



UNIVERSIDAD DE COSTA RICA

# Sorprende transformación de bacteria

Dr. Fernando García analiza *E. coli* atípica que causó diarrea en Europa

6 OCT 2011 Salud



El público atendió con mucho interés las explicaciones del Dr. Fernando García Santamaría, profesor e investigador de la Facultad de Microbiología de la UCR (foto Cristian Araya).

La bacteria que provocó el brote más importante de diarrea al norte de Alemania y en otros 12 países europeos, entre mayo y julio del 2011, con cerca de 800 muertes y unas 3.000 personas afectadas con diarrea sanguinolenta y con el síndrome urémico (falla de función renal) es **una cepa de *Escherichia coli* totalmente atípica**, que reúne factores de virulencia de otras dos cepas de *E. coli* patógenas.

Así lo manifestó el Dr. Fernando García Santamaría, profesor de la Facultad de Microbiología e investigador del Centro de Investigación en Enfermedades Tropicales (CIET), en su conferencia titulada *Brote de diarrea en Alemania en el año 2011: ¿una bacteria quimérica?*, la cual impartió en el auditorio de esa unidad académica, el 8 de setiembre.

Según lo explicó se trata de la cepa O104:H4, que acumula factores de virulencia de la llamada enterohemorrágica (O157:H7) y de la enteroagregativa. La cepa O104:H4 contiene en su cromosoma dos copias de los genes stx2, los cuales son encargados de la producción de la toxina shiga 2, responsable de generar el síndrome urémico hemolítico en los pacientes. Adicionalmente contiene varios genes cromosomales y un plásmido que confieren resistencia a numerosos antibióticos. Los plásmidos son moléculas del ADN extracromosómico circular o lineal que se replican y transcriben independientes del ADN cromosómico de la bacteria.

El Dr. García dijo que **esta cepa muestra claramente la extraordinaria capacidad que tienen las bacterias de transformarse por diferentes mecanismos**. Explicó que las bacterias se caracterizan por el dinamismo con el que cambian, “son verdaderas máquinas en continuo cambio, que responden siempre y de inmediato al sistema inmunológico, a diferentes niveles de acidez, a distintas temperaturas, a diferentes antibióticos, etc.”, afirmó el expositor.



El Dr. Fernando García manifestó que la cepa O104:H4 no se le había relacionado con animales ni con alimentos, pero el brote alemán comenzó con germinados (foto Cristian Araya).

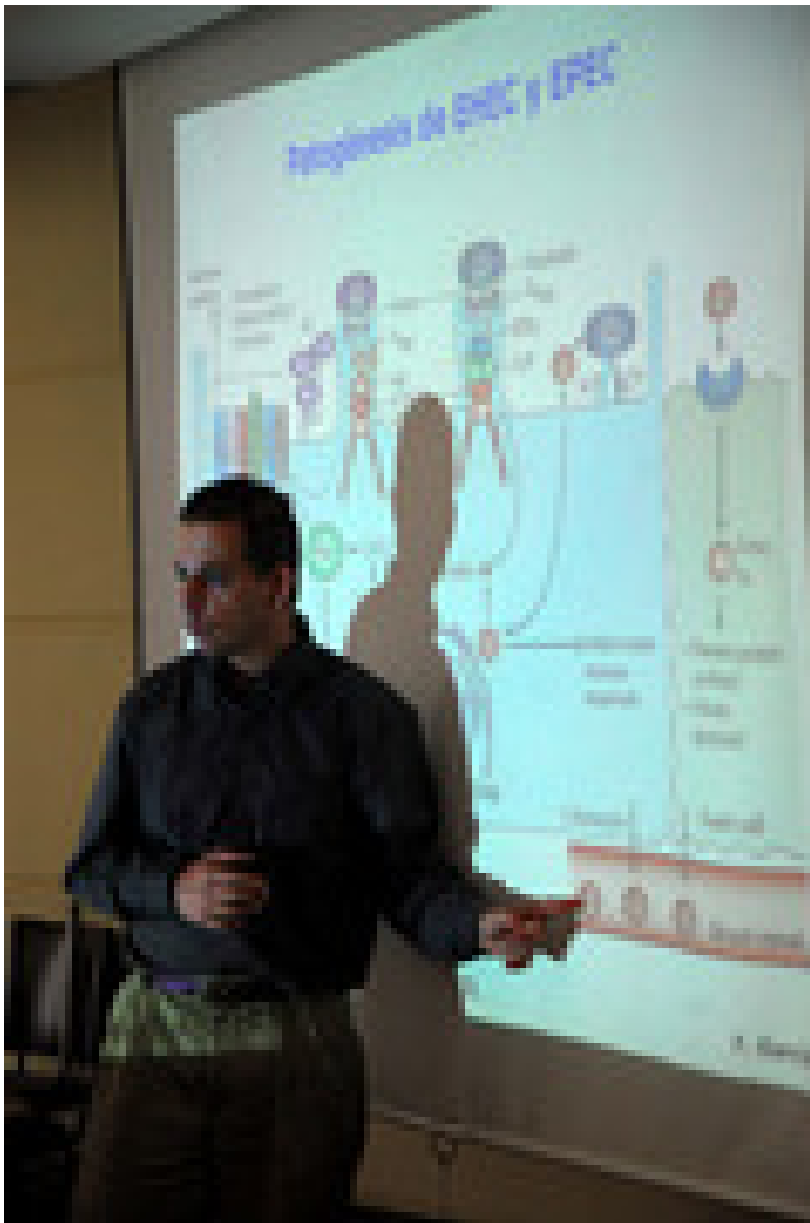
---

Agregó que observando la secuencia completa del genoma de la bacteria se pueden percibir unos “agujeros negros” o secuencias genómicas que se perdieron y una serie de inserciones que se añadieron, los cuales contribuyen con su virulencia.

Lo que sucede es que **las bacterias cuando están ante un peligro de fragmentación de su ADN activan un sistema de emergencia, denominado sistema SOS, en el cual participan 40 genes distintos para facilitar su reproducción.** El especialista explicó que los bacteriófagos o virus de las bacterias participan en ese proceso, transfiriendo genes de una cepa a otra cepa.

El conferencista citó que una bacteria sometida a antibióticos como las fluoroquinolonas, los cuales son muy usados en infecciones humanas y en animales, provocan un daño importante en la molécula del ADN de la bacteria, lo que hace que se desencadene el sistema de emergencia y la liberación de los bacteriófagos.

Esta es la hipótesis que está actualmente en discusión en un grupo de científicos que tratan de explicar el por qué se dio esa transferencia de material genético entre dos bacterias patógenas de E. coli.



El investigador universitario informó que los genes que describen una E. coli son en total 2.200 (foto Cristian Araya).

**Bacteria quimérica**

Para el Dr. García obviamente la nueva cepa es quimérica, es decir es como producto de la ilusión, “porque en realidad todas las bacterias lo son, porque todas pierden y todas ganan genes”. “Esto no es un evento raro, en consecuencia la diversidad genómica que estamos viendo en este momento en las bacterias empezó hace millones de años atrás, justamente a partir de una cepa ancestral a la que se le han ido añadiendo segmentos de ADN que se van combinando entre sí, afirmó.

La gran mayoría de las cepas de E. coli no causan patologías, sino que son habitantes normales de la flora intestinal de seres humanos y de muchas especies animales. **Hay pocas que tienen la capacidad de causar patología: la enteropatógena (EPEC), la enterohemorrágica (EHEC) y la enteroagregativa (EAEC), todas con características diferentes.**

**La enteropatógena** no tiene toxina, causa diarrea sobre todo en niños y niñas y su virulencia se debe a un conjunto de genes que se conoce como LEE y que incluye el gen EAE que codifica para una proteína que permite la adhesión entre la célula bacteriana y la célula intestinal.

**La enterohemorrágica** se parece mucho a la enteropatógena, tiene el conjunto de genes LEE y también los genes que codifican para la toxina shiga. El receptor de la toxina shiga está presente en muchas células intestinales, pero también de células renales, lo que ocasiona también no solo problemas hemorrágicos severos, sino también falla de la función renal.

**La enteroagregativa** es más importante epidemiológicamente que la enterohemorrágica, ocupa el segundo lugar como causante de diarreas, no se conoce mucho de su sistema de patogenicidad, salvo que no tiene toxina shiga ni ninguna otra toxina, así como tampoco el gen LEE, pero si tiene plásmidos conteniendo genes que le permiten la adhesión a las células intestinales de los pacientes.

[Lidiette Guerrero Portilla](#)

Periodista Oficina de Divulgación e Información

[lidiette.guerrero@ucr.ac.cr](mailto:lidiette.guerrero@ucr.ac.cr)

**Etiquetas:** [centro de investigacion en enfermedades tropicales](#), [dr. fernando garcia](#).