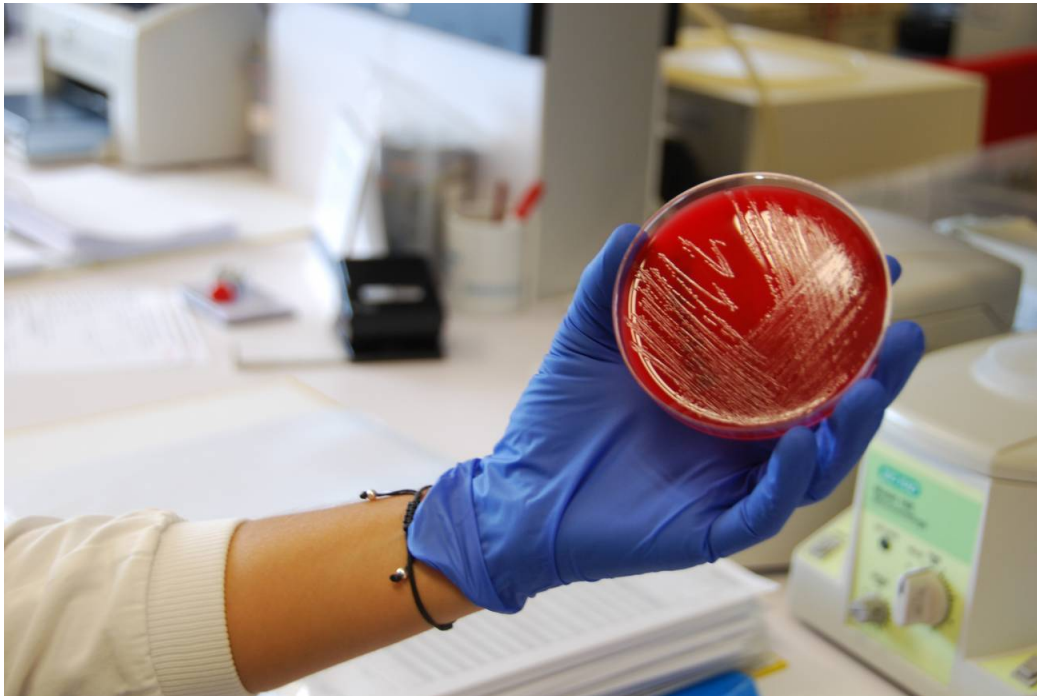


Visitamos los laboratorios que buscan el origen del brote de listeriosis

Los investigadores del Centro Nacional de Microbiología son los encargados de analizar las muestras intoxicadas para rastrear la procedencia de las cepas de listeria que ya han afectado a más de 200 personas, principalmente en Andalucía.

María Marín

17/9/2019 09:10 CEST



Una de las cepas de listeria que el CNM ha recibido para su análisis. / María Marín

Entre largos pasillos y mesas de laboratorio, los investigadores del Centro Nacional de Microbiología juegan a '¿Dónde está Wally?', pero en lugar de buscar un personaje con jersey de rayas entre la multitud, tratan de identificar a una bacteria: la *Listeria monocytogenes*.

Encontrar una característica común en las diferentes cepas podría desvelar el origen del brote de listeriosis

Así describe su trabajo **Julio Vázquez**, jefe del Laboratorio de Referencia de Listeria, que persigue a contrarreloj el origen del brote de listeriosis desde que estalló en Andalucía el pasado mes de agosto. La bacteria ya ha afectado a [214 personas y ha traído consigo 3 defunciones](#), según datos del Ministerio de Sanidad.

Por el momento, los estudios apuntan a que la fuente de estas últimas intoxicaciones ha sido el consumo de carne mechada. “Hay que buscar alguna característica especial en las muestras que hemos recibido que nos permita decir que la cepa que está produciendo un caso en Sevilla es exactamente igual que la que está produciendo otro caso en Huelva. Eso nos permitiría delimitar el brote y encontrar su origen”, explica el experto.

El [Centro Nacional de Microbiología](#) (CNM) en Majadahonda (Madrid) lleva más de treinta años analizando diferentes brotes de listeria. En este campo, las técnicas de investigación han ido variando y el laboratorio cuenta ahora con una de las más sofisticadas: la **secuenciación masiva**, un método que permite leer la secuencia total de letras que componen el ADN de un microorganismo, en este caso la bacteria *Listeria monocytogenes*.

Hasta ahora, los expertos han podido relacionar
144 casos clínicos con 13 alimentarios

“Esta tecnología resulta particularmente útil en el estudio de enfermedades de transmisión alimentarias, ya que nos permite vincular de una manera muy precisa diferentes casos clínicos con una misma fuente de intoxicación, mediante la comparación de estos genomas”, señala **Raquel Abad**, investigadora principal del brote de listeria y coordinadora del laboratorio.

Con estas técnicas ya han podido secuenciar un total de **172 aislamientos**, casi todos procedentes de Andalucía. Los expertos han podido relacionar hasta la fecha 144 casos clínicos con 13 aislados alimentarios. “Esto significa que la cepa que han encontrado tanto en los pacientes como en los alimentos es la misma o está relacionada”, explica la experta.

Técnicas informáticas

Antes de introducir toda la información en la máquina de secuenciación, las cepas pasan por un proceso de cultivo, con el objetivo de obtener una cantidad de material suficiente para hacer el análisis.

El secuenciador puede trabajar con cien muestras a la vez y descifrar cada una en 29 horas

Una vez cultivadas, se extraen fragmentos de ADN y este es el que se introduce en el equipo de **secuenciación masiva**, explica **Ángel Zaballos**, responsable de la Unidad de Genómica del Instituto de Investigación Carlos III. Esta máquina es capaz de descifrar las particularidades de cada gen.

“Se generan datos muy brutos. Son millones de trocitos de ADN –no el ADN completo- y estos hay que juntarlos en una sola pieza más grande, que es el **genoma** original de la bacteria”, explica a Sinc el experto mientras trabaja con el secuenciador.

Este equipo puede analizar hasta cien muestras a la vez y tarda 29 horas con cada una de ellas, pero el cuello de botella del proceso se da en el análisis posterior, según indica **Jesús Oteo**, director del CNM.



Un análisis meticuloso

Realizar el análisis es como montar un puzzle: los investigadores tienen que rellenar los huecos que faltan tras la secuenciación, fijándose en los datos que tienen alrededor y en las semejanzas que presentan.

Una vez que lo finalizan, se comparan con el resto de cepas analizadas. De este modo comprueban si una bacteria es la misma que la otra y si proceden de una misma fuente de infección. “En cuanto se diferencian se pueden establecer relaciones jerárquicas. Somos capaces de averiguar el origen porque sabemos que esta muestra se parece a esta otra”, explica Vázquez.

“Todo este proceso tiene una duración de una semana aproximadamente”, explica Vázquez, aunque Abad añade que normalmente es más.

Este equipo de secuenciación se incorporó en 2017, pero el laboratorio tenía ya una base de datos desde 2015 con más de **700 cepas secuenciadas**, la mayoría de ellas procedentes de pacientes.



La base de datos del Laboratorio de Listeria está también depositada en el Centro Europeo para el Control de Enfermedades Infecciosas. Así, cuando este centro activa una alerta, el resto de países comparan sus secuencias.

Normalmente reciben entre 200 y 300 muestras anuales de listeria, una bacteria que afecta cada año a más personas en la Unión Europea y que en 2017 tuvo una **tasa de mortalidad del 13,8 %**.

Una bacteria ubicua y poco virulenta

Tendrán que esperar hasta que se cierre el brote para poder dar un informe con los resultados

Sin embargo, Julio Vázquez aclara que la listeria no es una bacteria especialmente virulenta. “Se ubica en todos los tipos de ecosistemas. Pero cuando alguien que tiene alguna patología previa, o embarazadas tienen contacto con la listeria, esta aprovecha esa bajada de defensas para producir la patología”, señala.

Lo que pudo provocar estas intoxicaciones fue la cantidad de listeria que había en la carne mechada, según explicó Julio Vázquez ante a las dudas

que existían en torno al origen del brote. “La única **vía de transmisión** es el consumo del alimento contaminado”, insiste el experto.

Hasta ahora solo se han analizado muestras de carne mechada de la **marca La Mechá**, y ya se están estudiando los aislamientos de otros alimentos. Los investigadores explican que tendrán que esperar hasta que se cierre definitivamente el brote para poder dar un informe con los resultados.

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

LISTERIA

LISTERIOSIS

CNM

LABORATORIO

BROTE

SECUENCIACIÓN

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)