



## **Proyecto Genoma *Legionella pneumophila* Alcoy; estudio de factores de virulencia, inmunidad bacteriana y Pan-genoma**

Giuseppe D'Auria, Nuria Jiménez, Francesc Peris-Bondia, Andrés Moya y Amparo Latorre

Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva de la Universidad de Valencia

*Legionella pneumophila* es un parásito intracelular de protozoos de agua dulce que, con mecanismos parecidos, puede desarrollar su ciclo vital en células de mamíferos. En humanos es responsable de la "Legionelosis". Cuando agua infecta es inhalada en forma de aerosol (1,2) la enfermedad se manifiesta en personas susceptibles, causando una forma de neumonía. Se han caracterizada 48 especies en el género de *Legionella* (3), la mitad de las cuáles son responsables de infecciones en humanos. Se han descrito 15 serogrupos de *L. pneumophila* con diferentes niveles de patogenicidad y en el 84% de los casos reportados, la Legionelosis es debida a cepas del serogrupo 1.

*Legionella pneumophila* sigue siendo causa de importantes eventos epidemiológicos en el mundo. Por sus graves infecciones la Legionelosis es un problema actual de fuerte impacto social. En 2001, se produjo en Murcia (4) uno de los brotes más importantes, donde más de 650 personas fueron infectadas y 4 fallecieron. Aunque el brote de Legionelosis de Murcia fue el más trágico, Alcoy (Alicante) cuenta con el mayor número de brotes repetidos en el tiempo y desde su primera aparición en 1999 han sido declarados 12 brotes infectivos de *Legionella* con más de 200 personas infectadas y 12 fallecidos.

Aquí presentamos el estado actual del proyecto genoma de la cepa de *Legionella pneumophila* 2300/99 aislada a partir de un paciente infectado durante el primer brote de Alcoy en 1999. Figuran los primeros datos relativos a la estructura del genoma y se describen varias regiones involucrada en la virulencia de esta cepa. Algunos ejemplos son: *i*) los sistemas de transporte de tipo II y tipo IV, ambos necesarios para la infección; *ii*) una región que codifica para una toxina, caracterizada por estructuras repetidas altamente conservadas (*rtx*); *iii*) una región que comprende un sistema de inmunidad viral llamado CRISPR ("Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats"). Además se presenta un análisis comparativo con otras cepas ya secuenciadas (Lens, Paris, Philadelphia y Corby).

1. Fields BS, et al.; Clin Microbiol Rev. 2002 Jul;15(3):506-26
2. Steinert M, et al.; FEMS Microbiol Rev. 2002 Jun;26(2):149-62
3. Yu VL, et al.; J Infect Dis. 2002 Jul 1;186(1):127-8
4. Cano PR and Joseph C; Eurosurveillance Weekly 5 2001 010712