



Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Ciencias Biológicas
Escuela Académico Profesional de Genética y Biotecnología

**Análisis comparativo de dos genomas de Pasteurella
multocida asociado a neumonía de alpacas y bovinos**

TESIS

Para optar el Título Profesional de Bióloga Genetista
Biotecnóloga

AUTOR

Nataly Olivia ALLASI CANALES

ASESOR

Lenin MATURRANO HERNÁNDEZ

Lima, Perú

2014

Resumen

La neumonía en alpacas es una de las principales causas de mortalidad, llegando a ser la segunda causa de muerte en las crías. Esta enfermedad puede ser causada por diversos factores bacterianos, virales o condiciones del hospedador e incluso la combinación de todos ellos. Uno de los principales patógenos es la bacteria *Pasteurella multocida*, que está involucrada en la pasteurelosis en diversas especies de animales domésticos, entre ellas las alpacas. A pesar de ser una enfermedad importante, se conoce poco sobre este microorganismo. El presente trabajo tuvo como objetivo comparar los genomas de las cepas que infectan bovinos y alpacas (36950 y UNMSM, respectivamente) para conocer la genómica estructural de la cepa aislada de alpacas y dilucidar qué proteínas podrían estar relacionadas en la patogénesis en ambos hospederos (bovinos y alpacas). Por ello se secuenció el genoma de *P. multocida* que infecta alpaca; se realizó el análisis genómico estructural y funcional y posteriormente el análisis comparativo con *P. multocida* 36950. Se encontró que *P. multocida* UNMSM comparte 1798 proteínas con *P. multocida* 36950, de las cuales 121 son factores de virulencia. Adicionalmente, se encontró que el elemento conjugativo ICEPmu1 de *P. multocida* 36950 no está presente en *P. multocida* UNMSM, sin embargo posee una región de 250 Kb única entre seis cepas de *P. multocida* subespecie *multocida* disponibles en base de datos. El análisis filogenético demostró que la proteína FUR está conservada para cepas de *P. multocida* subespecie *multocida*. Por otro lado, la proteína OMPH es variable entre las cepas mencionadas. También se analizó el gen *atpD* y se encontró que *P. multocida* UNMSM fue altamente variable respecto a la secuencia de *atpD* de las otras cuatro subespecies de *Pasteurella* (*multocida*, *gallicida*, *tigris*, *septica*).

Palabras clave: *Pasteurella multocida*, neumonía, genómica comparativa, análisis filogenético, factores de virulencia.

Abstract

Pneumonia is one of the main mortality causes in alpacas; and the second one in babies' alpacas. It might be caused by several factors like bacteria, virus, different host conditions or even a mixture of them. One the factors mentioned is the bacterium *Pasteurella multocida*, which is also involved in Pasteurellosis of other domestic species, including alpacas. However, little is known about this infection, regardless its importance. The aim of this thesis was to compare the genomes of both strains infecting bovines and alpacas genomes, 36950 and UNMSM, respectively, in order to know the genomic structure of the strain isolated from alpacas and elicit which proteins are related to pathogenesis in both hosts. For that reason, we sequenced the genome of *P. multocida* affecting alpaca, we performed structural and functional genomics analysis and then comparative genomics analysis with *P. multocida* 36950. It was found that *P. multocida* strains UNMSM and 36950 share 1798 proteins, from which 121 were considered as virulence factors. Additionally, although strain 36950 presents ICE*Pmu1*, UNMSM strain does not. However, UNMSM has a unique 250 Kb region between six *P. multocida multocida* strains. Phylogenetic analysis showed that FUR protein is conserved between six *P. multocida multocida* strains. On the other hand, OMPH protein is variable between those strains. *AtpD* gene was also analyzed and we found that *P. multocida* UNMSM was highly variable between the other four subspecies's *atpD*, which probably means that UNMSM strain can be considered as a new subspecies.

Keywords: *Pasteurella multocida*, comparative genomics, phylogenetics analysis, virulence factors.