

File Modifica Visualizza ?



32° Congresso Nazionale Società Italiana di Microbiologia



Milano, 26 - 29 Settembre 2004

RIASSUNTI

CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI STIPITI DI *HELICOBACTER PYLORI* ISOLATI DA SOGGETTI CON PATOLOGIA GASTRICA.

C. Calà*, C. Bonura*, S. Dato*, S. Taormina*, G. Giuliana**, A. Giammanco*

* Dipartimento di Igiene e Microbiologia, Università degli Studi di Palermo.

** Chirurgia Toracica, (Resp, UOC Dr.A.Cusumano). Ente Ospedaliero di Sciacca.

Pur essendo noto da tempo che *H. pylori* esercita un ruolo patogeno a livello gastrico, non sono ancora ben definiti i meccanismi con cui il microorganismo entra in gioco nella eziopatogenesi della gastrite cronica di tipo B, delle ulcere peptiche e duodenali, del carcinoma gastrico e del MALT-linfoma.

Vengono considerati fattori predisponenti nell'evoluzione del carcinoma gastrico, sia la protratta risposta infiammatoria dell'ospite, sia la carica microbica e la persistenza del microorganismo.

Fra i fattori di virulenza microbica, quelli più frequentemente implicati nelle diverse patologie sono: le proteine della membrana esterna (OipA, HopZ, HopQ, SabA, SabB, BabA) verosimilmente responsabili dell'adesione all'epitelio gastrico, la tossina vacuolizzante VacA induttrice anche dell'apoptosi e la proteina CagA ad elevato potere immunogeno.

Fra i fattori inducenti la risposta infiammatoria, oltre a CagA, un ruolo importante sembra svolgerlo la proteina NAP (Neutrophil-Activating-Protein) che attiva i neutrofili e promuove la loro adesione alle cellule dell'endotelio.

I geni codificanti i fattori di virulenza sopra menzionati sono stati identificati e caratterizzati con metodi molecolari utilizzabili per la valutazione delle potenzialità patogenetiche degli isolati e per lo studio delle loro possibili associazioni con quadri patologici di differente gravità.

Tali geni sono stati anche da noi ricercati, tramite PCR, in 16 stipiti di *H.pylori* isolati da pazienti ambulatoriali affetti da patologia gastrica di diversa entità (gastrite e ulcera gastrica). I risultati sono stati anche correlati con i quadri patologici.

32° Congresso Nazionale

Società Italiana di

Microbiologia

CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DI MICROORGANISMI IN SUOLI CONTAMINATI DA IDROCARBURI MEDIANTE SEQUENZIAMENTO DEL 16S rDNA E ANALISI AFLP.

La Rosa¹ G., De Carolis¹ E., Sali¹ M., Papacchini² M., Riccardi² C., Mansi² A., Paba² E., Alquati³ C., Bestetti³ G. e Muscillo¹ M.

¹ Istituto Superiore di Sanità, Roma. ² Istituto Superiore per la Prevenzione e la Sicurezza del Lavoro, Monte Porzio Catone (Roma) ³ Università degli Studi di Milano Bicocca, Dipartimento di Scienze dell'Ambiente e del Territorio.

Negli ultimi anni è cresciuta l'attenzione nei confronti delle tecniche per la bonifica di terreni contaminati, in particolare per i metodi di biorisanamento che si avvalgono delle potenzialità metaboliche di specifici microrganismi per la degradazione di una vasta gamma di inquinanti organici. In tale settore è fondamentale lo studio della composizione e della struttura delle comunità microbiche coinvolte nei processi di degradazione dei contaminanti. Recentemente, le metodiche molecolari basate sull'uso della tecnica PCR hanno trovato ampia applicazione, insieme alle tradizionali, nello studio dell'ecologia microbica del suolo. In questo lavoro, nell'ambito di un progetto di biorisanamento, sono stati caratterizzati ceppi batterici isolati da suoli contaminati da idrocarburi mediante sequenziamento del gene codificante l'rRNA 16S per l'identificazione a livello di specie e, successivamente, mediante AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) per lo studio della variabilità genetica intraspecifica.

I microrganismi sono stati isolati da campioni di suolo provenienti da due diverse aree industriali del centro Italia contaminate da idrocarburi. Per l'amplificazione e il sequenziamento dell'intero gene codificante per l'rRNA 16S è stato utilizzato il kit *MicroSeq 16S rRNA gene sequencing*. L'analisi AFLP è stata condotta in duplicato utilizzando la coppia di primer selettiva *EcoRI-A/MseI-CC*.

Sono stati identificati 14 ceppi batterici: *Alcaligenes xylosoxidans* (5), *Rhodococcus wratislaviensis* (4), *Microbacterium paraoxidans* (1), *Pseudomonas putida* (1), *Bacillus firmus* (1), *Bacillus megaterium* (1), *Paenibacillus lautus* (1). L'analisi AFLP ha evidenziato polimorfismo intraspecie anche in campioni con sequenze 16S identiche al 100%.

I risultati ottenuti in questo studio mostrano una grande variabilità all'interno delle comunità microbiche e confermano l'importanza dei metodi molecolari nella identificazione e caratterizzazione degli isolati ambientali. La determinazione della diversità genetica presente in una comunità microbica con conseguente possibilità di individuare rapidamente ceppi con peculiari proprietà metaboliche potrebbe offrire un importante contributo allo studio delle comunità microbiche e del biorisanamento.