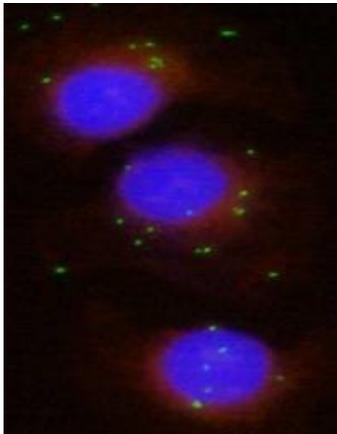


## Ya es posible diferenciar cepas patógenas y no patógenas de la bacteria *Haemophilus parasuis* sin recurrir a desafíos en animales

*Haemophilus parasuis* es el agente etiológico de la enfermedad de Glässer en cerdos, caracterizada por poliserositis fibrinosa y meningitis. Aunque *H. parasuis* se encuentra frecuentemente en el tracto respiratorio superior de los cerdos, no todas las cepas son capaces de provocar la enfermedad. Un estudio genómico ha confirmado que las cepas patógenas de *H. parasuis* poseen un tipo de proteínas que permiten a la bacteria adherirse a los tejidos y diseminarse con facilidad en el organismo. A partir de este descubrimiento, se ha diseñado un ensayo molecular simple que permite distinguir cuáles son las posibles cepas patógenas de esta bacteria y, por tanto, desarrollar futuras vacunas.

CReSA

17/3/2009 15:32 CEST



Interacción de *H. parasuis* (fluorescencia verde) con células epiteliales.

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, en el CReSA se secuenció el 98% del genoma (2,35 Mbp) 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 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 por qué 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.

Los resultados de este estudio han sido publicados recientemente en Pina, S; Olvera, A; Barcelo, A; Bensaid, A. *Journal of Bacteriology*, 191 (2): 576-587  
JAN 15 2009

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

HAEMOPHILUS PARASUIS | GLÄSSER | MICROARRAYS |  
AUTOTRANSPORTADORES TRIMÉRICOS | VIRULENCIA | VACUNA | GENÓMICA |

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the](#)

[conditions of our license](#)