

Diagnóstico, identificación y caracterización molecular de patógenos bacterianos de origen animal

Ana Isabel Vela, José Fco. Fernández-Garayzábal y Lucas Domínguez

Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET) y Departamento de Sanidad Animal
Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense, 28040 Madrid



Integrantes del grupo de investigación (de izquierda a derecha): Ana Isabel Vela, Lucas Domínguez, Almudena Casamayor, Leydis Zamora, Elisa Pulido, Verónica Sánchez y José Fco. Fernández-Garayzábal.

Nuestro grupo de investigación comenzó a desarrollar su labor aproximadamente hace 20 años en el antiguo Departamento de Patología Animal I de la Facultad de Veterinaria de Universidad Complutense de Madrid. Actualmente todos sus miembros pertenecen al Departamento de Sanidad Animal y al grupo VISAVET de la UCM donde desarrollan su labor docente e investigadora. Por este motivo el grupo tiene una dedicación preferente, aunque no exclusiva, hacia las bacterias de interés veterinario. Este grupo está formado actualmente por dos Catedráticos (Lucas Domínguez y José Francisco Fernández-Garayzábal), una Profesora Titular (Ana Isabel Vela), dos becarias Predoctorales (Verónica Sánchez y Leydis Zamora) y dos Técnicos de Laboratorio (Almudena Casamayor y Elisa Pulido).

Una de nuestras líneas de investigación se ha centrado en el estudio de la diversidad microbiana de aislados de distintas especies bacterianas así como en la taxonomía bacteriana. En relación con los estudios sobre diversidad, nuestro equipo lleva mucho tiempo aplicando distintas técnicas (PFGE, MLST, VNTR, RAPD) para la caracterización molecular de algunos patógenos bacterianos de gran importancia para Salud Pública

o Sanidad Animal. La aplicación de estas técnicas genéticas nos ha permitido estudiar la diversidad genética de la población de distintos patógenos, como por ejemplo, conocer la posible existencia de relaciones clonales entre aislados de una misma especie bacteriana y analizar sus implicaciones epidemiológicas. Hemos trabajado con diferentes poblaciones bacterianas trazando vínculos epidemiológicos entre cepas aisladas de animales procedentes del mismo brote de enfermedad (*Lactococcus lactis* subsp. *lactis*) o realizando estudios epidemiológicos globales (*Pseudomonas anguilliseptica*, *Yersinia ruckeri*, *Listeria monocytogenes*, *Lactococcus garviae*, *Streptococcus suis*). Por tanto, el trabajo en esta área nos ha permitido obtener resultados, en algunos casos, de gran valor epidemiológico. Respecto a los estudios sobre taxonomía, se ha abordado el estudio de nuevos patógenos bacterianos en distintas poblaciones animales que ha conducido al descubrimiento por parte de nuestro grupo de nuevas especies y géneros bacterianos (*Streptococcus entericus*, *Corynebacterium aquilae*, *Corynebacterium testudinoris*, *Corynebacterium suicordis*, *Uruburuella suis*), o a la asociación de ciertas especies bacterianas con algunas nuevas enfermedades o su implicación como patógenos en otras especies animales (*Globicatella sanguinis*, *Weissella confusa*).

Una segunda línea de trabajo se centra en la microbiología clínica y en el diagnóstico de enfermedades de gran repercusión en diferentes sectores de la actividad agropecuaria española. Esta línea ha sufrido un enorme impulso desde sus comienzos, realizando esfuerzos continuados para profundizar en el conocimiento de los distintos patógenos implicados en brotes de enfermedad, bien desarrollando nuevas técnicas o aplicando las ya existentes para su más eficiente diagnóstico o bien para progresar en el conocimiento sobre sus mecanismos de transmisión y supervivencia a tratamientos tecnológicos. Los sistemas tradicionales de diagnóstico bacteriológico no permiten en ocasiones alcanzar una identificación definitiva del agente causal. Como consecuencia, ciertos patógenos pueden ser erróneamente identificados o no identificados. Trabajamos fundamentalmente con bacterias patógenas responsables de diferentes procesos clínicos en

animales. Así hemos centrado nuestros esfuerzos en enfermedades que afectan al ganado ovino (como la mamitis clínica y subclínica), al ganado porcino (centrándonos en el estudio de procesos respiratorios y meningitis), en el campo de la acuicultura (investigando distintos aspectos de patologías como la lactococosis, la enfermedad de la boca roja, la forunculosis o la vibriosis de animales marinos) y recientemente en el ámbito de las patologías aviares (colibacilosis, coriza aviar). En este sentido nuestra actividad se ha centrado en el desarrollo y puesta a punto de sistemas de diagnóstico molecular de patógenos como *Lactococcus garviae*, *Streptococcus suis*, *Haemophilus parasuis*, *Pasteurella multocida*, *Listeria monocytogenes*, *Erysipelothrix rhusiopathiae*, *Streptococcus iniae* o *Yersinia ruckeri* entre otros. El trabajo en estos campos nos ha familiarizado con los procesos infecciosos que habitualmente sufren las especies animales, y nos ha permitido adquirir, a lo largo de los últimos años, una amplia experiencia en diferentes campos de la Microbiología Clínica.

El grupo colabora de forma continuada con varios grupos de investigación nacionales y extranjeros, además de con varias empresas:

- Dr. Juan J. Soler. Universidad Granada: Diversidad microbiana
- Dr. Juan Moreno. Museo Nacional de Ciencias Naturales-CSIC. Madrid: Diversidad microbiana
- Prof. Antonio Ventosa. Universidad de Sevilla: Taxonomía bacteriana
- Profa. Carmen Tarradas. Universidad de Córdoba: Diversidad microbiana
- Dr. Edward Moore. University of Gothenburg, Suecia: Taxonomía bacteriana
- Dr. Hans-Jürgen Busse. Universität Wien. Austria: Taxonomía bacteriana
- Profa. M.^a Victoria Latre. Universidad Zaragoza: Diagnóstico y diversidad microbiana
- Dra. Carmen Aspiroz. Hospital Royo Villanova, Zaragoza: Diagnóstico y diversidad microbiana
- Pizzolla S.L. (Salamanca): Taxonomía bacteriana, Diagnóstico y diversidad microbiana
- Grupo Dibaq (Segovia) y Exopol (Zaragoza): Diagnóstico y diversidad microbiana

PUBLICACIONES REPRESENTATIVAS DEL GRUPO

- Zamora L, Vela AI, Palacios MA, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2012). First isolation and characterization of *Chryseobacterium shigense* from rainbow trout. BMC Vet. Res. 8:77 doi:10.1186/1746-6148-8-77
- Porrero C, Henrik Pasman M, Vela AI, Fernández-Garayzábal JF, Domínguez L, Aarestrup FM. (2012). Clonal diversity of *Staphylococcus aureus* originating from the small ruminants goats and sheep. Vet. Microbiol. 156:157-166.
- Ruiz-de-Castañeda R, Vela AI, Lobato E, Briones V, Moreno J. (2012). Early onset of incubation and eggshell bacterial loads in a temperate-zone cavity-nesting passerine. Condor. 114:203-211.
- González S, Vela AI, Ruiz-de Castañeda R, Briones V, Moreno J. (2012). Sources of variation in enterococci and *Enterobacteriaceae* loads in nestlings of a hole-nesting passerine. ARDEA 100:71-77.
- González S, Vela AI, Ruiz-de Castañeda R, Briones V, Moreno J. (2012). Age-related changes in gut bacterial communities and their association with growth in altricial nestlings: a study of pied flycatchers *Ficedula hypoleuca*. J. Ornithol. 153:181-188.
- Zamora L, Fernández-Garayzábal JF, Svensson-Stadler LA, Palacios MA, Domínguez L, Moore ER, Vela, A.I. (2012). *Flavobacterium oncorhynchi* sp. nov., a new species isolated from rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). Syst. Appl. Microbiol. 35:86-91
- Soler JJ, Peralta-Sánchez JM, Martínez-Bueno M, Martín-Vivaldi M, Martín-Gálvez D, Vela AI, Briones V, Pérez-Contreras T. (2011). Brood parasitism is associated with increased bacterial contamination of host eggs: bacterial loads of host and parasitic eggs. Biol. J. Linn. Soc. 103:836-848.
- Ruiz-de-Castañeda R, Vela AI, Lobato E, Briones V, Moreno J. (2011). Eggshell bacterial loads in the pied flycatcher *Ficedula hypoleuca*: environmental and maternal factors. Condor. 113:200-208.
- Tejedor JL, Vela AI, Gibello A, Casamayor A, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2011). A genetic comparison of pig, cow and trout isolates of *Lactococcus garviae* by PFGE analysis. Letters Appl. Microbiol. 53:614-619
- Vela AI, Fernández A, Bernaldo De Quirós Y, Herráez P, Domínguez L, Fernández-Garayzábal, JF. (2011). *Weissella ceti* sp. nov., isolated from beaked whales (*Mesoplodon bidens*). Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 61:2758-2762.
- Vela AI, Mentaberre G, Marco I, Velarde R, Lavín S, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2011). *Streptococcus rupicaprae* sp. nov., isolated from a Pyrenean chamois (*Rupicapra pyrenaica*). Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 61:1989-1993.
- Vela AI, Sánchez-Porro C, Aragón V, Olvera A, Domínguez L, Ventosa A, Fernández-Garayzábal JF. (2010). *Moraxella porci* sp. nov., a new species isolated from pigs. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 60:2446-2450.
- Vela AI, Sánchez V, Mentaberre G, Lavín S, Domínguez L, Fernández-Garayzábal J.F. (2010). *Streptococcus porcorum* sp. nov., isolated from domestic and wild pigs. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 61:1585-1589.
- Palacios L, Vela AI, Molin K, Fernández A, Latre MV, Chacón G, Falsen E, Fernández-Garayzábal JF. (2010). Characterization of some bacterial strains isolated from animal clinical materials and identified as *Corynebacterium xerosis* by molecular biological techniques. J. Clin. Microbiol. 48:3138-3145.
- Vela AI, Perez M, Zamora L, Palacios L, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2010). *Streptococcus porci* sp. nov., isolated from swine sources. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 60:104-108.
- Vela AI, Casamayor A, Sánchez Del Rey V, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2009). *Streptococcus plurextorum* sp. nov., isolated from swine. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 59:504-508.
- Vela AI, Arroyo E, Aragón V, Sánchez-Porro C, Latre MV, Cerdà-Cuellar M, Ventosa A, Domínguez L, Fernández-Garayzábal JF. (2009). *Moraxella pluranimalium* sp. nov., isolated from animal specimens. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 59:671-674.
- Blume V, Luque I, Vela AI, Borge C, Maldonado A, Domínguez L, Tarradas C, Fernández-Garayzábal JF. (2009). Genetic and virulence-phenotype characterization of serotype 2 and 9 *Streptococcus suis* swine isolates. Int. Microbiol. 12:161-166.