

## Distribución de los genes de invasión *PagN*, *MisL* y *SiiE*, en diferentes serotipos de *Salmonella enterica*

Jesús H. Wong Lizárraga<sup>a</sup> Gerardo M. Nava Morales

<sup>a</sup> Universidad Autónoma de Querétaro, C.U. Cerro de las Campanas s/n, Cp. 76010, Querétaro, Querétaro, México.

gerardomnava@gmail.com

**Palabras clave:** *Salmonella*, Serotipos, Virulencia, Invasión

### Introducción

*Salmonella enterica* es un patógeno que se encuentra ampliamente distribuido a nivel mundial y una de las principales causas de enfermedades transmitidas por alimentos. Diversos estudios han demostrado que el proceso de invasión de la mucosa intestinal por parte de este patógeno requiere de un repertorio genético amplio, no necesariamente está asociado a la capacidad de replicación o de invasión intracelular,<sup>1</sup> y en este contexto, las determinantes genéticas de virulencia mayormente reportadas son *MisL*, *PagN* y *SiiE*. El gen *MisL* se encuentra en la SPI-3; se une a las fibronectinas (glucoproteína presente en organismos vertebrados) y causa agregaciones bacterianas y biopelículas que facilitan la invasión de las células del huésped.<sup>2</sup> *PagN* es una invasina presente en la membrana celular de *S. Typhimurium*; está asociado a la capacidad del patógeno para aumentar la invasión en células epiteliales. Como requisito previo para la colonización, *Salmonella* está equipada con una gran cantidad de estructuras adhesivas como *MisL* y *SiiE*, secretadas por el T1SS. La secreción se logra en un solo paso directamente desde el citosol al espacio extracelular, siendo este un sistema de excreción de proteínas efectoras de las bacterias gram (-) en el exterior de la célula huésped.<sup>3</sup> Requiere de un *ATP Binding Cassete* para su traslocación; siendo este una estrategia para la invasión del epitelio intestinal. Estos tres genes son necesarios para el proceso de adhesión a las células epiteliales y su agregación, paso previo para una infección sistémica a órganos profundos a través de la sangre.

### Metodología

Utilizando las secuencias de los genes *MisL* (NP\_462656), *PagN* (NP\_463126) y *SiiE* (NC\_003197) provenientes de la Virulence Factor Database (VFDB) y GenBank de NCBI. Se realizó una búsqueda de secuencias homologas con la herramienta BLASTN y se obtuvieron 5,000 resultados. Las secuencias con una cobertura de 80-100% y un 80-100% de identidad fueron utilizadas para el análisis. Las anotaciones de cada gen fueron analizadas para identificar la prevalencia de cada gen en los diferentes serotipos de *Salmonella*.

### Resultados y discusión

El presente análisis reveló que el gen *MisL* es más prevalente en serotipos Typhimurium (57%), Heidelberg (22%), 1,4,[5],12 (15%), 4,[5],12 (6%) y Typhimurium var. 5- (2%). Para el gen *PagN* se obtuvieron en un total de 1,217 secuencias de los cuales los serotipos más prevalentes fueron Enteritidis (21%), Typhimurium (13%), Typhi (11%), Infantis (5%) y Heidelberg (3%). Por último, el gen *SiiE*, se encontró exclusivamente en el serotipo Typhimurium.

La presencia de los genes *MisL*, *PagN* y *SiiE* son un factor de virulencia importante en *Salmonella* para facilitar el proceso de colonización e invasión a órganos.<sup>4</sup> Basados en el presente estudio, estos factores de virulencia son prevalentes en los serotipos Typhimurium, Heidelberg y Enteritidis. Varios estudios epidemiológicos corroboran estos resultados.<sup>5</sup>

### Conclusiones

La presencia de estas determinantes genéticas en serotipos emergentes de *S. enterica* sugiere que esta bacteria ha desarrollado estrategias evolutivas que facilita la propagación de este patógeno. El análisis de los genes *MisL*, *PagN* y *SiiE* en los diferentes aislamientos de *S. enterica* podría ser una herramienta útil en la detección del potencial de virulencia de este patógenos.

### Referencias

1. Hume, P. J., Singh, V., Davidson, A. C., & Koronakis, V, *F. C. I. M.* **2017.**, 7, 348.
2. Shaohui Wang, Denghui Yang, Xiaojun Wu, Yang Wang, Dong Wang, Mingxing Tian, Tao Li, Jingjing Qi, Xiaolan Wang, Chan Ding, Shengqing Yu, *FEMS* **2018**, 365, 142.
3. Barlag, B., & Hensel, M., *Frontiers* **2015**, 20, 1134–1150.
4. Matthew A. Lambert, Stephen G.J. Smith, *FEMS* **2009**, 297, 209–216.
5. Centers for Disease Control and Prevention (CDC) <https://www.cdc.gov/> (consultado 09/05/2020)