

Jose Luis González<sup>1,2</sup>, Sofía Ochoa<sup>3</sup> y Luis Collado<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Bioquímica y Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile.

<sup>2</sup>Programa de Magíster en Ciencias mención Microbiología, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile

<sup>3</sup>Departamento de Ciencias de la Salud, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Técnica Particular de Loja, Loja, Ecuador.

e-mail: luiscollado@uach.cl

## INTRODUCCIÓN

*Arcobacter butzleri* es un patógeno zoonótico emergente descrito en el año 1991. Actualmente es la cuarta especie bacteriana más aislada en pacientes con gastroenteritis en varios países. A pesar de esto, sus mecanismos de patogenicidad son poco conocidos. En 2007 fue publicado el primer genoma completo de *A. butzleri*, donde se propusieron varios determinantes putativos de virulencia (DPVs) (Miller et al., 2007), la mayoría de estos homólogos a *Campylobacter jejuni* (Tabla 1).

Tabla 1. Principales DPVs en *Arcobacter butzleri*.

DPV	Función putativa
<i>cadF</i>	Adhesión
<i>cj1349</i>	
<i>ciaB</i>	Invasión
<i>tlyA</i>	Hemólisis
<i>hecB</i>	
<i>mviN</i>	Síntesis de peptidoglicano
<i>hecA</i>	Activación de hemolisina
<i>pldA</i>	Lisis de eritrocitos
<i>irgA</i>	Captación de hierro
<i>iroE</i>	

Estudios posteriores han detectado la presencia de DPVs mediante PCR (Doudiah et al., 2012). Sin embargo, han mostrado una prevalencia variable de estos, probablemente por inespecificidad de los primers. Por lo tanto, nuestro objetivo fue determinar la prevalencia de DPVs y caracterizar los perfiles de virulencia (combinación de DPVs) en 21 cepas de *A. butzleri* aisladas de diversos orígenes mediante análisis bioinformáticos de los genomas y corroboración por PCR.

## MATERIALES Y MÉTODOS

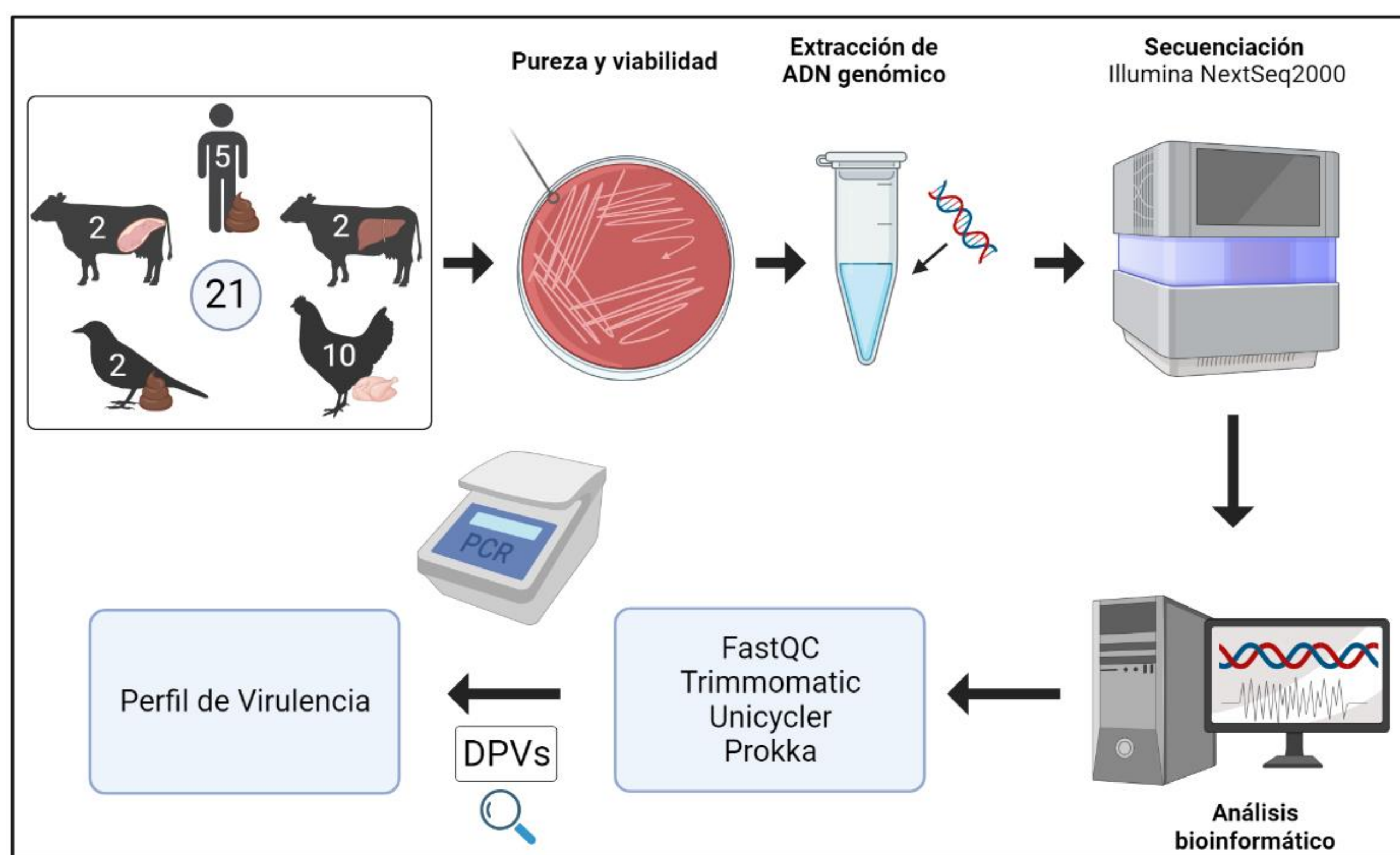


Figura 1. Estudio de búsqueda de DPVs y caracterización de los perfiles de virulencia en 21 cepas de *Arcobacter butzleri* aisladas de diversos orígenes mediante análisis bioinformáticos

## RESULTADOS

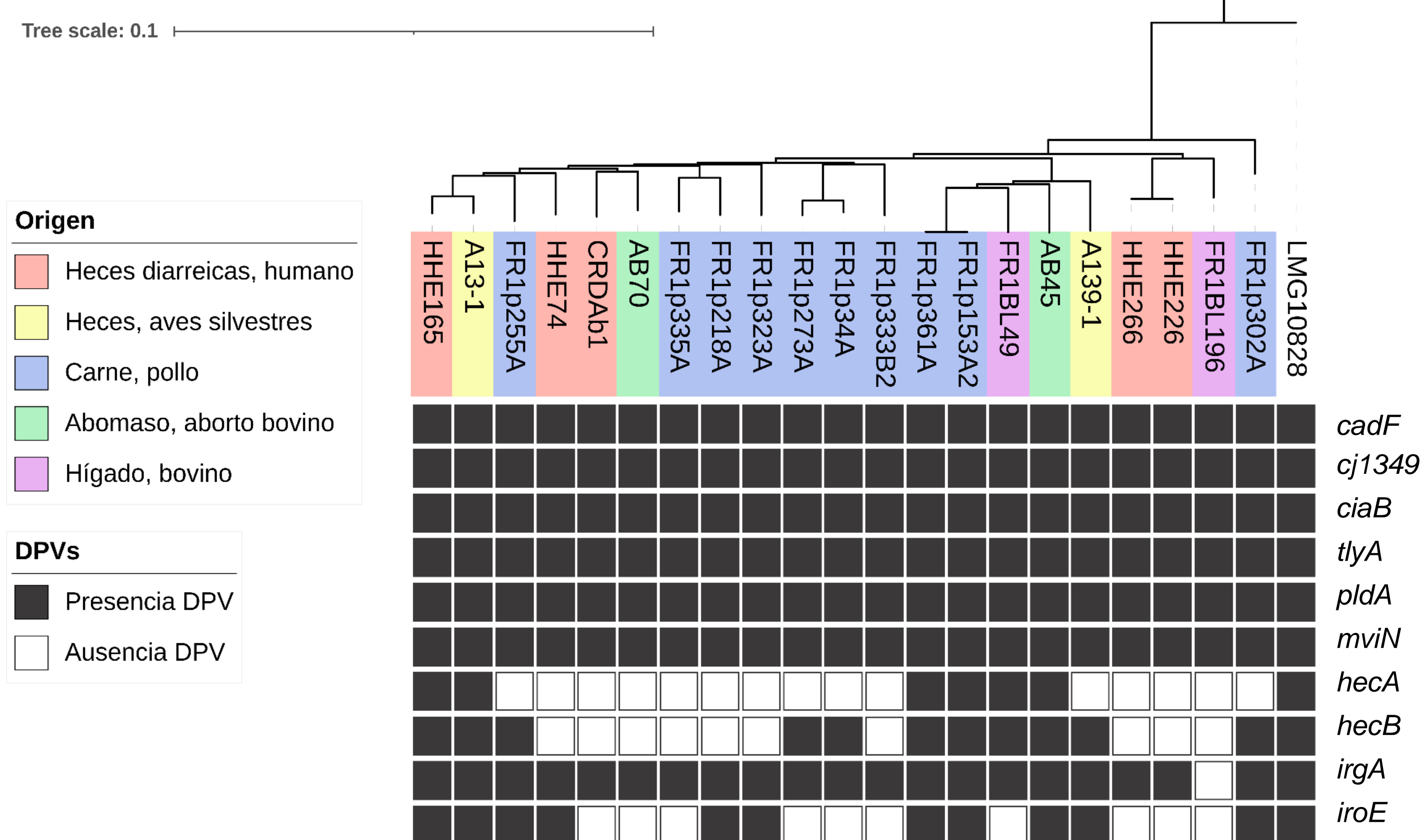


Figura 2. Presencia de los DPVs en las cepas de *Arcobacter butzleri* detectados mediante análisis bioinformático.

Tabla 2. Perfiles de virulencia y su distribución en cepas de *Arcobacter butzleri* caracterizados mediante análisis bioinformático.

Perfil	Genes putativos de virulencia										Distribución según origen					Total
	<i>cadF</i>	<i>cj1349</i>	<i>ciaB</i>	<i>mviN</i>	<i>tlyA</i>	<i>pldA</i>	<i>irgA</i>	<i>hecA</i>	<i>hecB</i>	<i>iroE</i>	Clinicas humanas	Aborto bovino	Carne de pollo	Hígado bovino	Aves silvestre	
A	1	1	2	0	1	0	0	0	0	0	1	1	2	0	1	5
B	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
C	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
D	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2
E	1	0	2	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	0	0	3
F	3	1	2	0	0	0	0	0	0	0	3	1	2	0	0	6
G	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1

Tabla 3. Comparación de la presencia de DPVs mediante análisis bioinformáticos y PCR.

Cepas	Determinantes putativos de virulencia								
	<i>cadF</i>	<i>cj1349</i>	<i>ciaB</i>	<i>tlyA</i>	<i>pldA</i>	<i>mviN</i>	<i>hecA</i>	<i>hecB</i>	<i>irgA</i>
HHE74	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
HHE75	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
HHE76	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
HHE77	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
HHE78	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
AB45	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
AB70	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p34A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p153A2	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p218A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p255A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p273A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p302A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p323A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p333B2	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p335A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1p361A	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1BL49	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
FR1BL196	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
A13-1	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
A139-1	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓
LMG10828	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓	✓

Líneas diagonales indica la presencia de DPVs mediante ambos métodos, puntos indica la ausencia de DPVs mediante ambos métodos y líneas verticales indica la presencia de DPVs mediante métodos bioinformáticos.

## CONCLUSIÓN

Las cepas de *Arcobacter butzleri* aisladas de diversos orígenes presentaron la mayoría de los DPVs, siendo *hecA*, *hecB* e *iroE* los detectados con menor frecuencia. En función de ello, se caracterizó 7 perfiles de virulencia distintos; sin embargo, no hubo una asociación con el origen de las cepas. El análisis bioinformático fue más efectivo que la PCR en la detección de los DPVs.

## REFERENCIAS

- Doudiah, L., Zutter, L. De, Barpe, J., Vos, P. De, Vandamme, P., & Vandenberg, O. (2012). Occurrence of Putative Virulence Genes in *Arcobacter* Species Isolated From Humans and Animals. *Journal of Clinical Microbiology*, 50(3), 735-741.
- Miller W., Parker C., Rubenfield M., Mendz G., Wösten M., Ussery D., et al. (2007). The Complete Genome Sequence and Analysis of the Epsilonproteobacterium *Arcobacter butzleri*. *PLoS ONE* 2(12): e1358.