una de las tres proteínas diana (Elrashedy et al., 2024).

Vacunas contra el sistema de secreción de tipo IV patógeno (T4SS)

Paralelamente, el factor de virulencia T4SS ha sido explorado como diana vacunal. Un trabajo de 2025 diseñó una vacuna de tipo ARNm multiepitópica dirigida a la arquitectura del sistema de secreción T4SS codificado por el gen *VirB*, que es el responsable de secretar factores bacterianos necesarios que permiten la evasión de la inmunidad del huésped (Luo et al., 2025). Mediante herramientas bioinformáticas se seleccionaron proteínas que incluyen *VirB2*, *VirB3* y *VirB6*, junto con la proteína efectora *BtpA* asociada con T4SS, que posee un dominio TIR estructuralmente igual a los receptores TLR (Luo et al., 2025). Este dominio tiene la capacidad de inhibir el dinucleótido de nicotinamida y adenina (NAD) en las células huésped, regulando de esta manera el metabolismo celular y la transducción de señales (Luo et al., 2025). La conclusión del estudio señala que las proteínas evaluadas mediante el software bioinformático cumplen con los criterios para ser candidatas a vacunas. Finalmente, observaron que la vacuna de ARNm diseñada no solo aumenta el número de células B y T, sino que también mejora los niveles de producción de anticuerpos (Luo et al., 2025). Sin embargo, el estudio subraya que, aunque la evidencia inmunogénica *in silico* es sólida, aún faltan validaciones de laboratorio para llevar a cabo los ensayos preclínicos y clínicos (Luo et al., 2025).

Desarrollo de fármacos que impiden la síntesis de lipopolisacárido

Uno de los factores de virulencia de la *Brucella* es el lipopolisacárido que contiene el antígeno O (Rivas-Solano, 2015). Los investigadores de este estudio trataron de modelar las proteínas que intervienen en el transporte de los lipopolisacáridos (Rivas-Solano, 2015; Servais et al., 2023). AlphaFold permitió modelar con detalle *WadA*, delineando su dominio ligasa del O-antígeno y una arquitectura transmembrana de 12 hélices; estos modelos se integran en la interpretación funcional del tráfico de lipopolisacáridos y de la patogenicidad de la bacteria (Servais et al., 2023).

Diagnóstico serológico

Dentro de la aplicación diagnóstica, es importante mejorar las técnicas diagnósticas para el control de la enfermedad (Wang et al., 2025; Yagupsky et al., 2020). El diagnóstico microbiológico se basa principalmente en técnicas serológicas, cultivos bacterianos y métodos de biología molecular (Yagupsky et al., 2020). Entre estos, tiene más relevancia el método serológico debido a su simplicidad. Sin embargo, una de las limitaciones de estas pruebas es la reactividad cruzada (Wang et al., 2025). Por esta razón, es importante encontrar antígenos con alta especificidad y sensibilidad para mejorar la eficiencia del diagnóstico serológico de la brucelosis (Wang et al., 2025; Yagupsky et al., 2020). Mediante bioinformática se construyó un antígeno multiepitópico a partir de cinco proteínas inmunológicas de *Brucella* y se evaluó por ELISA en seres humanos (Wang et al., 2025). El rendimiento mostró un AUC = 0,95, sensibilidad = 0,81 y especificidad = 0,995, con mejor perfil de reactividad cruzada que el LPS y la prueba de Rosa de Bengala (Wang et al., 2025). Aunque el modelado 3D aquí no dependió directamente de AlphaFold, la base bioinformática y el control estructural orientaron un antígeno con mejor especificidad, útil para el tamizaje serológico en escenarios zoonóticos (Wang et al., 2025).

DISCUSIÓN

Los artículos analizados en este trabajo sugieren que AlphaFold es una herramienta de IA que permite acortar la distancia entre la secuencia y la decisión traslacional en brucelosis, permitiendo priorizar antígenos y dianas que previamente han sido modelados a través del análisis de una gran cantidad de información contenida en una base de datos. Esta lectura ejemplifica el papel de la IA tanto en biomedicina como en la veterinaria como motor de integración de datos y acelerador de hipótesis, jugando un papel más allá de la simple predicción de estructuras (Xu et al., 2021; Hassoun et al., 2021).

En el caso de *Brucella*, los modelos *Omp25/Omp31* y del regulador *BvrR* han servido como base para mapear epítomos, desarrollar vacunas con tecnología ARNm y también guiar cribados virtuales sobre posibles bolsillos de unión, conectando los factores de virulencia de la bacteria con inmunogenicidad y afinidad de ligandos. Esta convergencia ilustra cómo el modelado tridimensional de proteínas ayudaría a encontrar nuevos tratamientos para atacar la bacteria (Elrashedy et al., 2024; Gimeno et al., 2019).

Por otro lado, la biogénesis y el tráfico de lipopolisacáridos, que son el núcleo de la virulencia en la envoltura de la bacteria, han permitido clarificar estructuralmente la asignación de *WadA* como ligasa del O-antígeno, y su configuración transmembrana ancla la hipótesis de intervención en el transporte y ensamblaje de lipopolisacáridos y explica los fenómenos de patogenicidad asociados al fenotipo smooth/rough (Servais et

al., 2023). Sobre esta misma premisa de conservación de virulencia, los péptidos vacunales han producido candidatos de ARNm multiepitópico dirigidos al factor de virulencia T4SS y al efector BtpA (dominio TIR), con interacción prevista con TLR4, un receptor transmembrana clave en la respuesta inmunitaria (Servais et al., 2023; Kim et al., 2023), marcando una ruta desde el diseño informático hacia pruebas preclínicas (Luo et al., 2025). En el diagnóstico clínico, los antígenos multiepitópicos diseñados por bioinformática tienen un buen desempeño y reducen la reactividad cruzada frente a otras pruebas serológicas como Rosa de Bengala, reforzando el potencial de la IA como herramienta de tamizaje en contextos endémicos y dentro del enfoque One Health (Wang et al., 2025). Estos avances favorecen un diagnóstico más eficiente al mejorar la especificidad y estandarizar la evaluación frente a paneles clínicamente relevantes (Yagupsky et al., 2020).

La prevalencia de la brucelosis a escala mundial llama a crear estrategias que integren al ser humano, al animal y al medio ambiente. A partir de esta evidencia, priorizar dianas de envoltura y complejos de secreción mediante AlphaFold tiene sentido por su potencial impacto tanto en la producción animal como en la salud pública (Liu et al., 2024; Ghanbari et al., 2020). Sin embargo, persisten limitaciones tanto estructurales como experimentales con las que debemos tener precaución. AlphaFold representa una conformación modelada y no captura de forma nativa la alostería ni los ensamblajes; además, la profundidad de las secuencias múltiples condiciona la confianza por dominio, con degradación en familias poco conservadas. Por lo que es recomendable enriquecer con dinámica molecular y mejorar los alineamientos para elevar la precisión en regiones críticas (Nussinov et al., 2022; Wheeler, 2021).

CONCLUSIONES

La inteligencia Artificial y el desarrollo de herramientas como AlphaFold nos han permitido avanzar en el desarrollo de fármacos y vacunas que hagan frente a enfermedades zoonóticas de relevancia tanto en la medicina veterinaria como en la salud pública. Las proteínas de fusión multiepitótopo diseñadas mediante enfoques bioinformáticos constituyen una vía prometedora para mejorar el diagnóstico serológico y tratamiento de la brucelosis. En los estudios revisados, estos antígenos muestran alto rendimiento diagnóstico y una reactividad cruzada menor frente a pruebas serológicas convencionales como el Rosa de Bengala, lo que sugiere un potencial real de traslación hacia contextos clínicos y de vigilancia. También se ha comprobado mediante estudios que el modelado proteico de los factores de virulencia de la bacteria se acopla muy bien a los compuestos generados por el cribado virtual, de esta manera podríamos tener nuevos fármacos prometedores para el tratamiento de la brucelosis. Sin embargo, estos estudios tienen limitaciones, una de ellas no tener una base de datos robusta, otra limitación es que estos estudios se quedan solamente en lo *in silico*, frente a esto los investigadores debemos utilizar todas estas herramientas y realizar futuras investigaciones es decir probar *in vitro* y evaluar su efectividad para llevarlo a lo clínico.

REFERENCIAS

- Elrashedy, A., Nayel, M., Salama, A., Salama, M. M., & Hasan, M. E. (2024). Bioinformatics approach for structure modeling, vaccine design, and molecular docking of *Brucella* candidate proteins BvrR, OMP25, and OMP31. *Scientific Reports*, 14, Article 11951. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-61991-7>
- Ghanbari, M. K., Gorji, H. A., Behzadifar, M., Sanee, N., Mehedi, N., & Bragazzi, N. L. (2020). One Health approach to tackle brucellosis: A systematic review. *Tropical Medicine and Health*, 48, Article 86. <https://doi.org/10.1186/s41182-020-00272-1>
- Gimeno, A., Ojeda-Montes, M. J., Tomás-Hernández, S., Cereto-Massagué, A., Beltrán-Debón, R., Mulero, M., ... & Garcia-Vallvé, S. (2019). The light and dark sides of virtual screening: What is there to know? *International Journal of Molecular Sciences*, 20(6), 1375. <https://doi.org/10.3390/ijms20061375>
- Greener, J. G., & Sternberg, M. J. E. (2018). Structure-based prediction of protein allostery. *Current Opinion in Structural Biology*, 50, 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.sbi.2017.10.002>
- Hassoun, S., Jefferson, F., Shi, X., Stucky, B., Wang, J., & Rosa, E. (2021). Artificial intelligence for biology. *Integrative and Comparative Biology*, 61(6), 2267-2275. <https://doi.org/10.1093/icb/icab188>
- Kim, H. J., Kim, H., Lee, J. H., & Hwangbo, C. (2023). Toll-like receptor 4 (TLR4): New insight immune and aging. *Immunity & Ageing*, 20, Article 67. <https://doi.org/10.1186/s12979-023-00383-3>
- Liu, Z., Gao, L., Wang, M., Yuan, M., & Li, Z. (2024). Long ignored but making a comeback: A worldwide epidemiological evolution of human brucellosis. *Emerging Microbes & Infections*, 13(1), Article 2290839. <https://doi.org/10.1080/2222>

Luo, J. R., Qi, X. X., Tian, T. T., Shang, K. Y., Shi, H. D., Li, C., ... & Zhang, X. (2025). Design of a multi-epitope mRNA vaccine against Brucella type IV secretion system using reverse vaccinology and immunogenicity approaches. *Scientific Reports*, 15, Article 30698. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-09509-7>

Nussinov, R., Zhang, M., Liu, Y., & Jang, H. (2022). AlphaFold, artificial intelligence (AI), and allostery. *The Journal of Physical Chemistry B*, 126(34), 6372-6383. <https://doi.org/10.1021/acs.jpccb.2c04346>

Rivas-Solano, O. (2015). Brucella abortus: Patogénesis y regulación génica de la virulencia. *Tecnología en Marcha*, *28*(2), 61-73. https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0379-39822015000200061

Servais, C., Vassen, V., Verhaeghe, A., Küster, N., Carlier, E., Phégnon, L., ... & De Bolle, X. (2023). Lipopolysaccharide biosynthesis and traffic in the envelope of the pathogen Brucella abortus. *Nature Communications*, 14(1), Article 911. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-36442-y>

Wang, G., Qi, X., Zhao, S., Pei, Q., Chen, Y., Yin, D., ... & Zhang, Y. (2025). Preparation of a Brucella multiepitope fusion protein based on bioinformatics and its application in serological diagnosis of human brucellosis. *Scientific Reports*, 15, Article 19106. <https://doi.org/10.1038/s41598-025-04244-5>

Wheeler, R. J. (2021). A resource for improved predictions of Trypanosoma and Leishmania protein three-dimensional structure. *PLOS ONE*, 16(11), e0259871. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0259871>

Xu, Y., Liu, X., Cao, X., Huang, C., Liu, E., Qian, S., ... & Zhang, J. (2021). Artificial intelligence: A powerful paradigm for scientific research. *The Innovation*, 2(4), 100179. <https://doi.org/10.1016/j.xinn.2021.100179>

Yagupsky, P., Morata, P., & Colmenero, J. D. (2020). Laboratory diagnosis of human brucellosis. *Clinical Microbiology Reviews*, 33(1), e00073-19. <https://doi.org/10.1128/CMR.00073-19>

Yang, J., Wang, Y., Hou, Y., Sun, M., Xia, T., & Wu, X. (2024). Evasion of host defense by Brucella. *Cell Insight*, 3(1), 100143. <https://doi.org/10.1016/j.cellin.2023.100143>

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Declaración de responsabilidad de autoría

Los autores del manuscrito señalado, DECLARAMOS que hemos contribuido directamente a su contenido intelectual, así como a la génesis y análisis de sus datos; por lo cual, estamos en condiciones de hacernos públicamente responsable de él y aceptamos que sus nombres figuren en la lista de autores en el orden indicado. Además, hemos cumplido los requisitos éticos de la publicación mencionada, habiendo consultado la Declaración de Ética y mala praxis en la publicación.

Mayra Alejandra Saeteros Amorozo, Mildre Mercedes Vidal del Río y Raúl González Salas: Proceso de revisión de literatura y redacción del artículo.