Zeitschrift: Bollettino della Società ticinese di scienze naturali
Herausgeber: Società ticinese di scienze naturali
Band: 84 (1996)

Artikel: Genetica delle popolazioni batteriche
Autor: Piffaretti, Jean-Claude / Valsangiacomo, Claudio
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-1003255

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 10.08.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Boll. Soc. Tic. Sci. Natur. (Lugano) - 84(1), 1996, pp 118-120 ISBN-88-85118-12-7

Genetica delle popolazioni batteriche

Jean-Claude Piffaretti e Claudio Valsangiacomo

Istituto Cantonale Batteriosierologico, CH-6904 Lugano

Il nostro gruppo di ricerca presso l'Istituto Cantonale Batteriosierologico a Lugano è articolato sulla tematica della microbiologia medica, in particolare sulla genetica delle popolazioni batteriche. Le specie microbiche sono generalmente caratterizzate da una notevole diversità genetica, diversità che può essere messa in relazione con situazioni patogene e/o epidemiche particolari. Le tecniche di investigazione che usiamo coprono un ampio ventaglio di metodi, spaziando dalla batteriologia classica (isolamento, coltivazione e caratterizzazione di microrganismi patogeni) alla biologia molecolare delle proteine e degli acidi nucleici, includendo il sequenzaggio del DNA e la PCR (Polymerase Chain Reaction). L'apporto delle tecniche molecolari che abbiamo potuto introdurre grazie alla nostra ricerca è stato determinante per lo sviluppo qualitativo dell'Istituto, non solo per quel che riguarda la ricerca in generale, ma anche per l'aggiornamento della diagnosi medica. Grazie alla padronanza di queste metodiche, l'inserimento delle tecniche molecolari di diagnostica nella routine è avvenuto in condizioni ottimali.

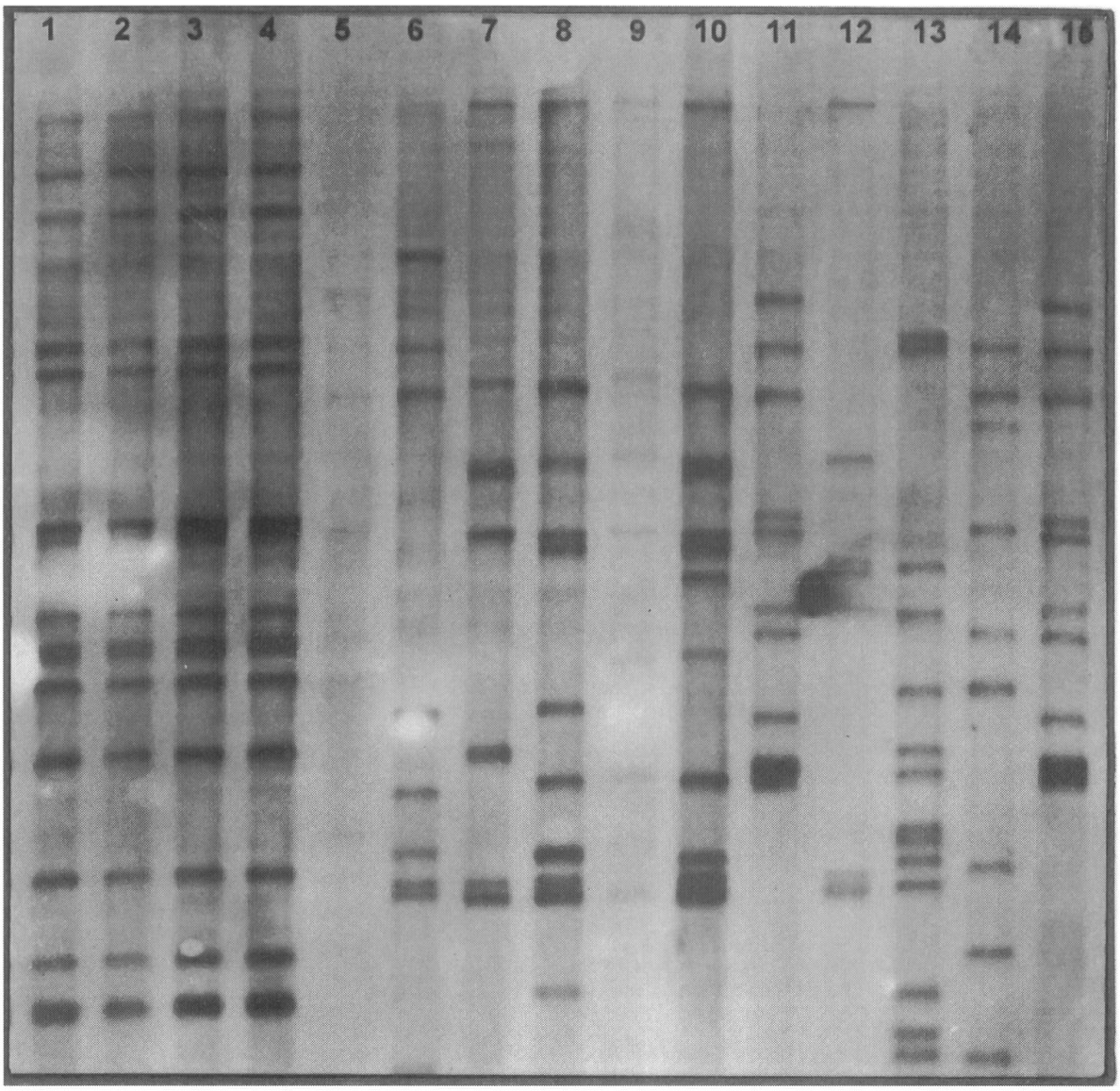
Di seguito sarà esposta la linea di ricerca concernente le ricerche nel campo della genetica molecolare di popolazioni batteriche. Durante questo lavoro, finanziato essenzialmente dal FNSRS, 5 studenti, iscritti a varie università svizzere, hanno conseguito il dottorato in biologia e medicina.

Introduzione

La genetica molecolare di popolazioni batteriche si occupa della caratterizzazione genetica di batteri tramite l'analisi di macromolecole quali il DNA e le proteine. Nel nostro caso le popolazioni batteriche studiate sono responsabili di malattie infettive dell'uomo. Nell'ultimo decennio ci si è occupati di patogeni quali *Campylobacter jejuni* (coinvolto in diarree nell'uomo), *Listeria monocytogenes* (responsabile della listeriosi), *Borrelia burgdorferi* (agente eziologico della malattia di Lyme), *Shigella sp.* (coinvolto in diarree nell'uomo) e recentemente *Mycobacterium tuberculosis* (responsabile della tubercolosi). Fra i vari aspetti studiati in queste malattie infettive e nei relativi agenti patogeni vi sono :

- la classificazione, la sistematica e l'associazione differenziata degli agenti patogeni a manifestazioni cliniche (*Listeria, Borrelia, Campylobacter, Shigella*)
- l'epidemiologia su scala regionale, nazionale e internazionale (*Mycobacterium, Borrelia e Listeria*)
- lo sviluppo di tecniche di investigazione molecolare sugli agenti patogeni, quali AFLP e nested PCR (*Legionella e Borrelia*, rispettivamente)

A mo' di esempio illustriamo uno studio riguardante la struttura genetica delle popolazioni di *Mycobacterium tuberculosis*, l'agente eziologico della tubercolosi.



Profili molecolari (DNA finger printing) di ceppi associati a 15 pazienti. I profili da 1 a 4 indicano che i relativi pazienti si sono infettati a vicenda con lo stesso ceppo, ciò vale anche per i pazienti 11 e 15. Da notare che i due profili (1-4 e 11,15) appartengono a ceppi particolarmente aggressivi caratterizzati da resistenza multipla agli antibiotici, i pazienti infettati da questi ceppi di *M. tuberculosis*, provenienti dal Varesotto, sono nel frattempo tutti deceduti.

La tubercolosi

Mycobacterium tuberculosis, l'agente eziologico della tubercolosi, era fra le cause predominanti di morte nel XVII e XVIII secolo (25% di incidenza nella popolazione europea). Il miglioramento generale delle condizioni igienico-sanitarie ed economico-sociali nel XIX e XX secolo e la messa a punto di terapie antibiotiche nel periodo postbellico ha permesso una progressiva regressione della malattia. Tuttavia, questo trend di diminuzione si è recentemente allentato, e in alcuni casi (paesi sottosviluppati e popolazioni emarginate nell'occidente) si assiste addirittura ad un aumento dell'incidenza della tubercolosi. Fra le cause di questo fenomeno possiamo menzionare l'aumento dell'incidenza di AIDS e il deterioramento delle condizioni socio-economiche in una fascia sempre più ampia della popolazione

Quest'inversione di tendenza, coadiuvata dalla progressiva espansione di ceppi a resistenza multipla agli antibiotici (multidrug-resistant strains, MDRS), suscita da un lato preoccupazione a livello di sanità pubblica e dall'altro interesse nella comunità scientifica. Un efficace controllo del-

la tubercolosi, ma anche di altre malattie infettive, può essere raggiunto solo se si dispone di approfondite conoscenze sull'epidemiologia del morbo. Il nostro contributo per questa causa si limita a fornire un'immagine della distribuzione di ceppi particolarmente pericolosi (alta virulenza e/o resistenza multipla agli antibiotici). Quest'immagine è ricostruita tramite tecniche di finger printing molecolare, basate cioè sui polimorfismi (« diversità ») del DNA.

Origine dei ceppi batterici

La collezione di ceppi è costituita da ceppi ticinesi isolati presso il nostro istituto, ceppi dal vicino Varesotto (geograficamente e culturalmente vicino al Ticino ma separato da un confine politico) e ceppi dal Canton Zurigo (geograficamente e culturalmente lontano dal Ticino ma nello stesso paese).

Metodo di studio

I ceppi, ognuno dei quali è associato ad un paziente tubercolotico, sono stati coltivati e analizzati tramite una tecnica molecolare di finger printing chiamata RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism). L'analisi fornisce dei profili di bande che caratterizzano il ceppo inequivocabilmente, analogamente a quanto succede per gli esseri umani con le impronte digitali. I profili vengono poi computerizzati per verificarne similitudini o divergenze.

Risultati

L'analisi dei profili molecolari ha permesso di individuare il comportamento particolarmente aggressivo di ceppi caratterizzati da resistenza multipla agli antibiotici (vedi figura). Fra i contributi più significativi di questo studio citiamo i dati sulla distribuzione di tali ceppi nell'area presa in considerazione: mentre nel Varesotto è stata riscontrata la presenza di alcuni ceppi multiresistenti, il Ticino non sembra essre toccato da questa problematica, perlomeno allo stato attuale. Informazioni sulla ripartizione geografica e la distribuzione fra le varie fascie di popolazione (età, sesso, AIDS, nazionalità ecc.) hanno permesso di farci un'idea pur sempre frammentaria ma fin'ora assente dell'epidemiologia della tubercolosi alle nostre latitudini.

Referenze bibliografiche

AESCHBACHER M. and PIFFARETTI J.-C.. Population genetics of human and animal enteric *Campylobacter* strains. Infect. Immun. 57: 1432-1437 (1989).

PIFFARETTI J.-C., KRESSEBUCH H., AESCHBACHER M., BILLE J., BANNERMAN E., MUSSER J.M., SELANDER R.K., and ROCOURT J.. Genetic characterization of clones of the bacterium *Listeria monocytogenes* causing epidemic disease. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 86: 3818-3822 (1989).

BOERLIN P., PETER O., BRETZ A.-G., POSTIC D., BARANTON G., and PIFFARETTI J.-C.. Population genetic analysis of *Borrelia burgdorferi* isolates by multilocus enzyme electrophoresis. Infect. Immun.: 60: 1677-1683 (1992).

VALSANGIACOMO C., BAGGI F., GAIA V., BALMELLI T., PEDUZZI R., and PIFFARETTI J.-C.. Use of amplified fragment length polymorphism in molecular typing of *Legionella pneumophila* and application to epidemiological studies. J. Clin. Microbiol. 33: 1716-1719 (1995)

BALMELLI T. and PIFFARETTI J.-C.. Association between different clinical manifestations of Lyme disease and different species of *Borrelia burgdorferi* sensu lato. Res. Microbiol. 146: 329-340 (1995)

BOERLIN P. and PIFFARETTI J.-C.. Multilocus Enzyme Electrophoresis. In: Methods in Molecular Biology, vol. 46: Diagnostic Bacteriology Protocols. Ed. by: J. Howard and D. M. Whitcombe, Humana Press Inc., Totowa, NJ, pp. 63-78 (1995)

BALMELLI T. and PIFFARETTI J.-C.. Analysis of the genetic polymorphism of *Borrelia burgdorferi* sensu lato by multilocus enzyme electrophoresis. Int. J. Syst. Bacteriol.:46: 167-172 (1996)

VALSANGIACOMO C., BALMELLI T., and PIFFARETTI J.-C.. A nested polymerase chain reaction for the detection of *Borrelia burgdorferi* sensu lato based on a multiple sequence analysis of the hbb gene. FEMS Microbiol. Lett. 136: 25-29 (1996)