

# Una investigación establece la evolución genética y la difusión en España en los últimos 22 años de la bacteria causante de la tularemia

| 30/11/2020 |



*Raquel Escudero Nieto, Rosa González Martín-Niño y Ángel Zaballos, en uno de los laboratorios del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII.*

Una investigación internacional realizada entre científicos del ISCIII, la Universidad de Umea en Suecia y el Instituto de Investigación Médica Veterinaria de Budapest ha desarrollado un mapa genético de la expansión en España de la bacteria *Francisella tularensis* causante de la tularemia. Los resultados del trabajo *se han publicado en la revista [Microorganisms](#)*.

## **[- Consulta el estudio completo](#)**

La tularemia es una infección bacteriana que afecta principalmente a mamíferos denominados lagomorfos, principalmente a conejos y liebres. Las personas pueden contraer la enfermedad por contacto directo con tejidos o sangre de animales infectados; por ingestión de agua o alimentos contaminados, o a través de la picadura de garrapatas o mosquitos transmisores de la infección, que provoca síntomas en la piel, los ojos, el sistema digestivo, los ganglios y los pulmones.

Aunque la tularemia tiene generalmente buen pronóstico si se diagnostica y trata a tiempo con antibióticos, es una enfermedad que puede causar complicaciones como neumonía e, incluso, la muerte; Además, '*F. tularensis*' está considerado por el CDC estadounidense como un agente de potencial uso en bioterrorismo, lo que hace más necesario estudiar su circulación.

## Investigación entre 1998 y 2020

Los primeros casos de tularemia en personas notificados en España datan de 1997. Desde entonces, la enfermedad se ha ido estableciendo en España, y en los últimos 23 años se han confirmado más de mil casos en humanos. La investigación publicada en *Microorganisms*, en la que participan los investigadores del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII Ángel Zaballos y Raquel Escudero, ha realizado un estudio de la evolución genética y molecular de la bacteria *F. tularensis* entre 1998 y 2020, años en los que la enfermedad se ha establecido en humanos.

La investigación ha concluido que la tularemia ha emergido recientemente en España, y que los distintos patrones genéticos de las diferentes poblaciones de *F. tularensis* confirman que la bacteria se ha extendido, y colonizado, zonas geográficas antes libres de la enfermedad.

## Estudios de secuenciación genómica

Por medio de tecnologías de secuenciación masiva, los investigadores han obtenido los genomas completos y han analizado las características genéticas de diferentes cepas de *F. tularensis* en diferentes etapas de los últimos 22 años. Concretamente, el estudio de alteraciones genéticas como polimorfismos de un solo nucleótido (SNP, en inglés) y regiones con número variable de repeticiones en tándem (VNTR, en inglés) ha permitido establecer relaciones y comparaciones evolutivas de la bacteria gracias a métodos filogenéticos.

Los resultados señalan que el árbol filogenético de la bacteria en España, que explica su evolución y dispersión, deja al menos variantes diferentes, agrupadas en seis ramas genéticas con un origen común. Además, los análisis genómicos más recientes dibujan nuevas evoluciones de este árbol filogenético, con otras cuatro ramas, y han permitido detectar alteraciones en dos de cada diez regiones VNTR, una información también confirmada con resultados similares en los análisis de SNP, que aportan una mayor resolución en la información genética que el análisis de VNTR.

- **Referencia del estudio:** Myrtennäs, K.; Escudero, R.; Zaballos, Á.; González-Martín-Niño, R.; Gyuranecz, M.; Johansson, A. Genetic Traces of the *Francisella tularensis* Colonization of Spain, 1998–2020. *Microorganisms* 2020, 8, 1784.