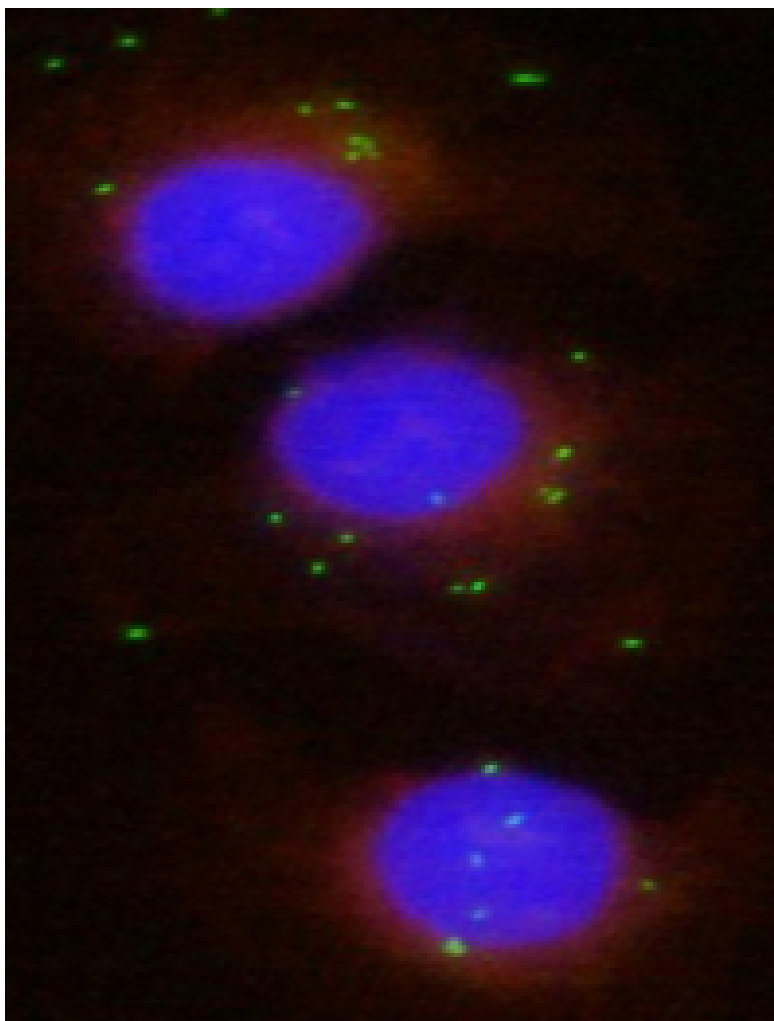


UABDIVULGA

BARCELONA RECERCA I INNOVACIÓ

02/2009

Haemophilus parasuis: una bacteria con recursos genéticos



Mediante técnicas de genómica comparativa, el siguiente artículo intenta dilucidar si las cepas patógenas de la bacteria *Haemophilus parasuis* poseen genes que puedan inducir la enfermedad de Glässer. Un mal que afecta habitualmente a lechones criados en granjas, y que se caracteriza por la diseminación de la bacteria a partir del tracto respiratorio superior hacia diversos tejidos causando graves

inflamaciones i, a menudo, meningitis. Mediante el estudio genómico comparativo de gran parte del genoma de la cepa patógena Nagasaki, y la técnica de hibridación de ADN en microarrays, se ha podido confirmar que las cepas patógenas de *H. parasuis* poseen proteínas AT-2, aquellas que permiten a la bacteria adherirse a los tejidos y diseminarse con facilidad en el organismo. Este resultado, y otros, han permitido diseñar un ensayo molecular simple que permita distinguir cuáles son las posibles cepas patógenas de la bacteria, y desarrollar futuras vacunas.

La bacteria *Haemophilus parasuis* (*H. parasuis*) causa la enfermedad de Glässer en cerdos afectando particularmente lechones en granjas donde se practica el destete precoz. *H. parasuis* provoca inflamaciones muy importantes de diferentes tejidos y a menudo causa meningitis.

La bacteria se encuentra frecuentemente en el tracto respiratorio superior de los cerdos, pero no todas las cepas son capaces de inducir la enfermedad. A la luz de estos resultados planteamos la hipótesis que contrariamente a las cepas no patógenas, las cepas patógenas (que provocan la enfermedad) podrían poseer un cierto número de genes que explicarían su capacidad de penetración en tejidos. Las técnicas de genómica comparativa ofrecen la posibilidad de explorar de manera exacta el contenido de genes de bacterias y se han utilizado dentro de este estudio. En una primera fase, se secuenció el 98% del genoma de la cepa Nagasaki que es altamente patógena y se procedió a descifrar su contenido genético. Se identificaron 13 genes que codifican para autotransportadores triméricos (AT-2). Estas proteínas se han caracterizado en otras bacterias como *H. influenza* y son consideradas como factores de virulencia esenciales.

Los AT-2 son proteínas expuestas a la superficie de las bacterias y sirven para adherirlas a tejidos y favorecer la diseminación de estos microorganismos en el hospedador. Para averiguar si los genes que codifican para los AT-2 están presentes o no en cepas no patógenas, se utilizó la técnica de hibridación de ADN en microarrays. Los genes (que están constituidos por ADN) descritos anteriormente se depositaron en soportes de vidrio y se investigó su capacidad de unión al ADN de otras cepas de *H. parasuis*. Si dos hebras de ADN se parecen forman híbridos y este ensayo se utiliza para decir si efectivamente un gen está presente o ausente en otras bacterias. Los resultados fueron tajantes: todas las cepas patógenas poseen AT-2 con diversos grados de similitud con la cepa Nagasaki, mientras que las cepas no patógenas están desprovistas de estos genes. Este descubrimiento explica en gran parte porqué las cepas patógenas pueden colonizar diversos tejidos en el organismo. En una segunda fase, se secuenciaron los genes AT-2 procedentes de varias cepas de *H. parasuis* revelando su forma de evolucionar.

Los genes AT-2 no simplemente amplían su diversidad por mutación y duplicación en una misma bacteria, además también intercambian módulos entre diferentes bacterias de la misma especie. A partir de estos resultados básicos, se ha desarrollado un ensayo molecular simple que permite distinguir las cepas de *H. parasuis* con potencial patogénico. Además, los AT-2 podrían ser buenos candidatos para el desarrollo de nuevas vacunas.

Albert Bensaid

Universitat Autònoma de Barcelona

albert.bensaid@cresa.uab.es

Referencias

Pina, S; Olvera, A; Barcelo, A; Bensaid, A. JOURNAL OF BACTERIOLOGY, 191 (2): 576-587
JAN 15 2009

[View low-bandwidth version](#)