

Dalla tassonomia classica alla chemiotassonomia e alla filogenesi molecolare

La tassonomia batterica si basa su analisi fenotipiche che considerano:

- a quale altro microrganismo assomiglia
- il suo metabolismo energetico
- movimento
- proprietà di superficie (tipo di flagelli, fimbriae)

Analisi fenotipica : riveste ancora un ruolo molto importante:

Tabella 21.2 Alcune caratteristiche fenotipiche di valore tassonomico

<i>Categoria</i>	<i>Caratteristiche</i>
Morfologia	Morfologia di colonia; colorazione Gram; dimensioni e forma; presenza e tipo dei flagelli; presenza di spore; corpi di inclusione (granuli di PHB ^a , glicogeno o polifosfati, vescicole gassose, magnetosomi); capsula; strato cristallino o mucillaginoso; peduncoli o appendici; formazione di corpi fruttiferi.
Mobilità	Non mobili; mobilità per scivolamento; mobilità flagellare; sciamatura; mobilità per mezzo di vescicole gassose.
Metabolismo	Meccanismi di conservazione dell'energia (fototrofi, chemiorganotrofi, chemiolitotrofi); utilizzo di composti carboniosi, azotati o zolfo; fermentazione degli zuccheri; fissazione dell'azoto; necessità nutrizionali.
Fisiologia	Temperatura, pH e range di salinità necessari alla crescita; risposta all'ossigeno (aerobica, facoltativa, anaerobica); presenza di catalasi e ossidasi; produzione di enzimi extracellulari.
Chimica lipidica cellulare	Acidi grassi ^b ; lipidi polari; chinoni respiratori.
Chimica lipidica della parete	Presenza o assenza di peptidoglicano; composizione amminoacidica dei cross-link; presenza o assenza di ponti tra i cross-link.
Altre caratteristiche	Pigmenti; luminescenza; sensibilità agli antibiotici; sierotipo, produzione di composti unici, per esempio antibiotici.

^aAcido poli-B-idrossibutirrico (si veda il Paragrafo 3.10).

FAME (Fatt acid Methyl Ester) : Analisi degli acidi grassi

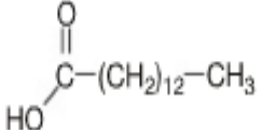
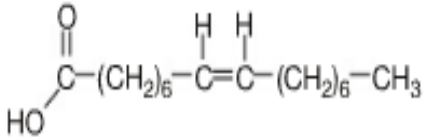
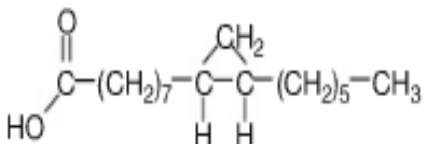
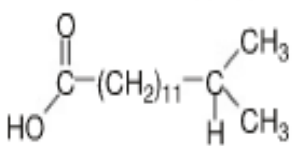
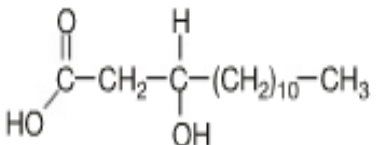
Il tipo e la qualità degli acidi grassi presenti nei lipidi della membrana citoplasmatica e della membrana esterna dei Gram- sono caratteristiche fenotipiche importanti .

La FAME è molto utilizzata sia nei laboratori clinici che nell'ispezione di acqua e cibo.

Che cosa si cerca?

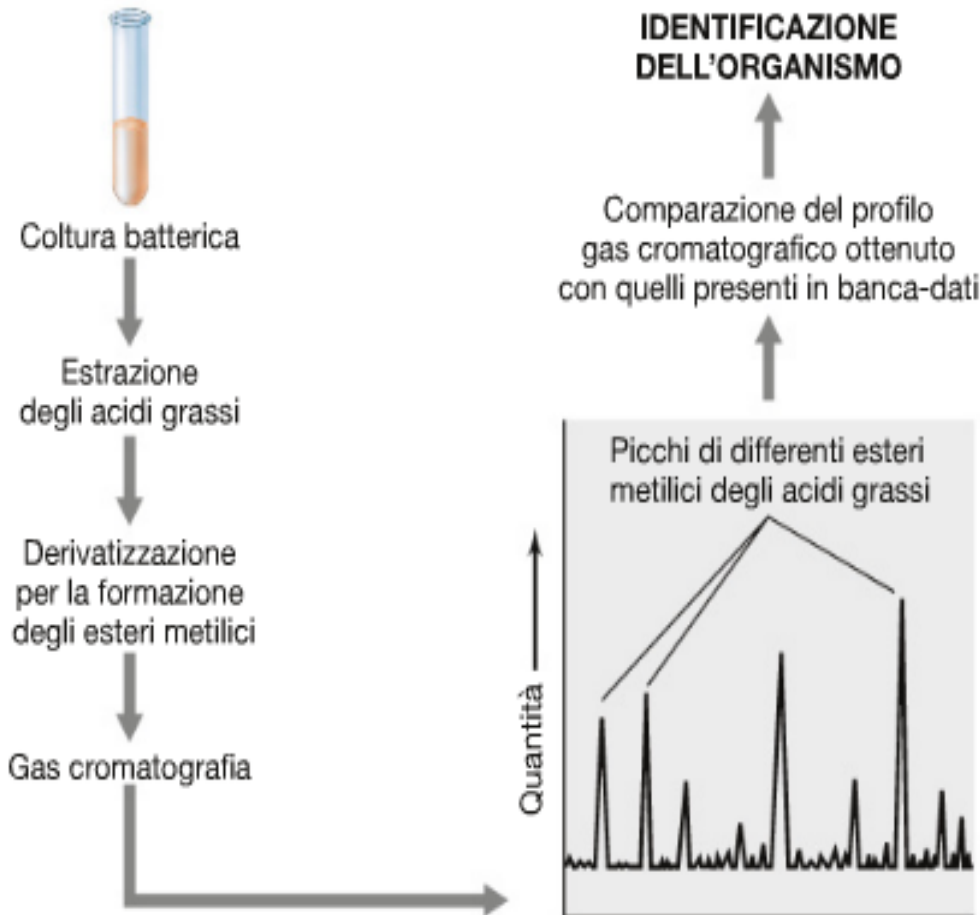
La composizione degli acidi grassi dei batteri, ovvero la presenza o assenza di doppi legami, anelli catene ramificate varia da specie a specie

Classi di acidi grassi nei *Bacteria*

Classe/Esempio	Struttura dell'esempio
I. Saturi: acido tetradecanoico	
II. Insaturi: acido omega-7-cis esadecanoico	
III. Ciclopentenici: acido cis-7,8-metilene esadecanoico	
IV. Ramificati: acido 13-metil-tetradecanoico	
V. Idrossilati: acido 3-idrossi-tetradecanoico	

(a)

Come si effettua l'analisi?? Sono attualmente conosciuti oltre 200 differenti acidi grassi



Si effettua su acidi grassi estratti per idrolisi da colture batteriche cresciute in condizioni standardizzate

Gli acidi grassi vengono derivatizzati per la formazione dei corrispettivi composti metil-esteri che essendo volatili possono essere analizzati per gas cromatografia.

Il cromatogramma ottenuto mostra un picco in corrispondenza di ogni particolare estere metilico e la sua altezza ne indica la quantità

Il cromatogramma viene poi comparato con i profili di migliaia di batteri di riferimento, cresciuti nelle stesse condizioni

LIMITI della tecnica FAME

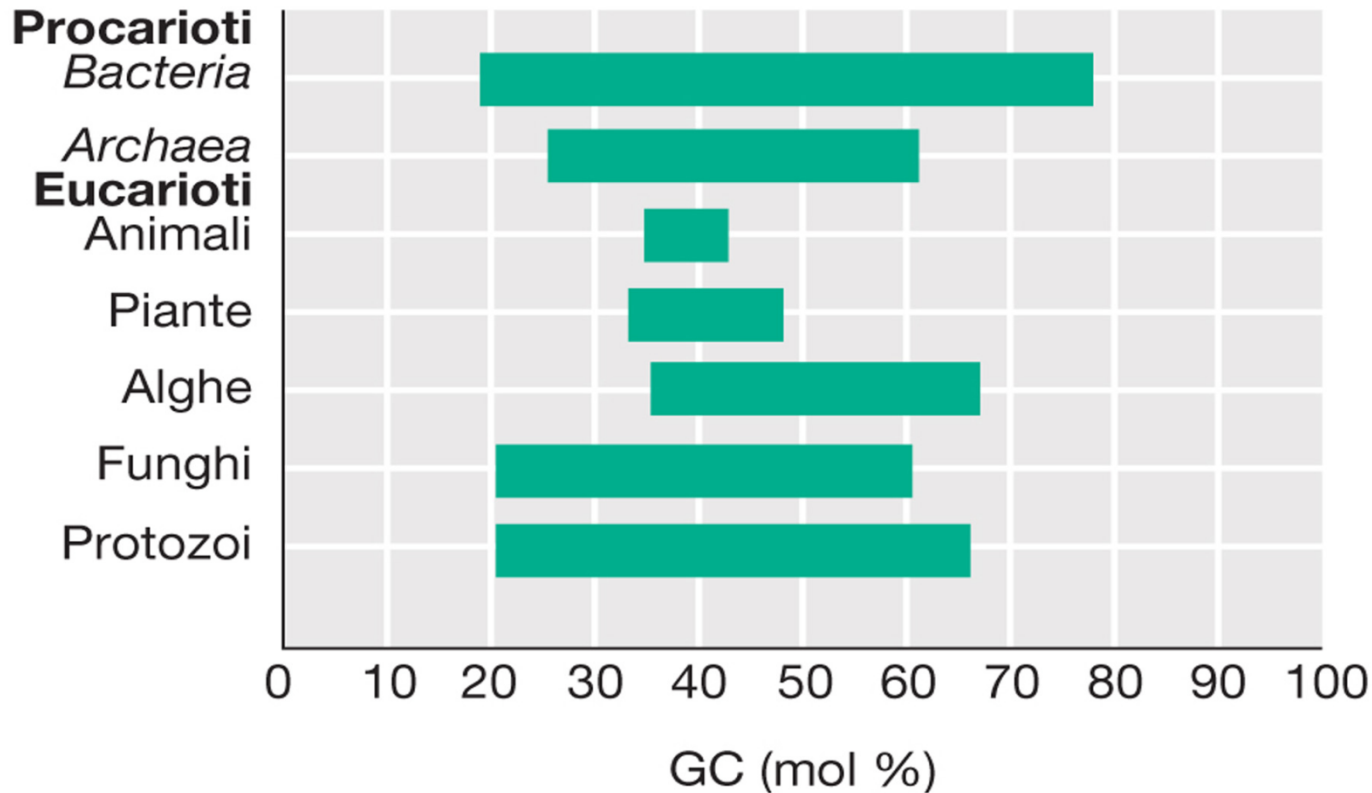
I marcatori fenotipi compresi gli acidi grassi possono variare a seconda dei parametri ambientali quali temperatura, fase di crescita, terreno di coltura.

Quindi per una analisi comparativa attendibile bisogna lavorare in condizioni standardizzate.

Quindi per avere risultati credibili bisogna lavorare in determinate condizioni di crescita che non sono applicabili a tutti i batteri.

Contenuto in GC

Il contenuto in GC del DNA genomico definito come percentuale di guanina più citosina presente nel DNA di un organismo fornisce informazioni utili per la tassonomia



Nei procarioti varia ampiamente il contenuto in GC dal 20 all' 80% variazione più ampia rispetto agli eucarioti

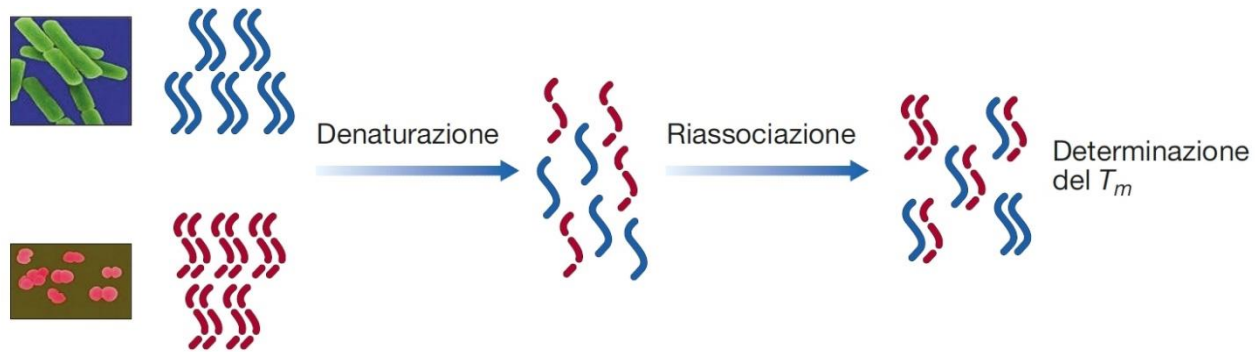


Figura 16.11 SCHEMA DELLA PROCEDURA PER MISURARE LA PERCENTUALE DI OMOLOGIA TRA IL DNA DI DUE ORGANISMI MEDIANTE LA MISURAZIONE DELLA TEMPERATURA DI DENATURAZIONE DEL DNA IBRIDO. Il DNA estratto dalle due specie viene denaturato, mescolato e lasciato riassociare; si misurano poi la temperatura e la velocità con cui si forma l'ibrido, che dipendono dalla percentuale di similarità tra le due sequenze.

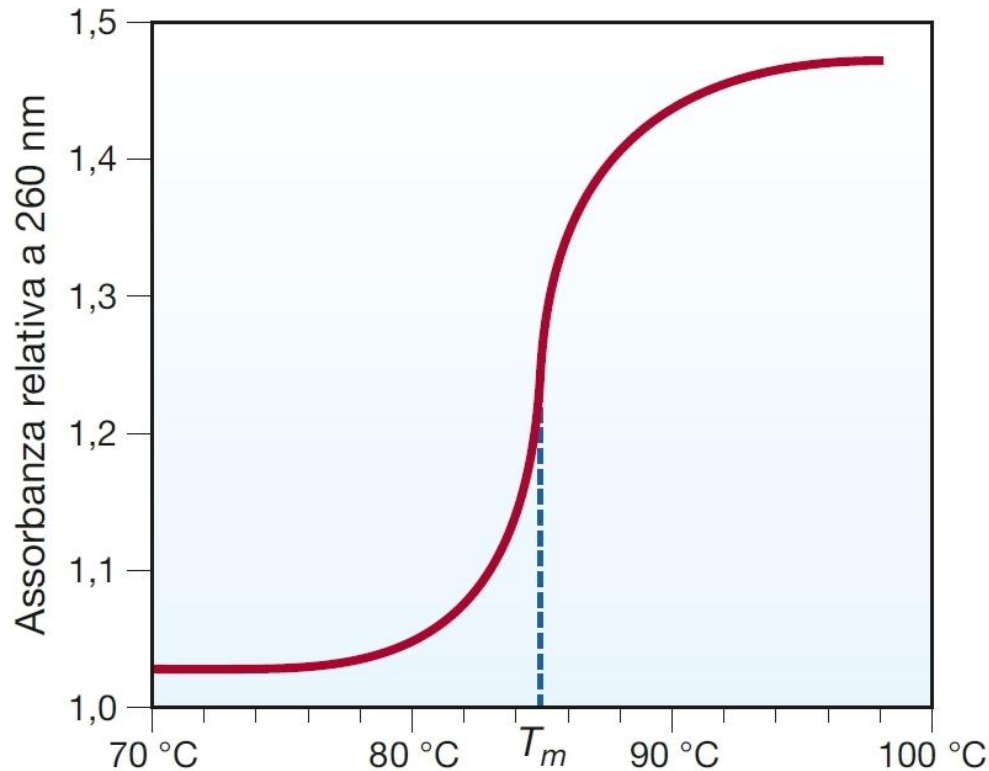


Figura 16.9 DETERMINAZIONE DELLA TEMPERATURA DI FUSIONE DEL DNA MEDIANTE LA CURVA DI RINATURAZIONE. Poiché quando si denatura il DNA a doppia elica aumenta l'assorbanza, la denaturazione viene determinata attraverso la misura dell'assorbanza. T_m (m, *melting*, fusione) indica la temperatura alla quale la metà del DNA è denaturato ed è proporzionale al contenuto in G+C del DNA stesso.

Cosa si può ricavare dal contenuto in GC?

Stesso contenuto in GC:

possono essere simili o diversi

due microrganismi possono avere lo stesso contenuto in GC ma essere diversi in quanto data una particolare composizione di basi del DNA è possibile ottenere una grande varietà di sequenze.

Diverso contenuto in GC

sicuramente diversi

Se il contenuto in GC tra due microrganismi differisce più del 5% essi avranno in comune poche sequenze di DNA e di conseguenza poco correlati.

Geni utilizzati per ricostruzione filogenetica nei microrganismi oltre al gene per RNA ribosomiale 16S

GENE/FAMIGLIA/FUNZIONE

DNA polimerasi

Sintesi purine e pirimidine

Ciclo TCA

Fattori d'inizio e di allungamento della traduzione

RNA ribosomali

Proteine ribosomali

Aminoacil-t-RNA sintetasi

Biosintesi degli aminoacidi

Proteine *heat-shock*

Biosintesi di cofattori

Parete cellulare

SEQUENZE TIPIZZANTI

L'analisi in silico ha rivelato la presenza di SIGNATURE SEQUENCES brevi oligonucleotidi caratteristici di un determinato gruppo di organismi

Alcune signature sequences possono definire uno specifico gruppo all'interno di un Dominio, o un particolare genere o una specie

Sequenze tipizzanti negli rRNA 16S (o 18S) nei tre Domini

Oligonucleotide tipizzante ^a	Posizione approssimativa ^b	Frequenza di comparsa ^c		
		Archea	Batteri	Eucarioti
CACYYG	315	0	>95	0
AAACUCAA	910	3	100	0
AAACUAAAAG	910	100	0	100
YUYAAUUG	960	100	<1	100
CAACCYYCR	1110	0	>95	0
UCCUG	1380	>95	0	100
UACACACCG	1400	0	>99	100
CACACACCG	1400	100	0	0

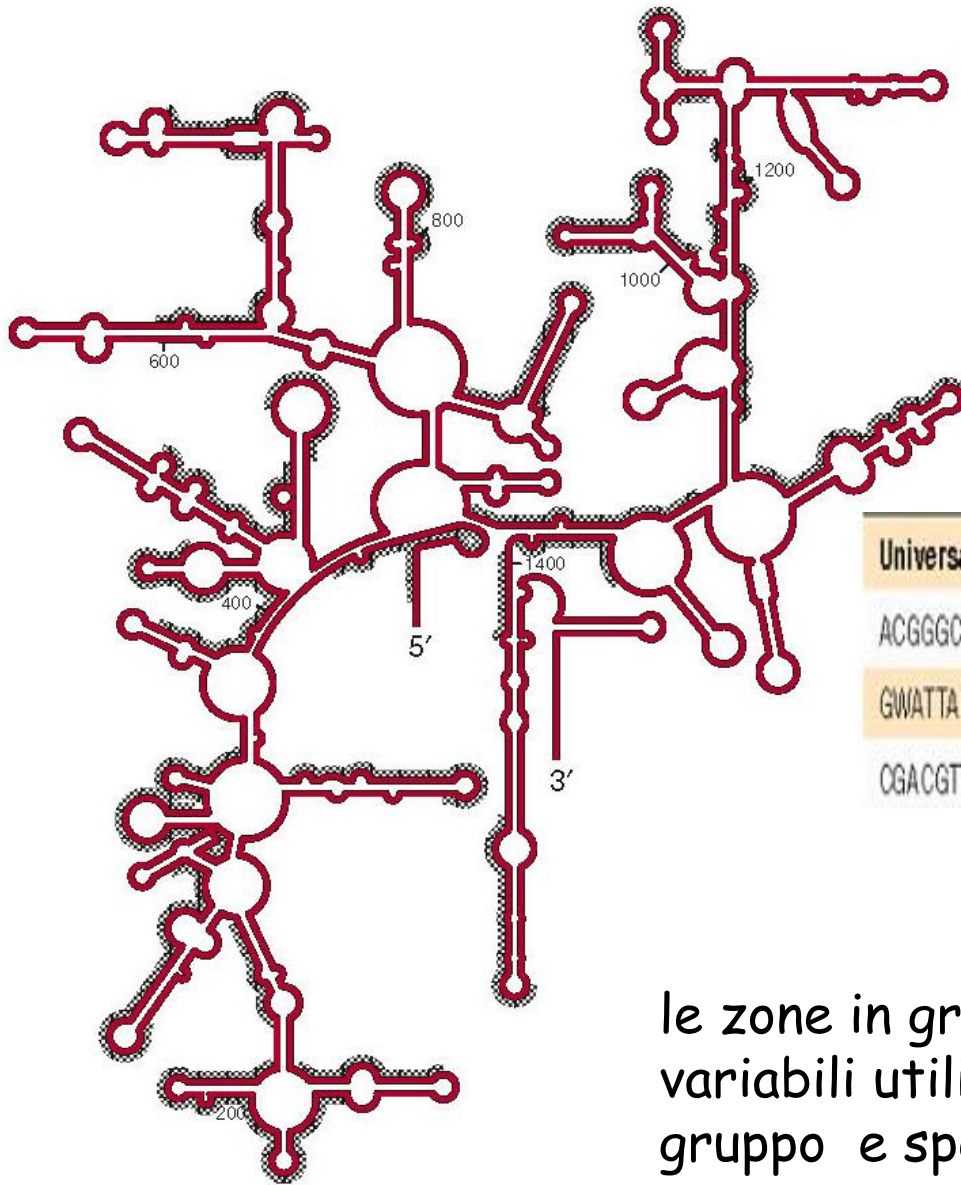
^a Y, qualsiasi pirimidina; R, qualsiasi purina.

^b Fare riferimento alla figura 11.11c per lo schema di numerazione dell'rRNA 16S.

^c La comparsa si riferisce alla percentuale di organismi esaminati in ciascun dominio contenente la sequenza.

Struttura dell'RNA 16S .

Alcune sequenze del DNA x RNA 16S sono così conservate che sono state utilizzate per designare primer universali



Universale

ACGGGCGGTGTGTRC

16S, 1392-1406

GWATTACCGCGGCKGCTG

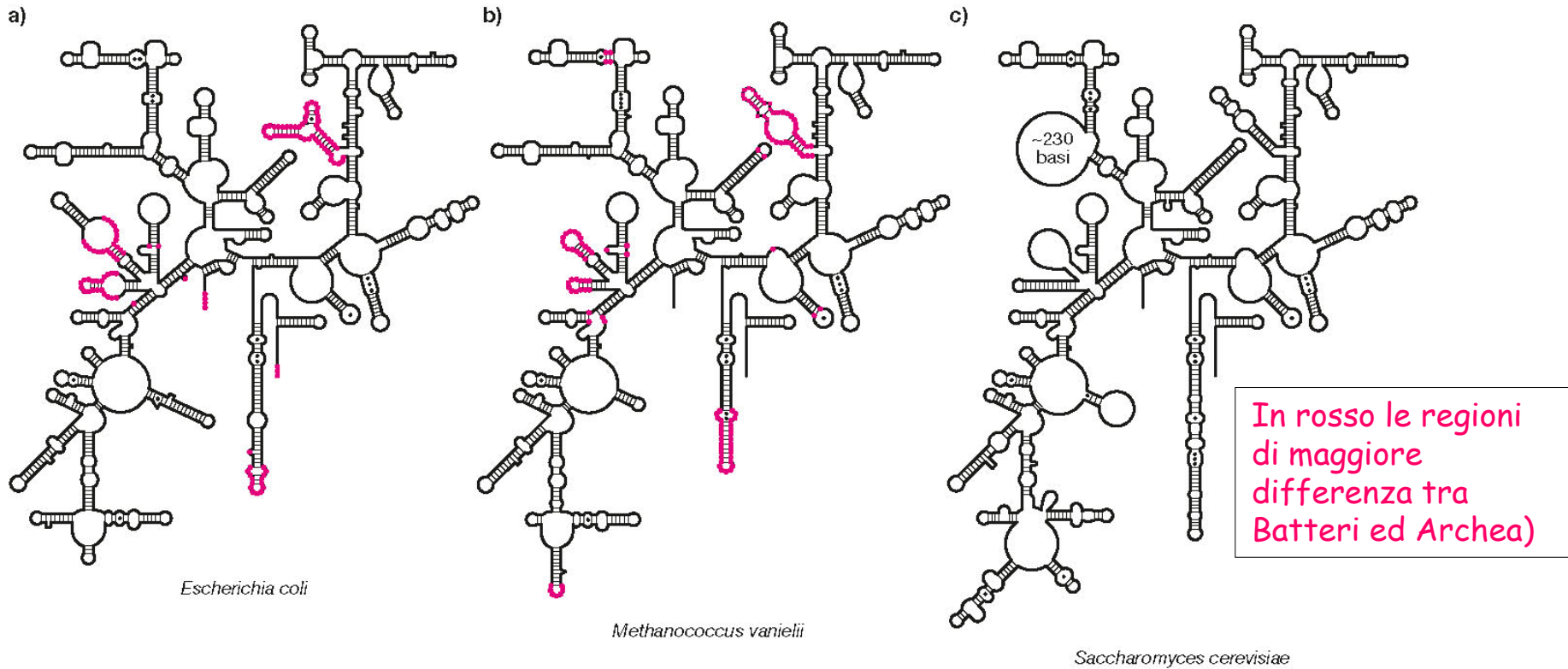
16S, 522-536

CGACGTTYAAACCCAGTC

23S, 2576-2596

le zone in grigio indicano le sequenze variabili utilizzate per disegnare sonde gruppo e specie specifiche.

Confronto tra RNA 16S di Batteri, Archea ed Eucarioti



Sequenze signatures utilizzate per distinguere microrganismi dei 3 Domini.

Dominio		
GTGCTCCCCGCAATTCT	16S, 915-934	Archaea
TCCGGCRGGATCAACGGAA	16S, 2-21	Archaea
GCTGCCTCCCGTAGGAGT	16S, 338-355	Bacteria
ACCGCTTGTGCGGGGCC	16S, 927-942	Bacteria
ACCAGACTGCCCTCC	16S, 502-516	Eukarya
GGGCATCACAGACCTG	16S, 1195-1209	Eukarya

Si possono disegnare sonde filogenetiche specifiche che reagiscono solo con i ribosomi di un singolo dominio, oppure con linee specifiche all'interno di una particolare famiglia, genere o specie.

Sonde filogenetiche e FISH

Sonde sia quelle universali che specifiche sono filamneti di acido nucleico che vengono utilizzate per ibridare acido nucleico complementare.

Sonde Universali: legano sequenze complementari **CONSERVATE** presenti in tutti gli organismi indipendentemente dal loro dominio di appartenenza

FISH

Per l'identificazione filogenetica si usano oligonucleotidi fluorescenti la cui sequenza di basi sia complementare a sequenze presenti nell'RNA ribosomiale (rRNA 16 S o 23S nei procarioti, 18S o 28S negli eucarioti).

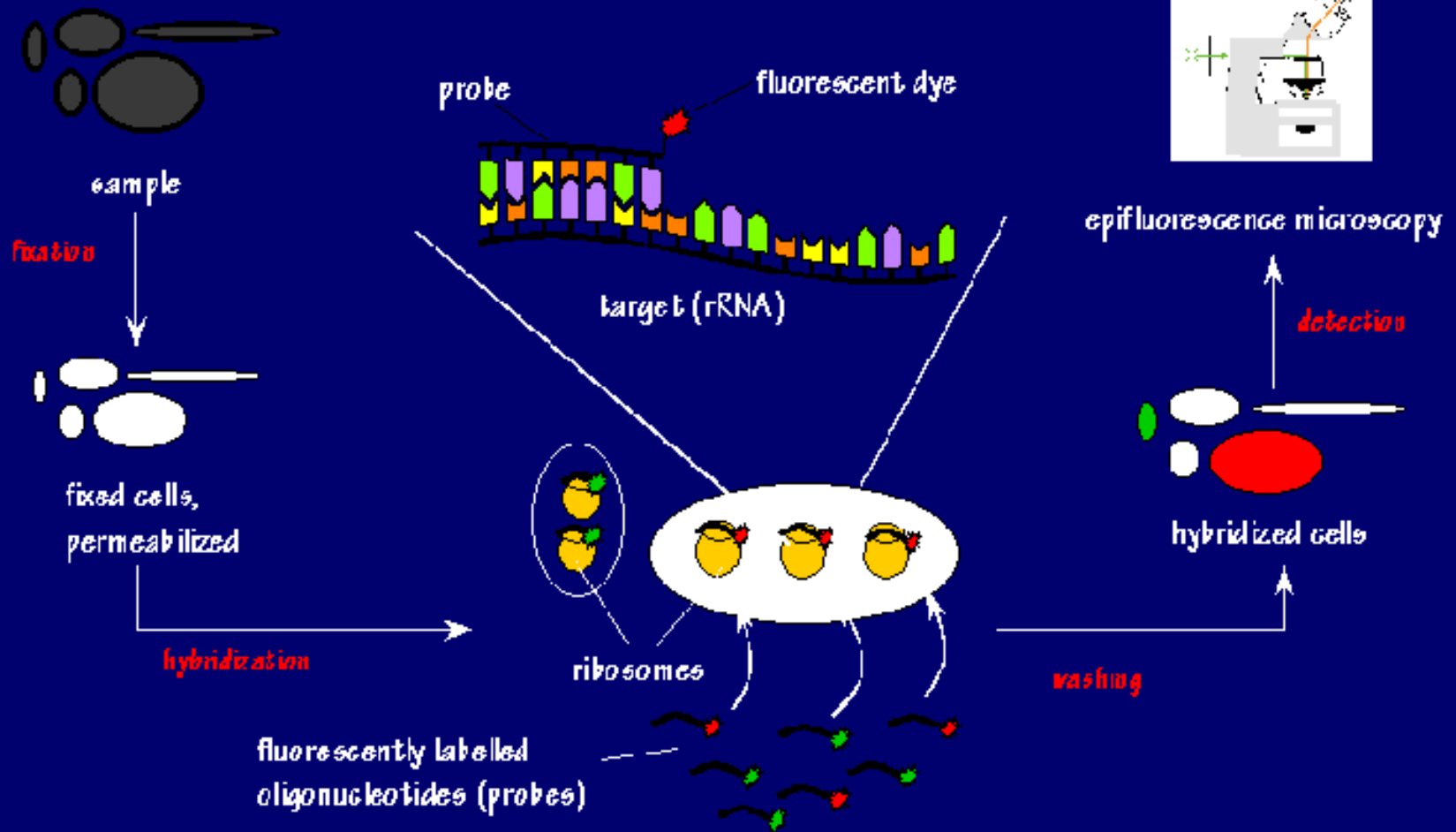
Questi oligonucleotidi penetrano nelle cellule senza che sia necessario lisciarle e ibridano direttamente con rRNA presente nei ribosomi.

Poiché i ribosomi sono presenti diffusi nel citoplasma, la cellula diventa interamente fluorescente.

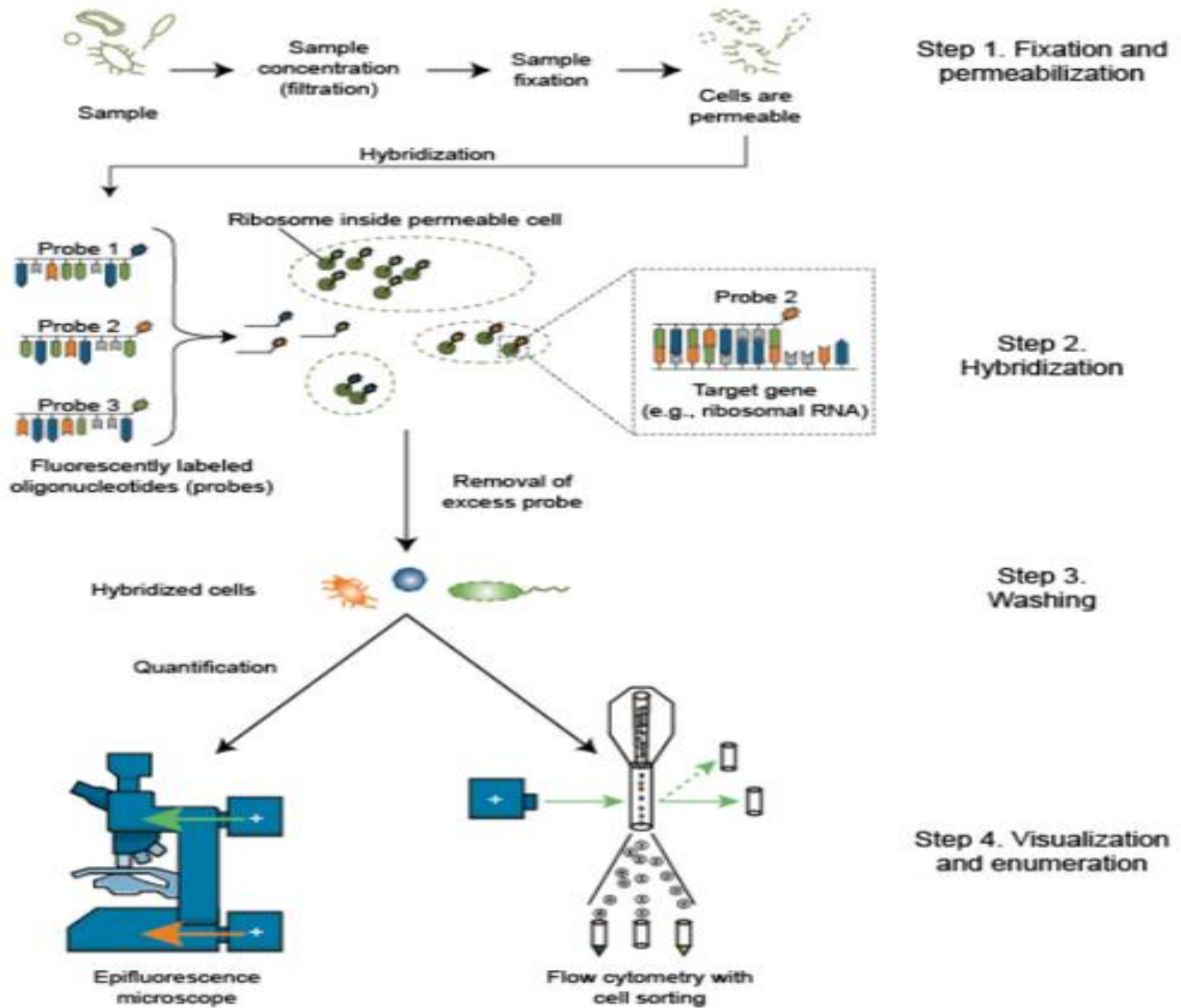
Si possono progettare

- sonde che riconoscono una singola specie o gruppi di specie correlate
- sonde più generali che riconoscono tutte le cellule appartenenti ad un determinato dominio filogenetico.

Fluorescence In Situ Hybridization (FISH)



FISH



FISH fluorescent in situ hybridization

Il legame delle sonde ai ribosomi può essere visualizzato al microscopio a fluorescenza , utilizzando dei particolari marcatori fluorescenti legati alla sonda e trattando le cellule in modo tale che diventino permeabili ai reagenti.

FISH ampiamente utilizzata

in diagnostica clinica

- Rapida identificazione di specifici patogeni in campioni prelevati da pazienti
- Elimina la necessità di coltivare il microrganismo

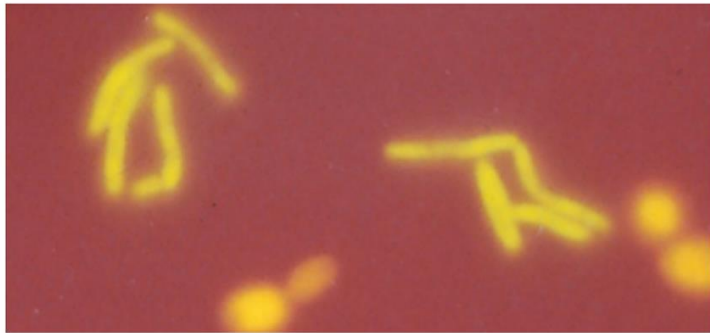
ecologia microbica

Identificazione diretta di comunità microbihe

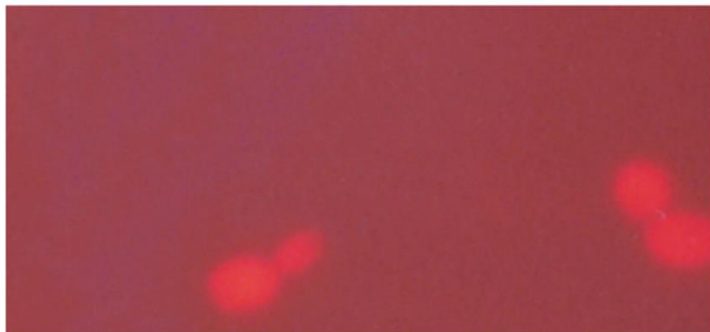
SONDE filogenetiche



(a)



(b)



(c)

Norman Pace

Filamenti di acido nucleico marcato possono ibridarsi con acido nucleico complementare

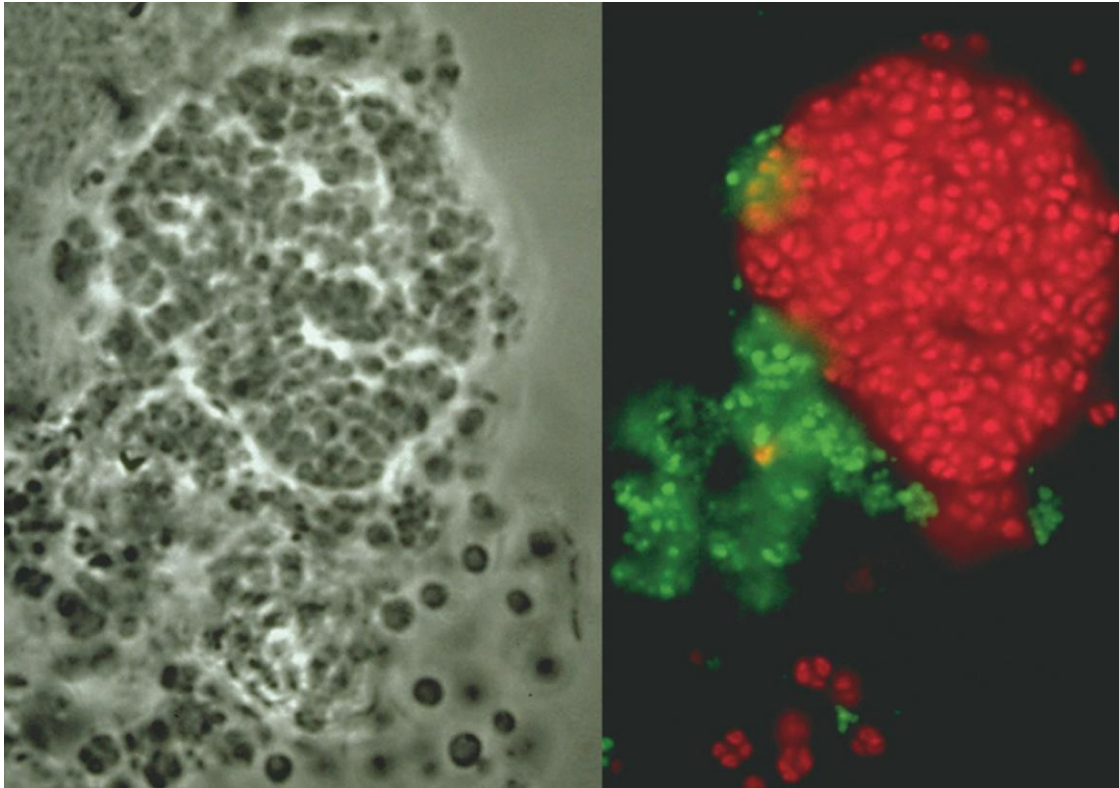
- Sonde generali (p.e. RNA ribosomiale)
- Sonde specifiche (p.e. limitate ai Batteri o Archea)

Cellule colorate con sonde universali di rRNA che reagisce sia con procarioti che eucarioti

Cellule colorate con una sonda specifica per gli rRNA eucariotici

FISH ed ecologia microbica

Analisi di un frammento di fango



Sonda rossa è specifica per i batteri nitrificanti capaci di ossidare l'ammoniaca

sonda verde specifica per i batteri nitrito ossidanti

CARD FISH: Catalized Reporter Deposition (Precipitazione Catalizzata dell'indicatore)

La FISH può essere utilizzata oltre che per caratterizzare la diversità filogenetica dei microrganismi presenti in un determinato habitat anche per misurare l'espressione genica dei microrganismi in un campione naturale.

Poiché in questo caso il bersaglio della sonda è mRNA molto meno abbondante del rRNA non si possono utilizzare le tecniche FISH classiche

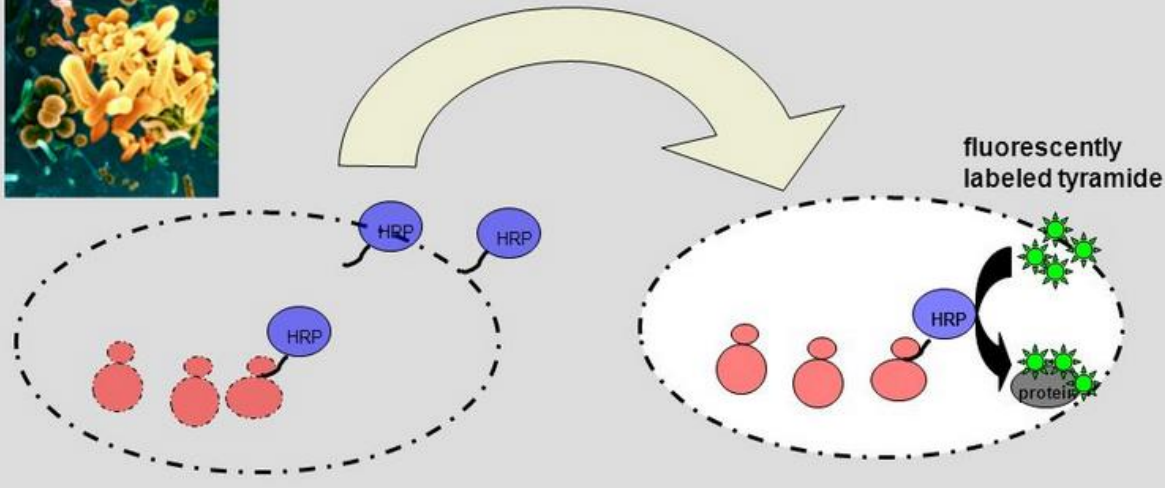
Il segnale fluorescente deve essere amplificato :

1. si coniuga la sonda di acido nucleico con una molecola di enzima **perossidasi** (Horseradish (rafano) Peroxidase HRP) invece che al fluorocromo.

Dopo l'ibridazione il preparato viene trattato con **TIRAMIDE** (composto altamente fluorescente)

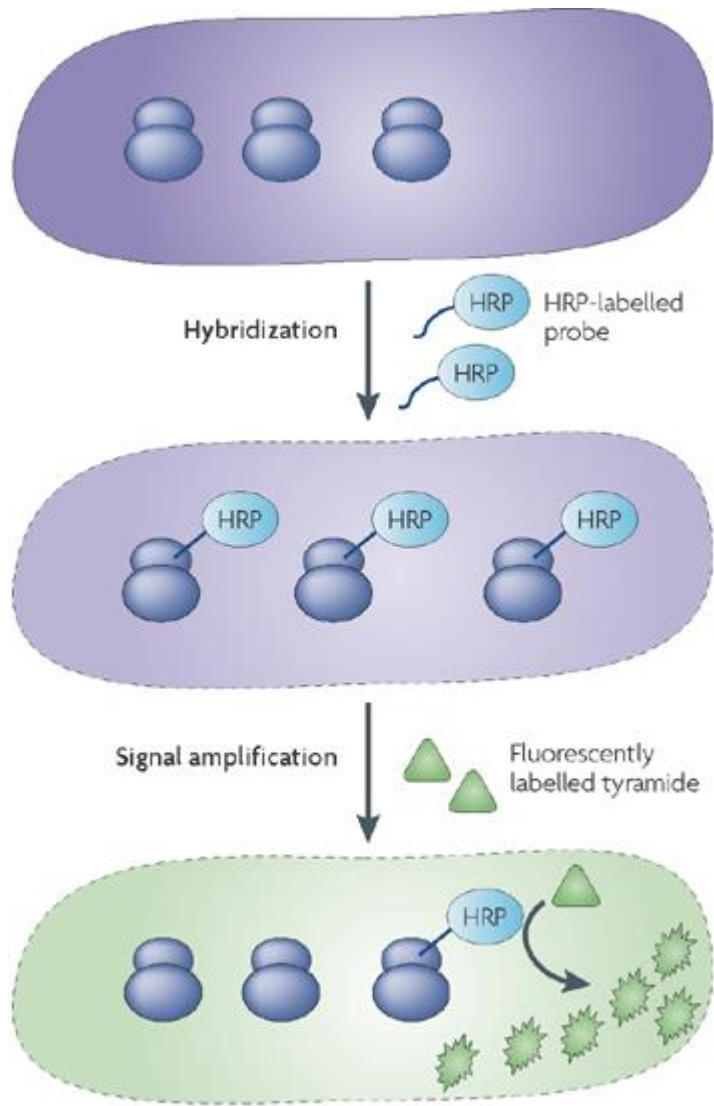
BASICS

Horseradish-peroxidase-labeled FISH probes and catalyzed reporter deposition (CARD) (tyramide signal amplification, TSA)



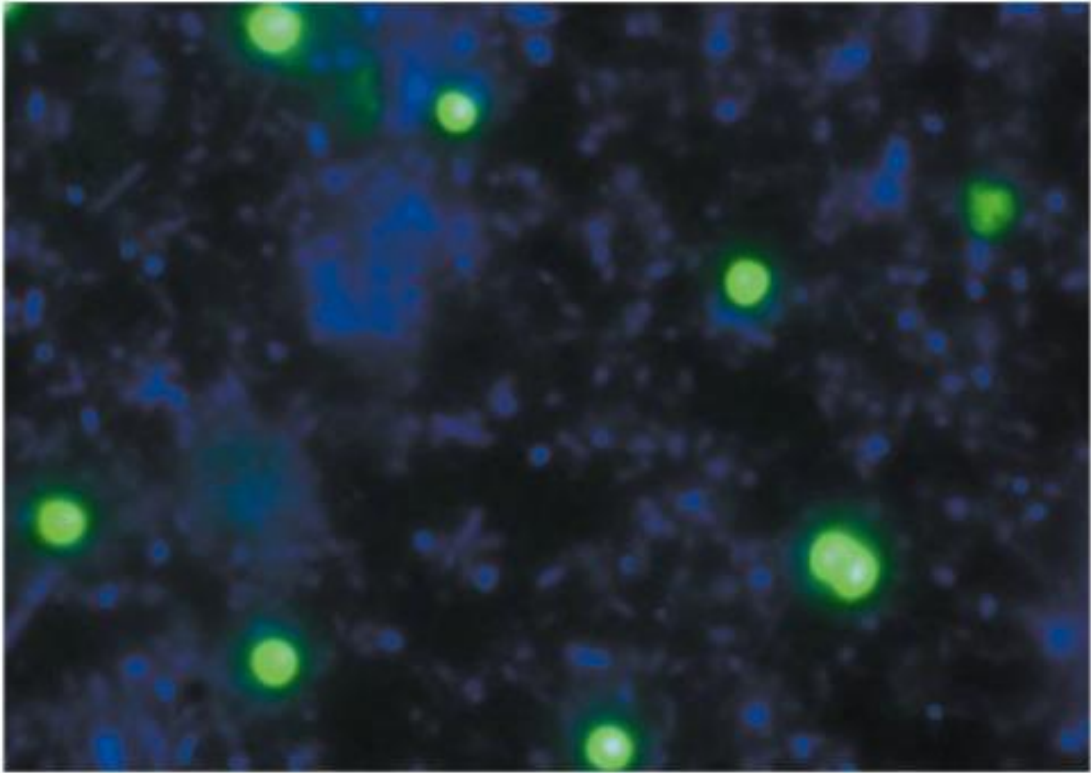
L'attività della **Peroxidase** converte la tiramide in un intermedio molto reattivo che si lega alle proteine adiacenti amplificando il segnale tanto da poter essere visibile al microscopio a fluorescenza.

La HRP è in grado di attivare parecchie molecole di tiramide così è possibile visualizzare anche mRNA espressi a basso numero di copie



Oltre che per rivelare la presenza di un determinato mRNA, la CARD FISH è anche utile per studi filogenetici con procarioti che crescono molto lentamente (acque oceaniche a basse T°C o in limitate condizioni di nutrienti).

Dal momento che in queste cellule si ha un numero di ribosomi molto inferiore rispetto alle cellule che crescono più velocemente, la FISH allestita con tecniche standard può dare segnali molto deboli.



Michael Wagner e Marc Musman

Figura 18.12 Procedura CARD-FISH per l'identificazione di *Archaea*. In confronto alle cellule colorate con DAPI (blu), le cellule di *Archaea* mostrano un'intensa fluorescenza verde.

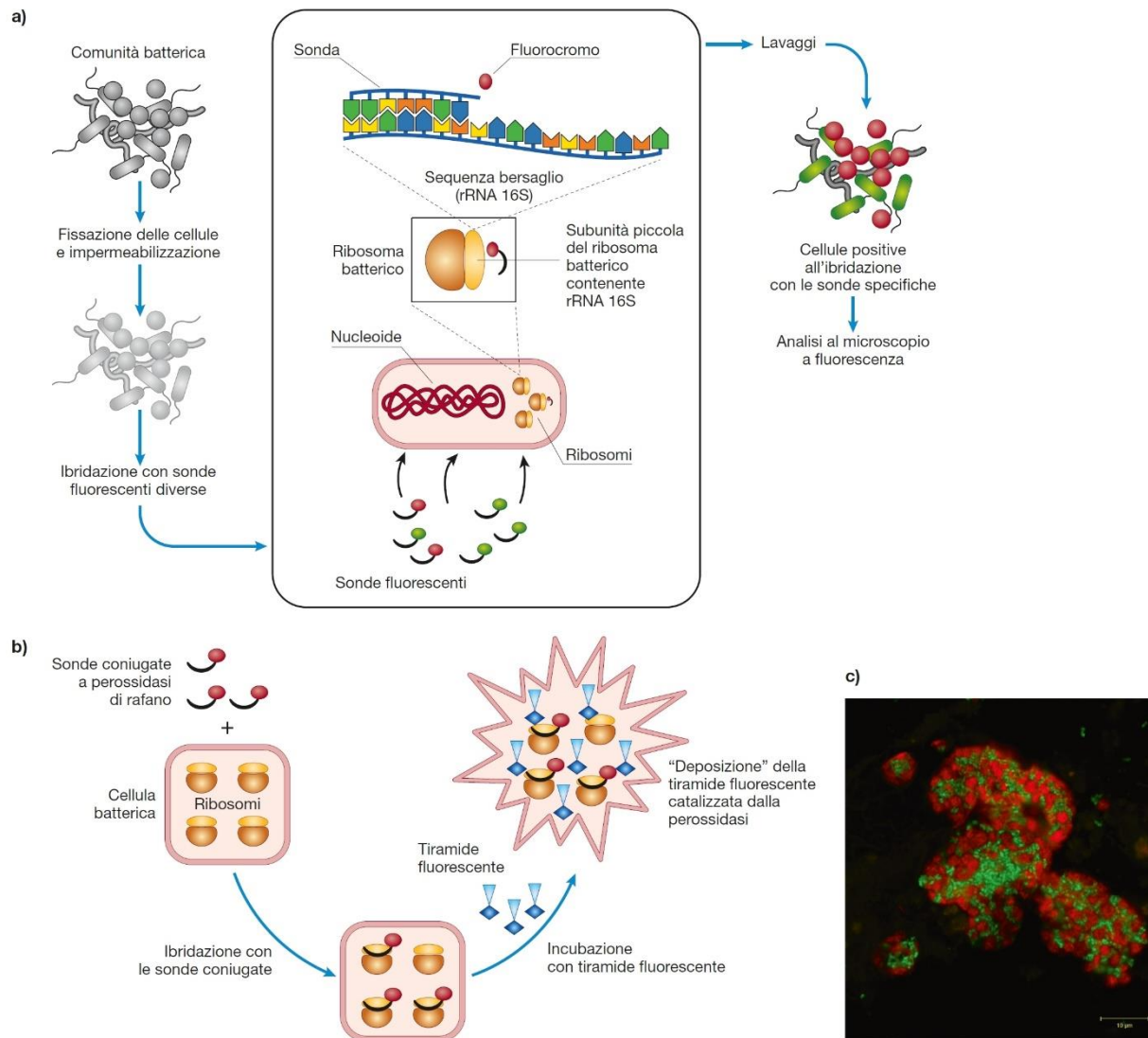


Figura 16.21 IDENTIFICAZIONE DI MICRORGANISMI AMBIENTALI MEDIANTE FISH E CARD-FISH. Nella tecnica FISH **(a)** viene utilizzata una miscela di oligonucleotidi complementari a "sequenze firma" di gruppi tassonomici diversi coniugati a fluorofori con fluorescenza diversa (sonde fluorescenti) che si legheranno all'rRNA 16S corrispondente. Nella tecnica CARD-FISH **(b)** le sonde sono coniugate alla perossidasi di rafano; dopo l'ibridazione con una singola sonda si aggiunge una tiramide fluorescente e la perossidasi catalizzerà il legame covalente *in situ* di un gran numero di queste molecole ("deposizione"). Per

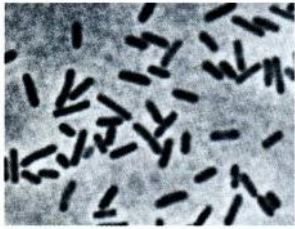
identificare più gruppi tassonomici nello stesso preparato, è possibile inattivare la perossidasi e ripetere la procedura con una sonda diversa e una tiramide legata a un diverso fluoroforo. **(c)** Immagine al microscopio a fluorescenza di *Archaea* responsabili di ossidazione anaerobia del metano (*in rosso*) in associazione con batteri solfato riduttori (*in verde*) decorati mediante CARD-FISH. Le sonde specifiche sono legate a fluorocromi diversi; le immagini ottenute usando luce UV delle diverse lunghezze d'onda necessarie per l'eccitazione dei fluorocromi specifici sono state poi sovrapposte per formare un'unica immagine.

Metodiche filogenetiche basata su RNA 16 S

Il sequenziamento dei geni codificanti la subunità minore dell'RNA ribosomiale è utilizzato per diverse applicazioni:

- Produzione di sonde a RNA utili nel campo della microbiologia ambientale e medicina diagnostica

- DNA fingerprint o ribotipizzazione



Norbert Pfennig

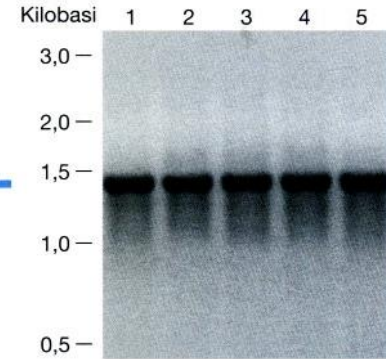


Gene RNA 16S

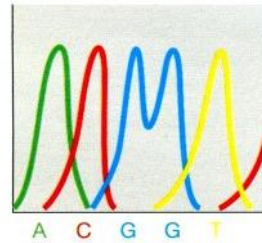
DNA isolato



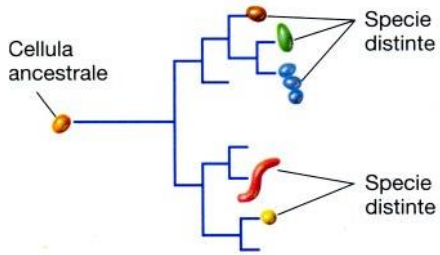
Amplificazione del gene 16S per PCR



Corsa su gel di agarosio; controllo delle dimensioni



Sequenziamento



Allineamento delle sequenze; costruzione dell'albero filogenetico

RIBOTYPING

Tecnica che a differenza de sequenziamento prevede l'analisi del pattern di restrizione dei geni per gli rRNA ribosomiali.

Le differenze nelle sequenze degli RNA ribosomiali si traducono nella presenza o assenza di specifici siti di taglio degli enzimi di restrizione

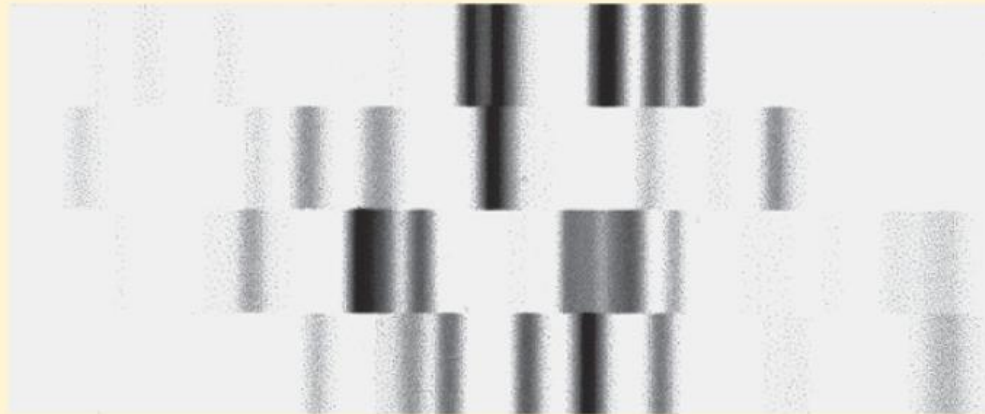
Ribotyping di 4 diversi batteri lattici

*Lactococcus
lactis*

*Lactobacillus
acidophilus*

*Lactobacillus
brevis*

*Lactobacillus
kefir*



Carl A. Batt

- Il pattern di restrizione delle regioni di DNA contenenti i geni per rRNA 16 S, viene rivelato in seguito ad ibridazione con una sonda specifica per gli rRNA 16 S marcata, ed è esclusivo di una specie o può addirittura riconoscere alcuni ceppi all'interno di una specie.
- Sono importanti sia le variazioni nella posizione che nell'intensità delle bande.

Il modello del ribotyping è molto specifico perché ad ogni microrganismo è associato uno specifico pattern di bande di restrizione definito anche Molecular Fingerprint (impronta digitale molecolare)

Vantaggi

- è un metodo rapido (non richiede sequenziamento)
- è molto specifico
- Ampiamente utilizzato sia in diagnostica clinica che nell'analisi batteriologica delle acque, alimenti etc

Svantaggi

- l'analisi è incentrata su un singolo gene

La tecnica del ribotyping si può applicare ad altri geni che vengono utilizzati come marcatori evolutivi, per esempio il gene *gyrB* che codifica per la girasi.

La tecnica si chiama RLFP

Anche in questo caso si amplifica il gene di interesse e il frammento ottenuto viene sottoposto a digestione enzimatica con enzimi di restrizione che tagliano frequentemente

RFLP Restriction Fragment Length Polymorphisms

Questa tecnica permette di osservare le variazioni tra diversi microrganismi analizzando

- Il numero
- le dimensioni dei frammenti prodotti digerendo il DNA con vari enzimi di restrizione

Tecnica originale:

- analisi del pattern di restrizione totale (frammenti piccoli e grandi)
- analisi del pattern di ibridizzazione del DNA genomico ibridizzato con un frammento specifico di DNA per individuare i polimorfismi in una determinata regione.

Con questa tecnica possono venir amplificati diversi geni

Geni per RNA 16 S (ribotyping)

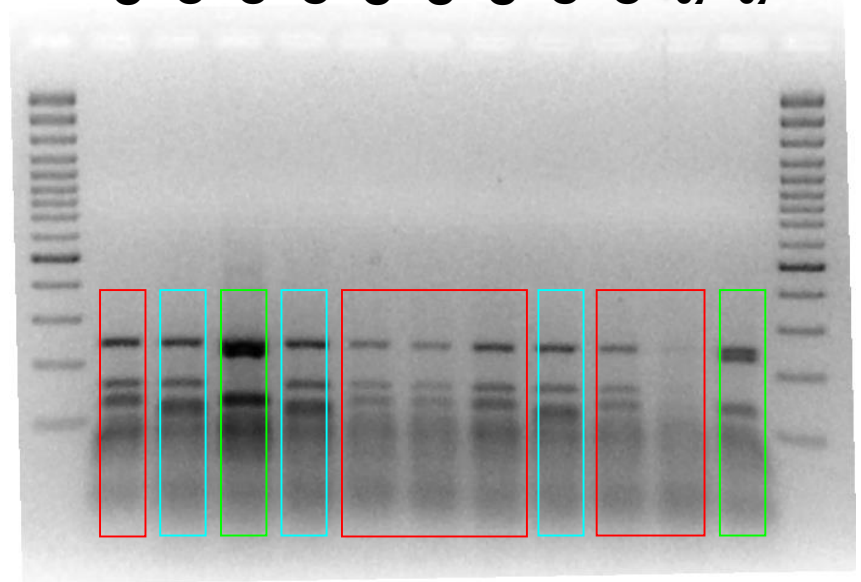
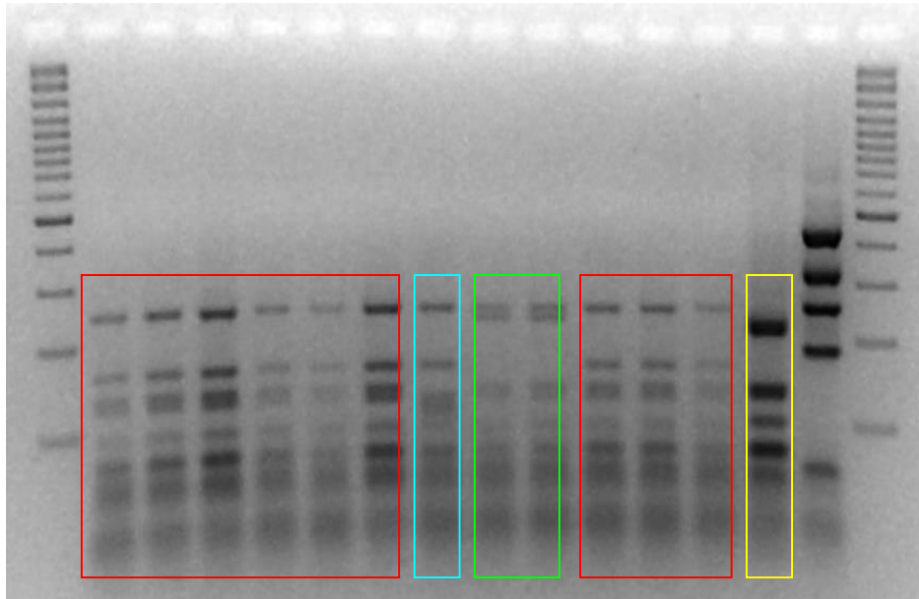
Geni che sono conservati tra le diverse specie (*gyrA/B* , *recA*)

Se viene effettuato per PCR l'amplificazione di un determinato gene poi questo verrà digerito con un enzima di restrizione che digerisce molto frequentemente (in genere quelli che riconoscono 4 bp). Si vengono a generare una serie di frammenti di DNA il cui numero dipende dai siti di restrizione presenti nella regione amplificata.

gyrB RFLP (HaeIII)

OBGTC
 OBGTC 9
 OBGTC
 OBGTC
 OBGTC
 K279
 OBGTC
 OBGTC 24
 OBGTC 26
 OBGTC 28
 OBGTC 29
 OBGTC
 LMG959
 MG1655

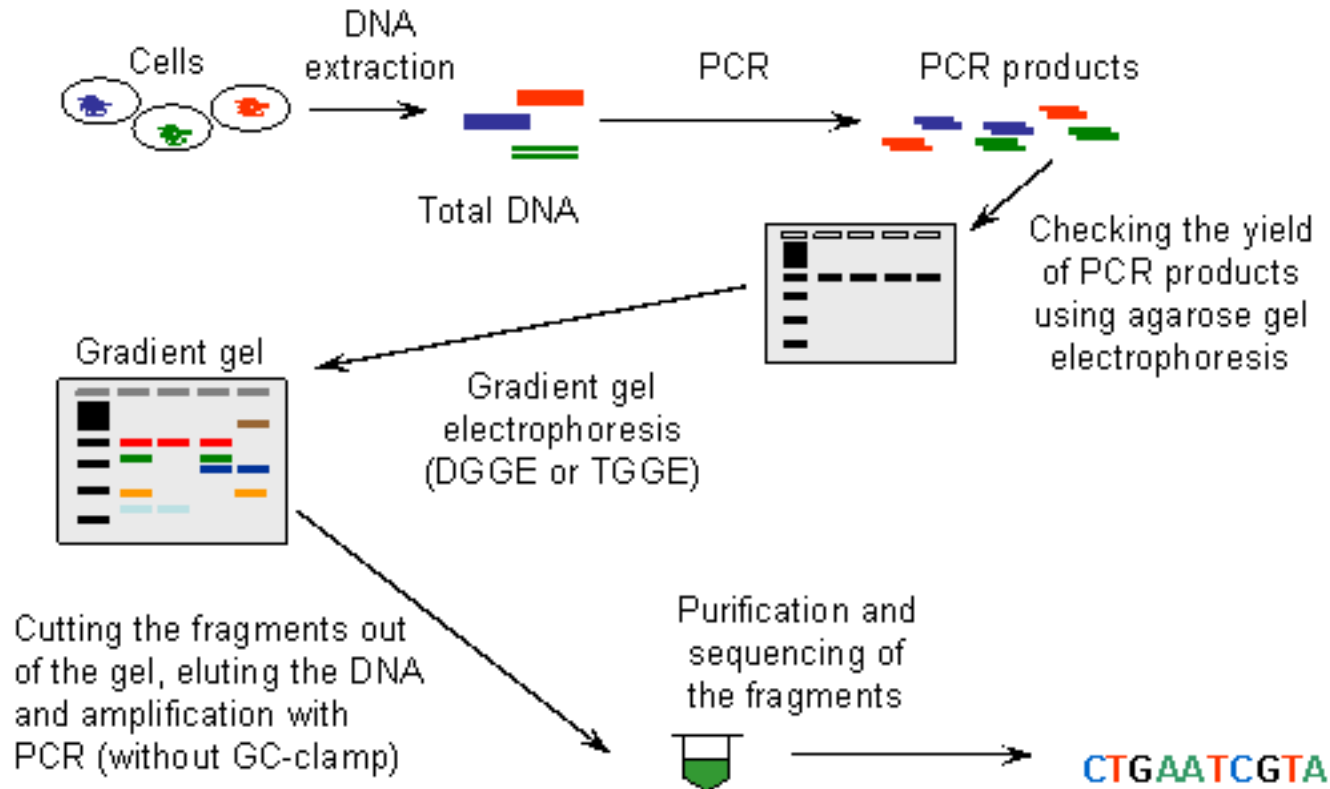
OBGTC
 OBGTC 13
 OBGTC
 OBGTC 30
 OBGTC
 OBGTC
 OBGTC 38
 OBGTC 42
 OBGTC 44
 STM 2
 STM 3



<p>Group A 14 OBG strains,</p>	<p>Group B 4 OBG strains</p>	<p>Group C 4 OBG strains</p>	<p>Group D LMG 959</p>
<p>K279-</p>			

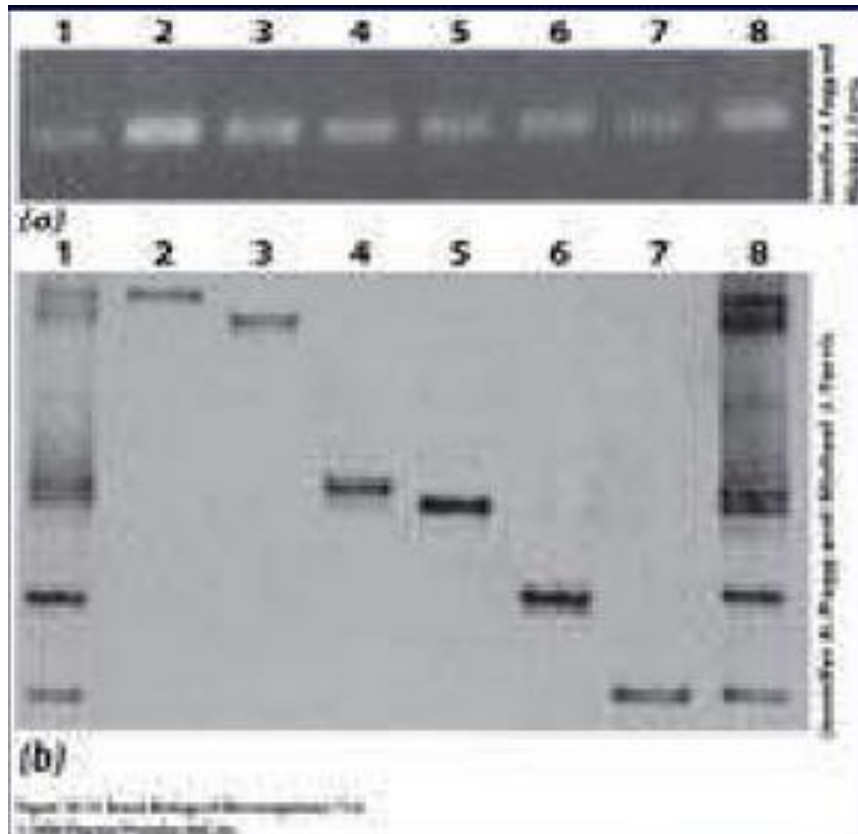
Analisi delle varianti di un gene filotipi : DGGE

DGGE è una tecnica elettroforetica che permette di separare geni delle stesse dimensioni ma che differiscono nei loro profili di denaturazione a causa delle differenze nella sequenza delle basi

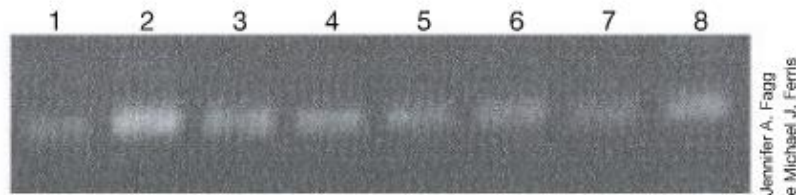


Nella DGGE si utilizza un gel che contiene un gradiente di agenti denaturanti quali urea e formamide in grado di denaturare il DNA. Quando i frammenti raggiungono una concentrazione di agenti denaturanti idonea alla loro denaturazione la migrazione si blocca.

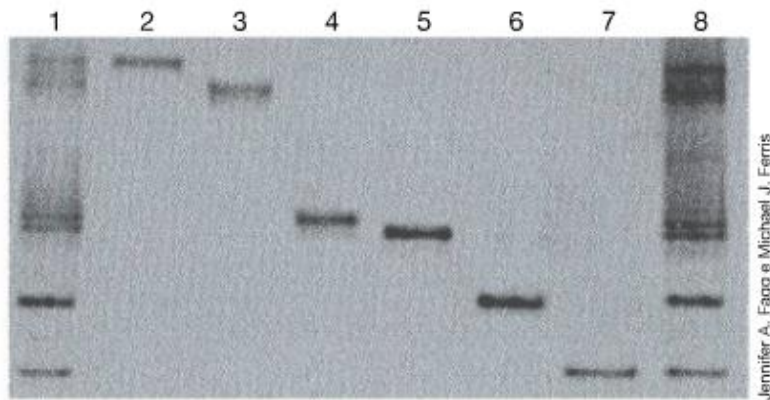
Frammenti che differiscono anche solo per alcune basi hanno una sensibilità diversa agli agenti denaturanti presenti nel gel.



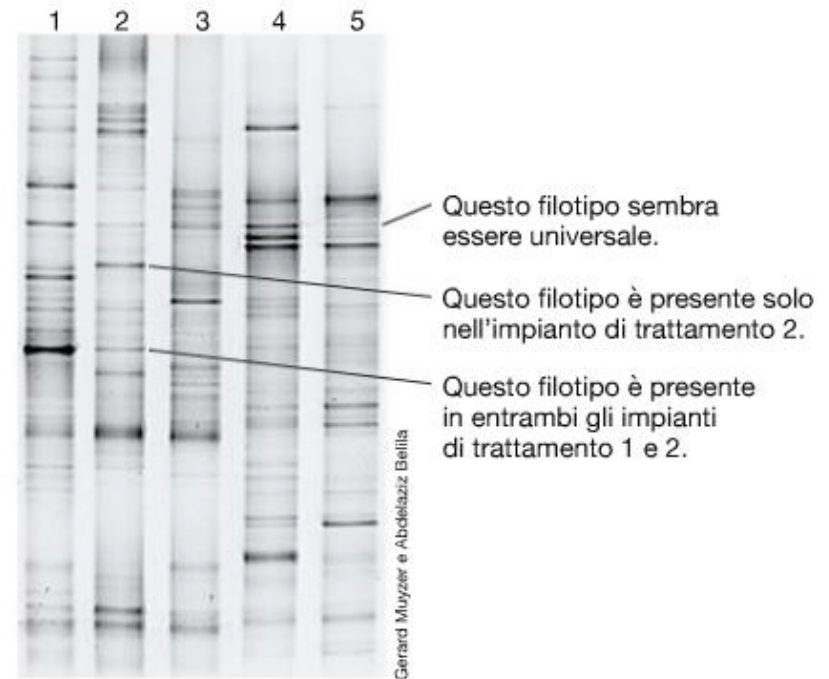
Se si utilizza il gene per RNA 16 S si può avere una stima immediata del numero di filotipi (ovvero numero di diversi geni per 16S) stabilendo per esempio in un determinato campione quante specie ci siano. Se si utilizzano geni diversi da quelli per rRNA 16S per esempio un gene coinvolto nel metabolismo o nella sintesi di un fattore di virulenza si ha subito la stima di quale sia quel fattore , a chi sia correlato o di quale variabilità metabolica sia presente



(a) Amplificazione mediante PCR



(b) DGGE



(c) DGGE relativa a impianti di trattamento delle acque reflue

Figura 18.14 Gel di elettroforesi ottenuti mediante PCR e DGGE. Il DNA totale di una comunità microbica viene isolato e amplificato mediante PCR, utilizzando primer per i geni dell'rRNA 16S dei *Bacteria* (a; corsie 1 e 8). I prodotti di PCR appaiono come bande disposte alla medesima altezza sul gel elettroforetico. Sei di queste bande (b; corsie 2-7), che verranno

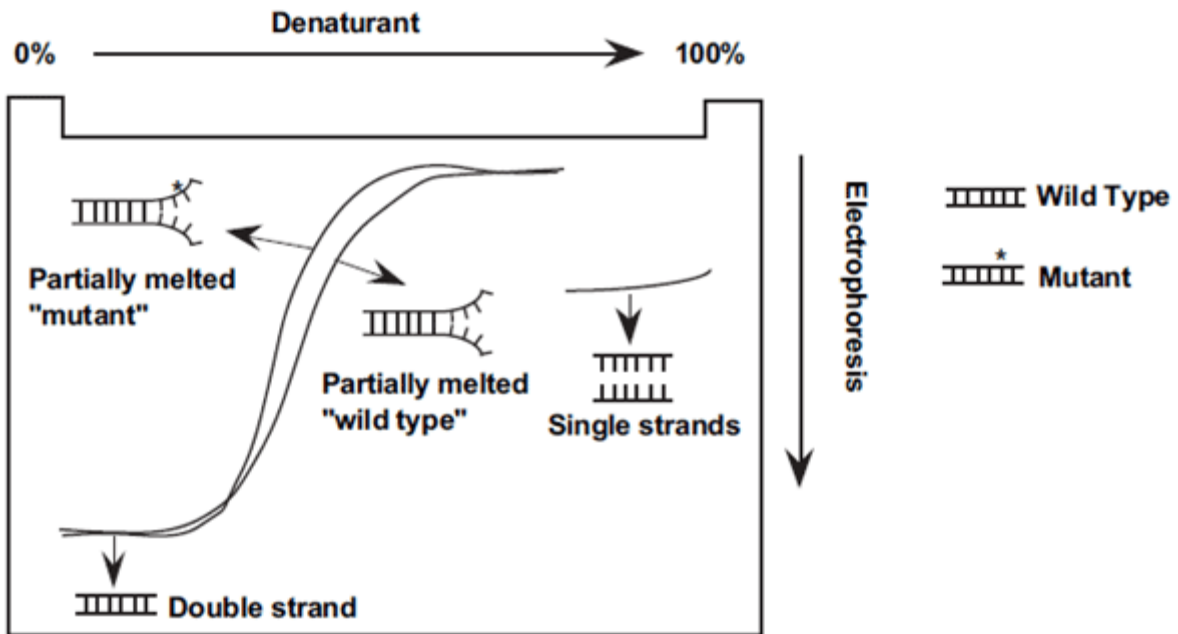
successivamente risolte tramite DGGE, sono poi tagliate e di nuovo amplificate, ciascuna risultando in una singola banda nella medesima posizione precedentemente assunta sul gel di PCR (a; corsie 2-7). Nell'analisi elettroforetica eseguita dopo la PCR (a), tutte le bande si posizionano alla stessa altezza perché presentano la stessa dimensione, mentre in gel

con gradiente denaturante (b) si posizionano in punti diversi in ragione della reciproca diversità di sequenza in ragione della reciproca diversità di sequenza. (c) Profili DGGE di comunità microbiche in campioni provenienti da differenti impianti di trattamento delle acque reflue, amplificate mediante primer per i geni dell'rRNA 16S dei *Bacteria*.

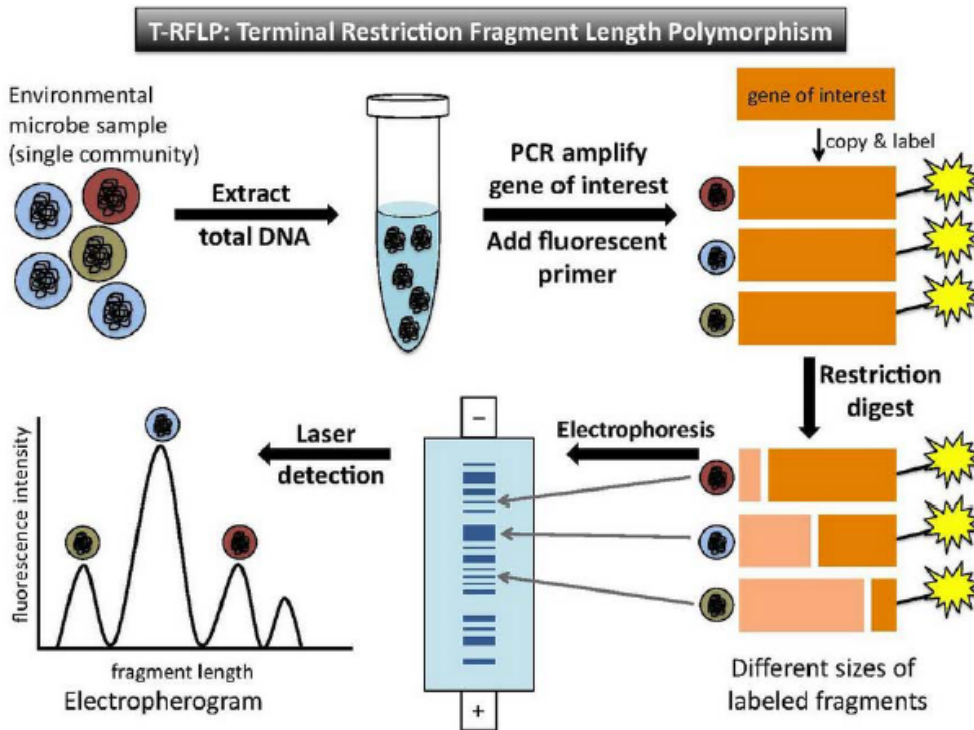
Sia DGGE che RFLT stimano la diversità di un singolo gene bersaglio ma in modi diversi

Lo schema delle bande che si ottiene con il DGGE riflette il numero delle varianti di sequenza di un gene sfruttando frammenti della stessa lunghezza, mentre con RFLT si hanno frammenti diversi che migrano su un gel normale (non denaturante) ottenuti dopo digestione.

In entrambi i casi si ottengono delle stime abbastanza precise sulla diversità all'interno di una popolazione di un determinato gene.



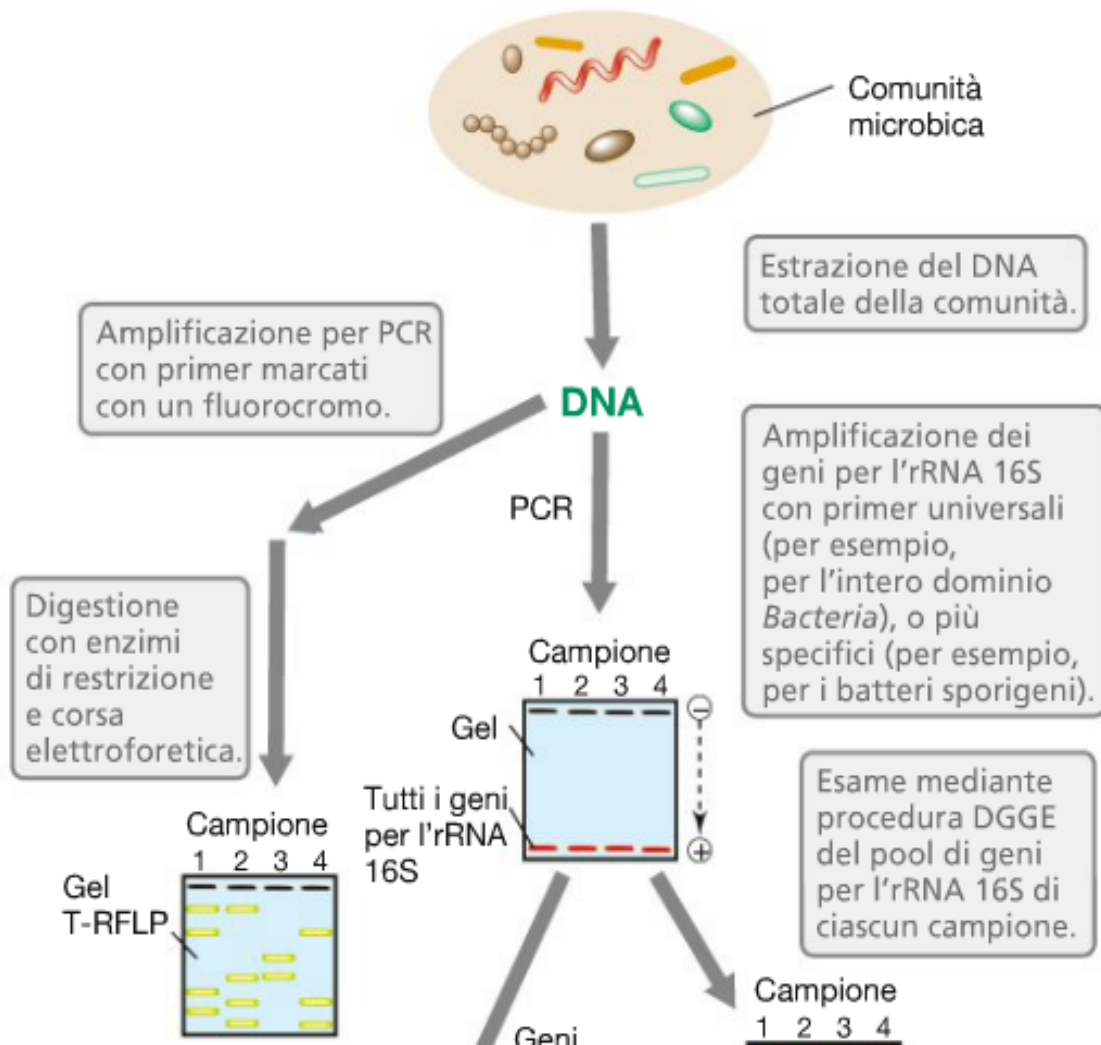
T-RFLP è' una variante dell'RFLP (o del ribotyping) ed è molto usata per una rapida analisi delle comunità microbiche



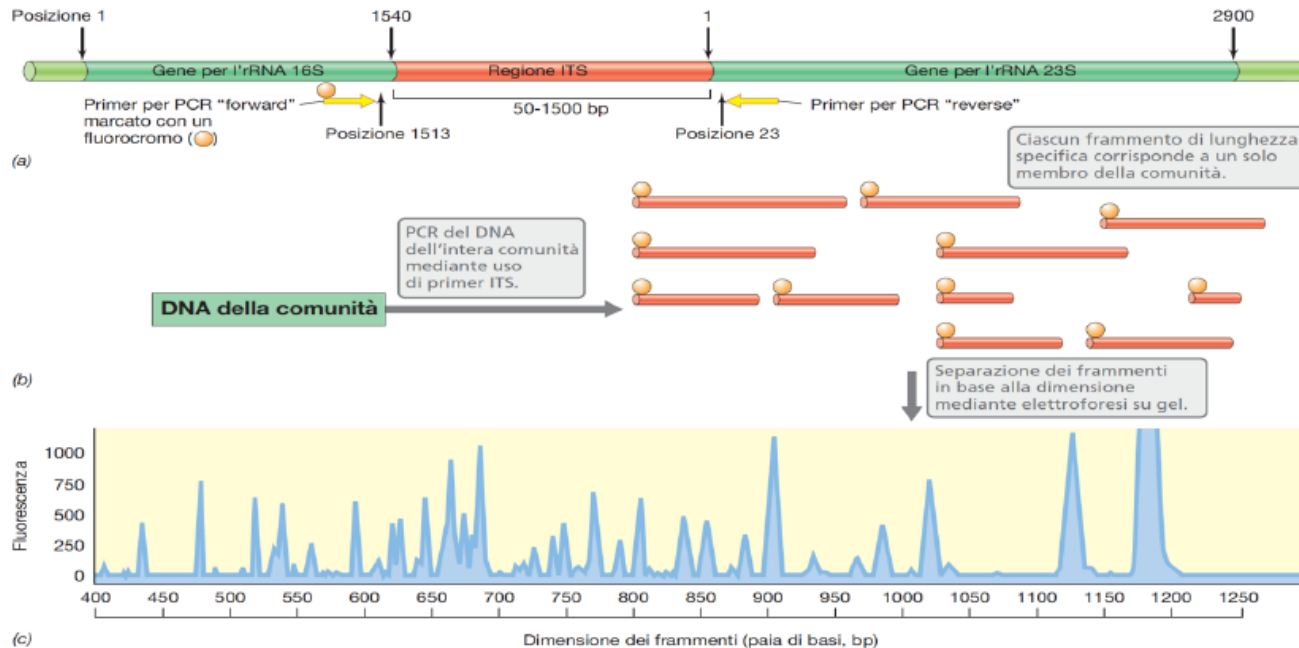
Si può amplificare per PCR un gene caratterizzante o quello rRNA 16S e poi digerirlo con un enzima di restrizione che tagli frequentemente. La novità consiste nel marcare con un fluorocromo uno dei due primer utilizzati per la PCR in modo che i frammenti terminali contenenti il fluorocromo possano essere riconosciuti per fluorescenza.

Il numero dei picchi o bande ottenuti riflette il numero di varianti presenti in quella comunità.

Come nella DGGE si stima la diversità di un gene bersaglio all'interno di una comunità: in un caso si analizzano le basi diverse osservando la diversa migrazione in gel denaturante, nell'altro si sfrutta le differenze di tagli prodotti dagli enzimi di restrizione.



ARISA Automated Ribosomal Intergenic Spacer Analysis : analisi utilizzata nello studio delle dinamiche delle comunità microbiche (abbondanza relativa di diverse specie) in funzione del tempo, spazio



In questo caso si cambia bersaglio: invece del gene per RNA 16 S si analizza la regione intergenica (ITS) presente tra il gene per RNA 16S e quello per RNA 23S. Si amplifica per PCR la regione ITS con oligo interni ai geni per 16S e 23S uno dei quali con fluorocromo. Non occorre digerire la regione ma si possono analizzare automaticamente con sequenziatore le lunghezze dei frammenti ottenuti che sono specie specifiche.

Presenza di numerosi picchi da idea della complessità della comunità e/o delle sue variazioni. I frammenti possono essere poi sequenziati



Metodi di DNA profiling

Esistono vari metodi per generare pattern di frammenti genomici da confrontare per stabilire somiglianze genomiche tra ceppi tra i quali

1. **AFLP: Amplified Fragment Length Polymorphism:** tecnica che prevede la digestione del genoma con uno o due enzimi e la successiva amplificazione dei frammenti grazie a primers con adattatori che riconoscono le basi terminali dei siti di taglio degli enzimi
2. Rep-PCR amplificazione di sequenze ripetute
3. Pulse Field electrophoresis

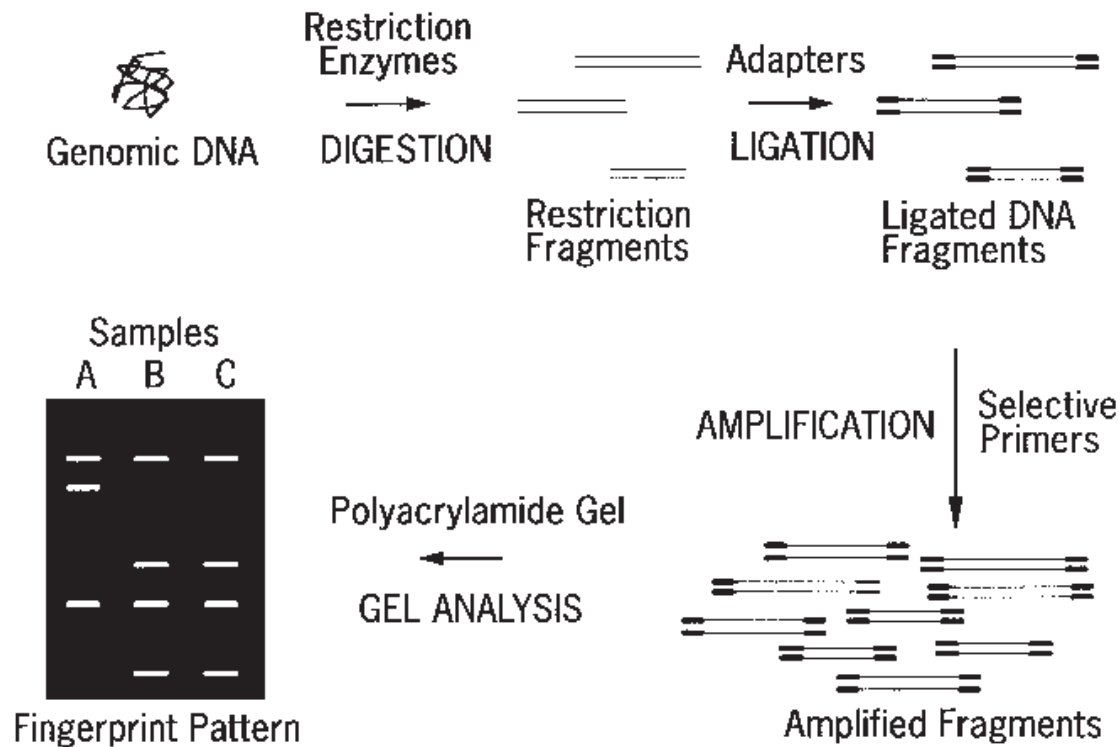
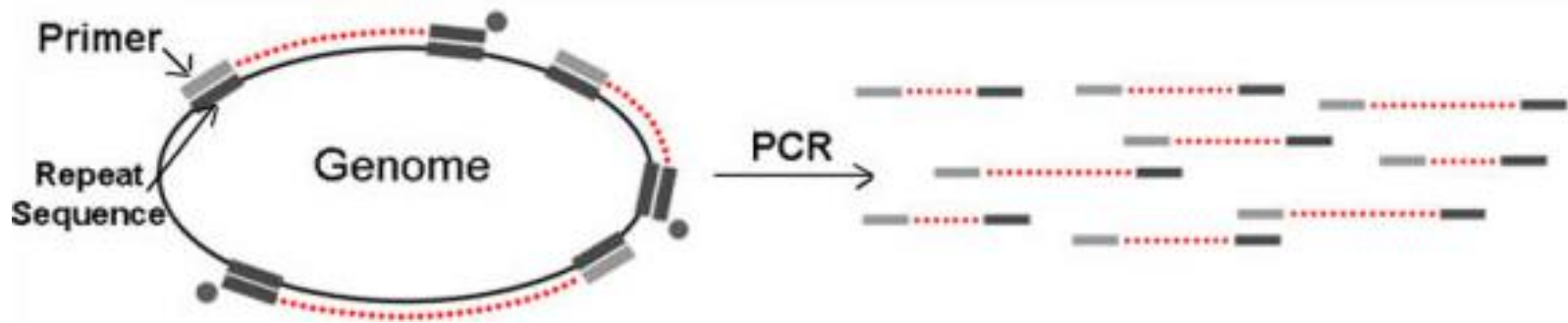


Figure 1 A schematic displaying the four basic steps of AFLP: digestion, ligation, amplification and gel analysis.

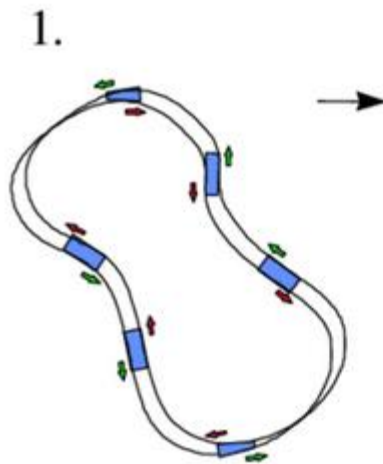
Figure 1 A schematic displaying the four basic steps of AFLP: digestion, ligation, amplification and gel analysis. Genomic DNA is digested by restriction enzymes and adapters are ligated to the restriction fragments. A subset of the ligated fragments are amplified by PCR, using primers with selective nucleotides at the 3'-end. Polymorphism is revealed by running the amplified products of various samples on a denaturing polyacrylamide gel. [Less](#)

Metodi di DNA profiling .

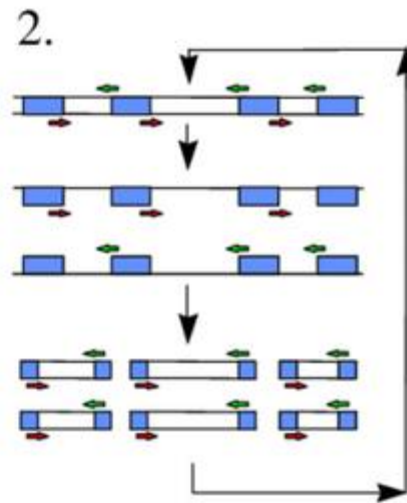
Rep-PCR Amplificazione di sequenze ripetute (rep-PCR repetitive extragenic palindromic PCR)



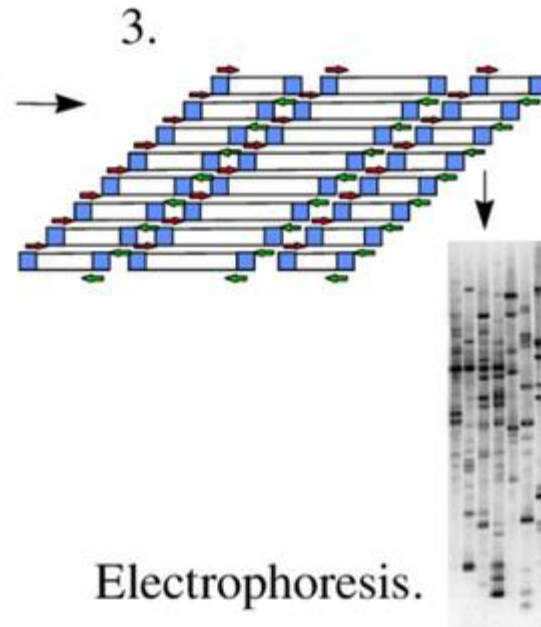
Si basa sulla presenza di regioni di DNA ripetitivo altamente conservato e interdisperse in modo casuale nel genoma di un batterio .Il numero e la posizione di queste regioni varia all'interno di ceppi che mostrano differenze a livello genomico. I primers si ritrovano all'interno delle regioni e si vengono a generare quindi una serie di frammenti che avranno per ogni ceppo lunghezza e un numero definito



Conserved repetitive elements dispersed through most bacterial genomes.



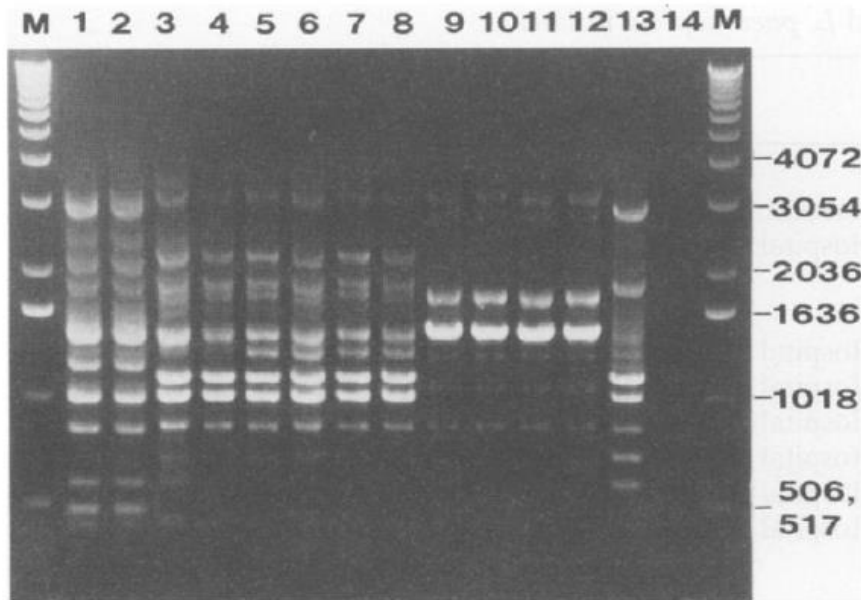
Amplification of distinct genomic regions employing primers designed to anneal to natural occurring repetitive BOX, ERIC and REP elements.



Electrophoresis.

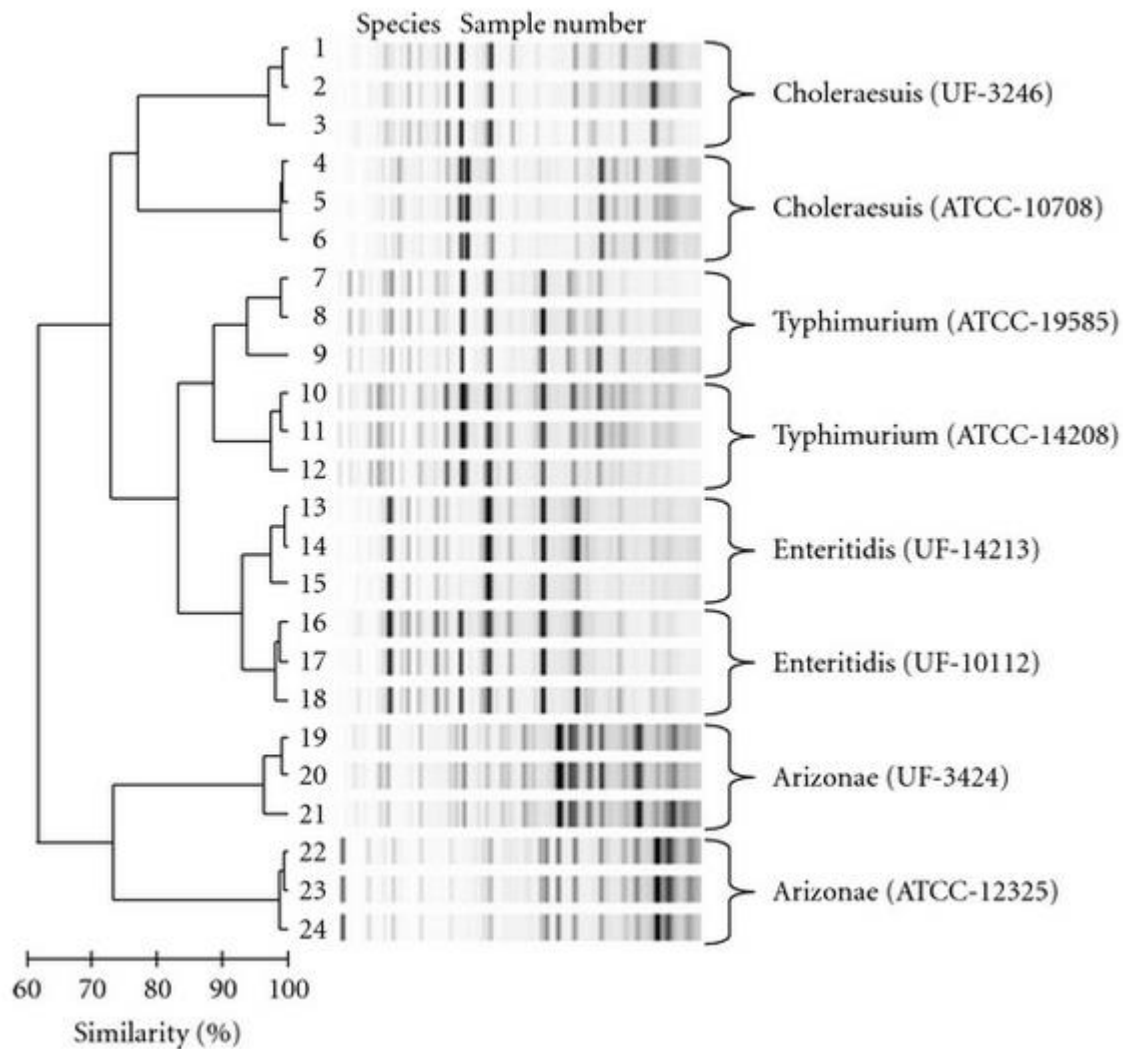
DNA fingerprint mediante rep-PCR.

rep: ripetitive extragenic palindromic



DNA genomici di ceppi diversi sono stati amplificati per PCR mediante primer specifici basati su sequenze ripetute «rep».

I prodotti ottenuti per PCR vengono poi separati su gel d'agarosio e permettono di individuare ceppi simili/diversi p.e. (1,2)(3,4)(5-8)(9-12)13.



Analisi di diversi ceppi di Salmonella di collezione per capirne le differenze

Tabella 16.1 METODI PER FILOGENESI MOLECOLARE^a.

Tecniche	Livello tassonomico			
	Famiglia	Genere	Specie	Ceppo
Polimorfismo di frammenti di restrizione				■
Ribotipizzazione (sequenza dell'RNA ribosomale)	■	■	■	
AFLP, AP-PCR, REP-PCR, ERIC-PCR, RAPD, ARDRA-IGS				■
ARDRA-16S			■	
Tipizzazione fagica				■
Tecniche sierologiche				■
Zimogramma (isoenzimi)				■
Profilo proteico				■
Ibridizzazione DNA/DNA			■	■
% G+C			■	■
Analisi degli acidi grassi		■	■	■
Struttura della parete cellulare	■	■	■	
Analisi fenotipica (API, BIOLOG)		■	■	■
Sequenziamento del DNA genomico	■	■	■	■

^a La tabella mostra alcuni dei metodi molecolari più usati per i microrganismi e il livello tassonomico per il quale consentono la caratterizzazione.

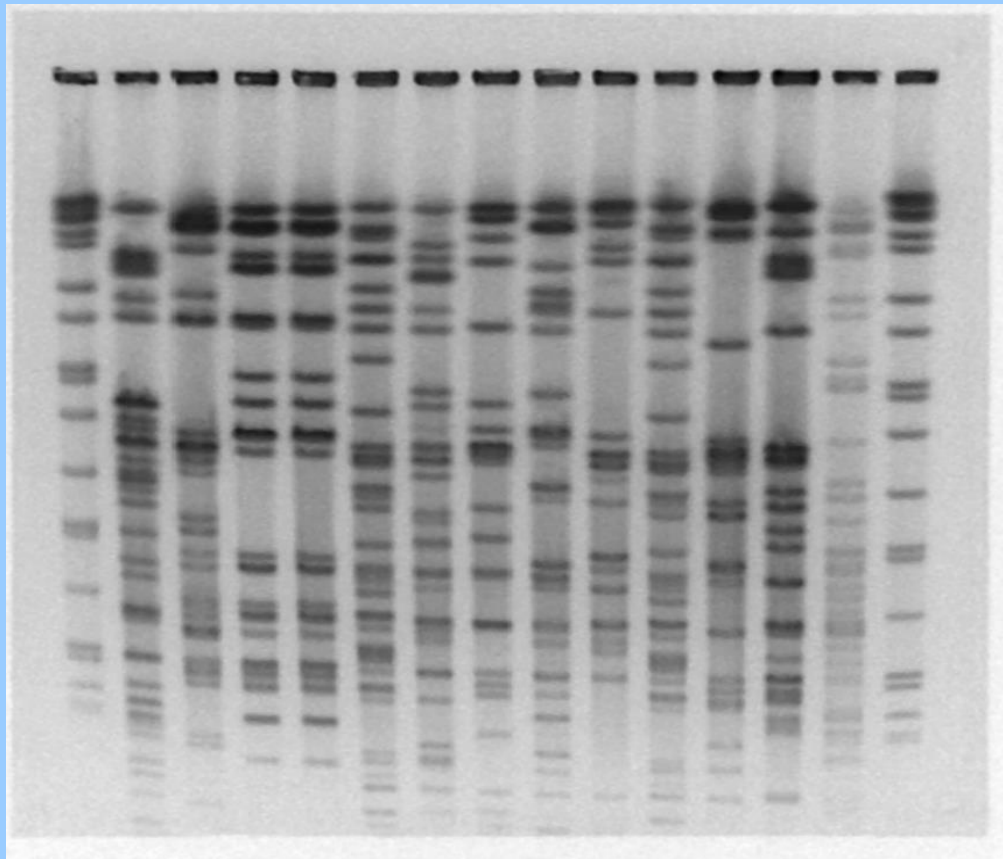
PULSE FIELD GEL ELECTROPHORESIS

Il metodo consiste in una elettroforesi su gel di agarosio nella quale due campi elettrici con differenti angolazioni vengono applicati alternativamente per periodi di tempo definiti (ad esempio 60s). L'azione del primo campo elettrico induce il movimento dei frammenti di DNA lungo la direzione del campo. L'interruzione di questo campo e l'applicazione del secondo fa sì che le molecole si muovano nella nuova direzione.

Dal momento che per una molecola a catena lunga lineare esiste una relazione tra il cambiamento conformazionale indotto da un campo elettrico e la lunghezza della molecola stessa, le molecole più piccole si riallineeranno più velocemente nel nuovo campo elettrico di quelle più grandi.

In questo modo si separano non solo le molecole più piccole da quelle più grandi ma, grazie ai differenti tempi di re-orientamento propri di frammenti più grandi, anche molecole di grandi dimensioni tra di loro.

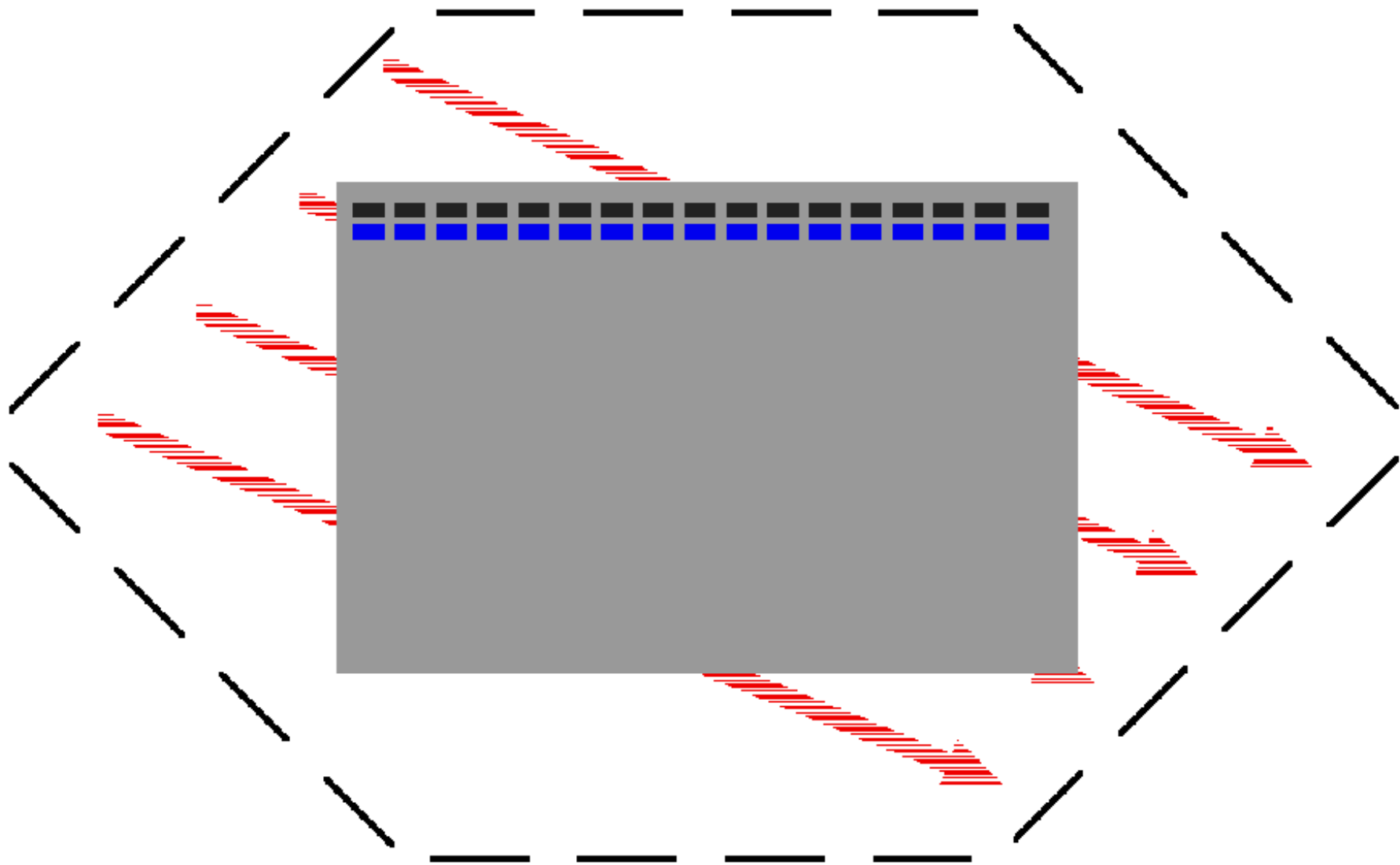
S. braenderup
OBGTC 3
OBGTC 5
OBGTC 9
OBGTC 10
OBGTC 13
OBGTC 16
OBGTC 19
OBGTC 20
OBGTC 22
OBGTC 23
OBGTC 24
OBGTC 26
OBGTC 28
S. braenderup

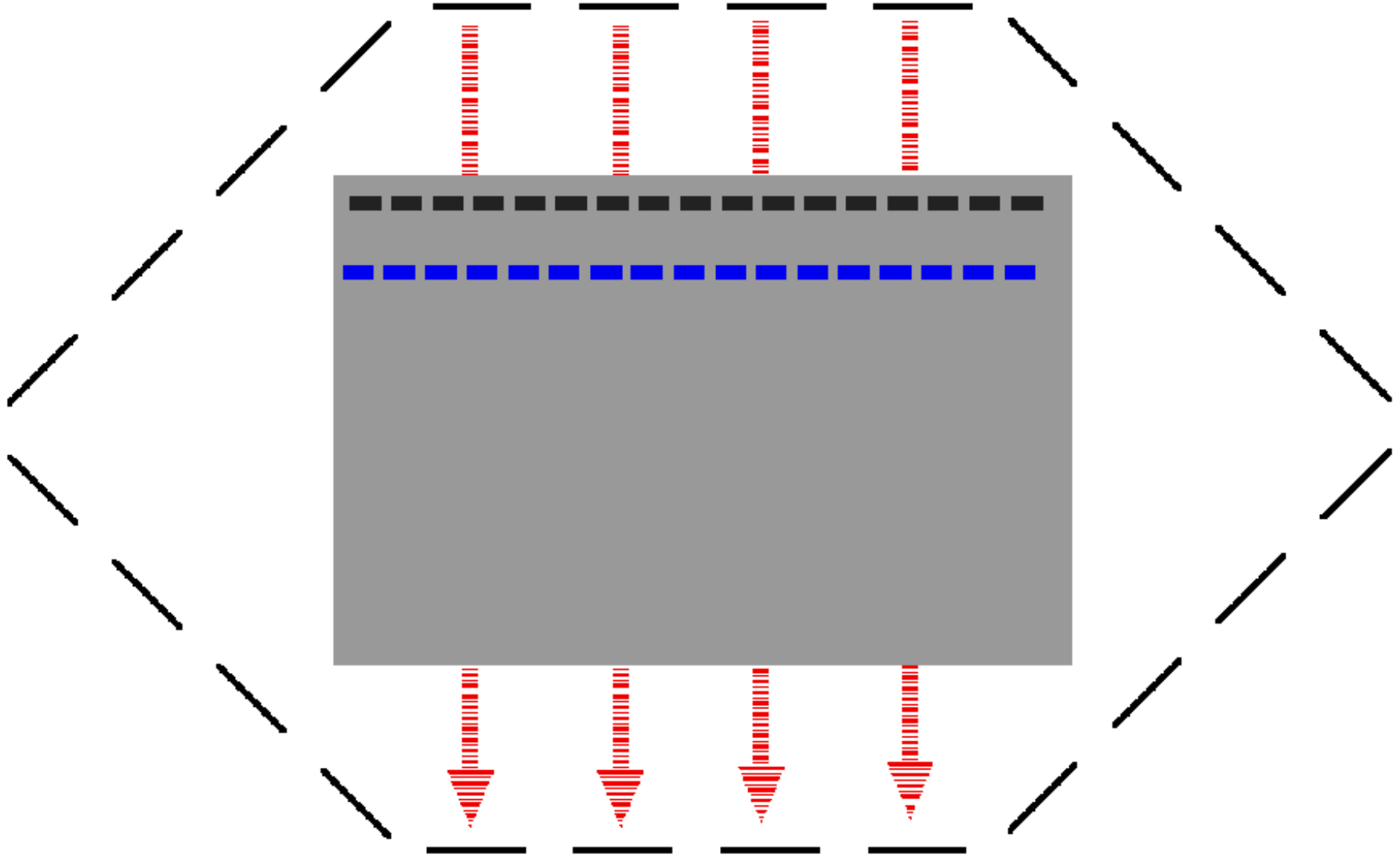


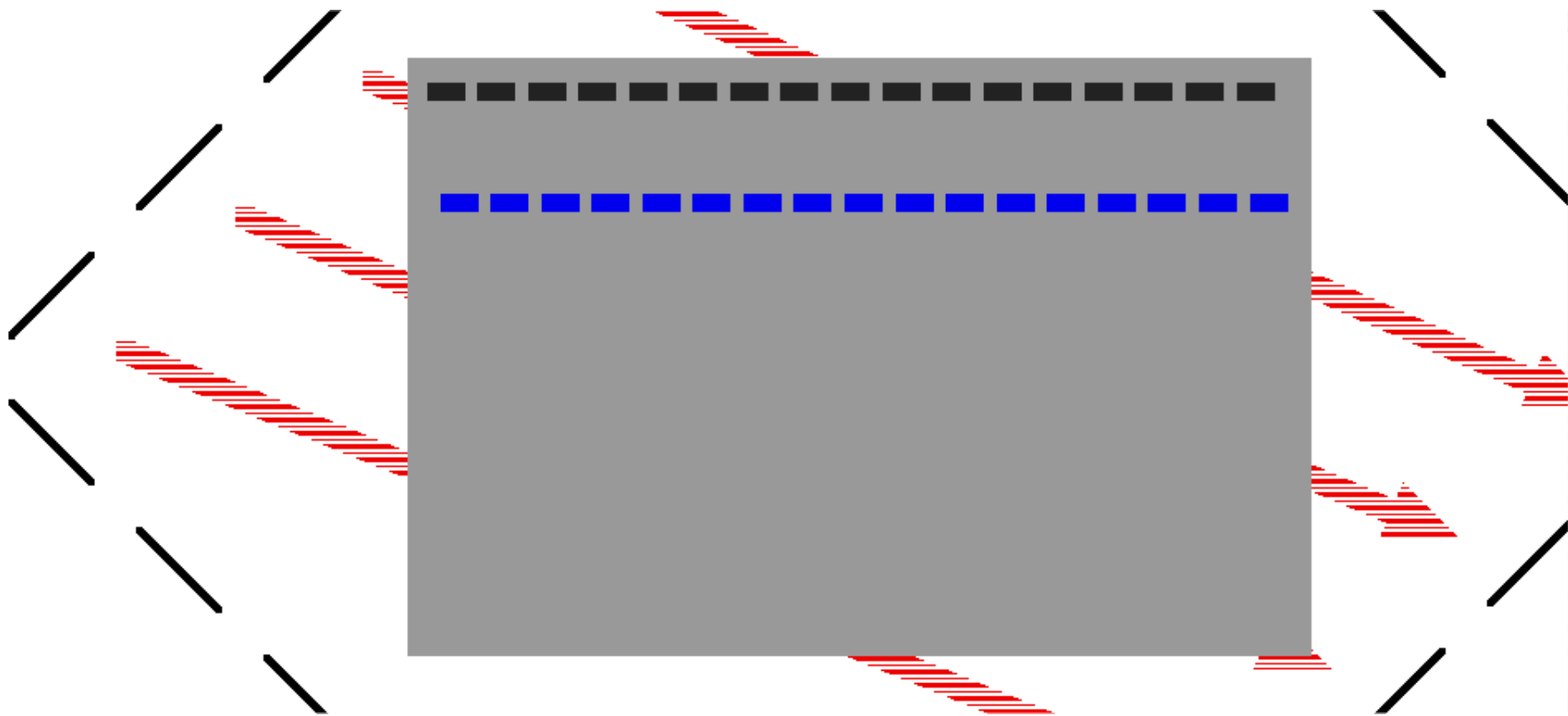
PFGE

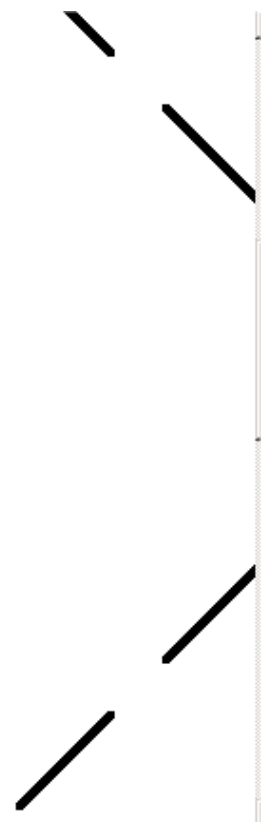
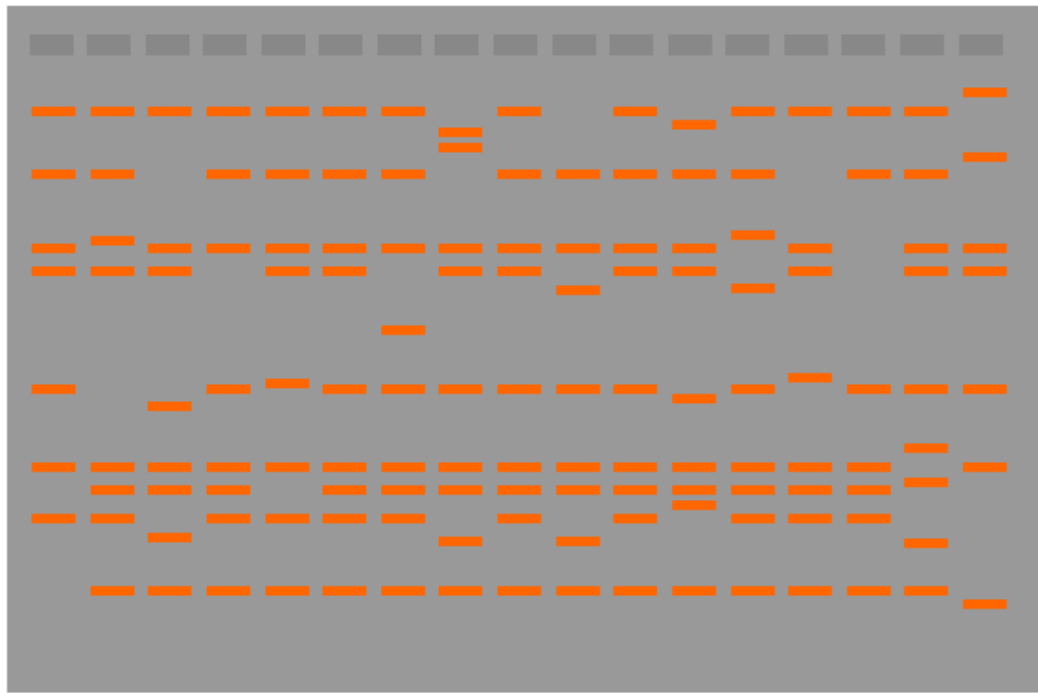
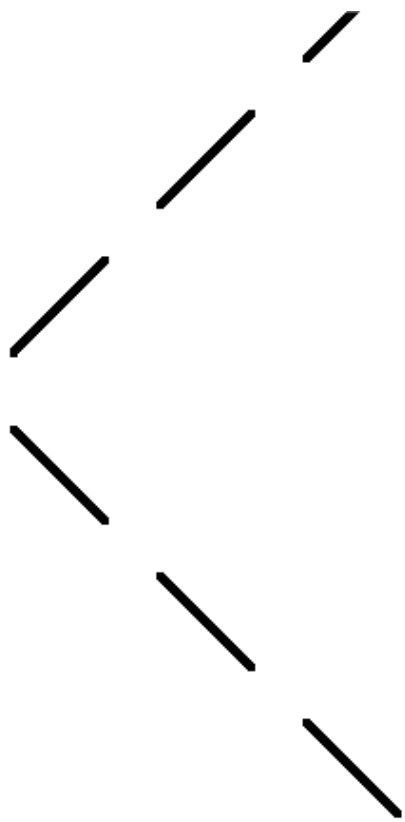
DNA totale dei
ceppi in esame
digerito per XbaI

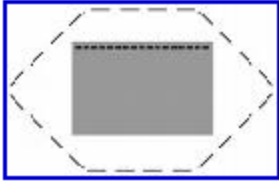
Genomic DNA macrorestriction profiles of *S. maltophilia* produced by PFGE







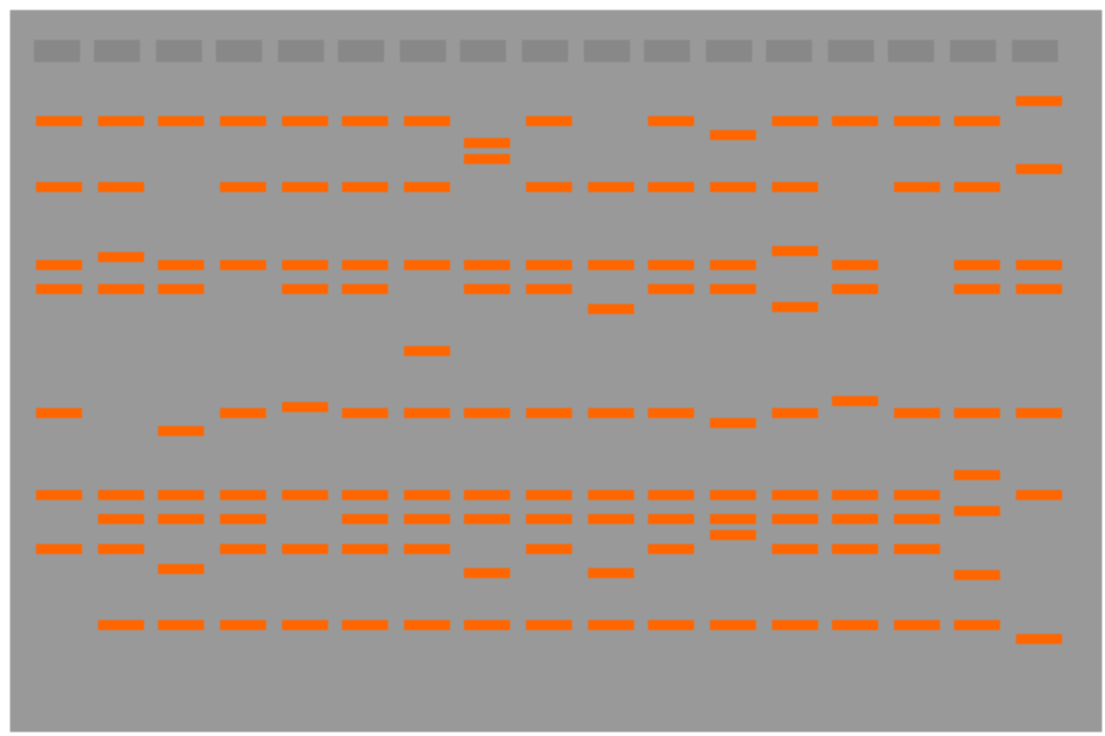




[Guarda l'immagine nelle sue dimensioni reali.](#)
www.bio.davidson.edu/.../PFGE_animated.gif
1041 x 662 - 340k
L'immagine può essere ridotta ed è protetta da copyright.

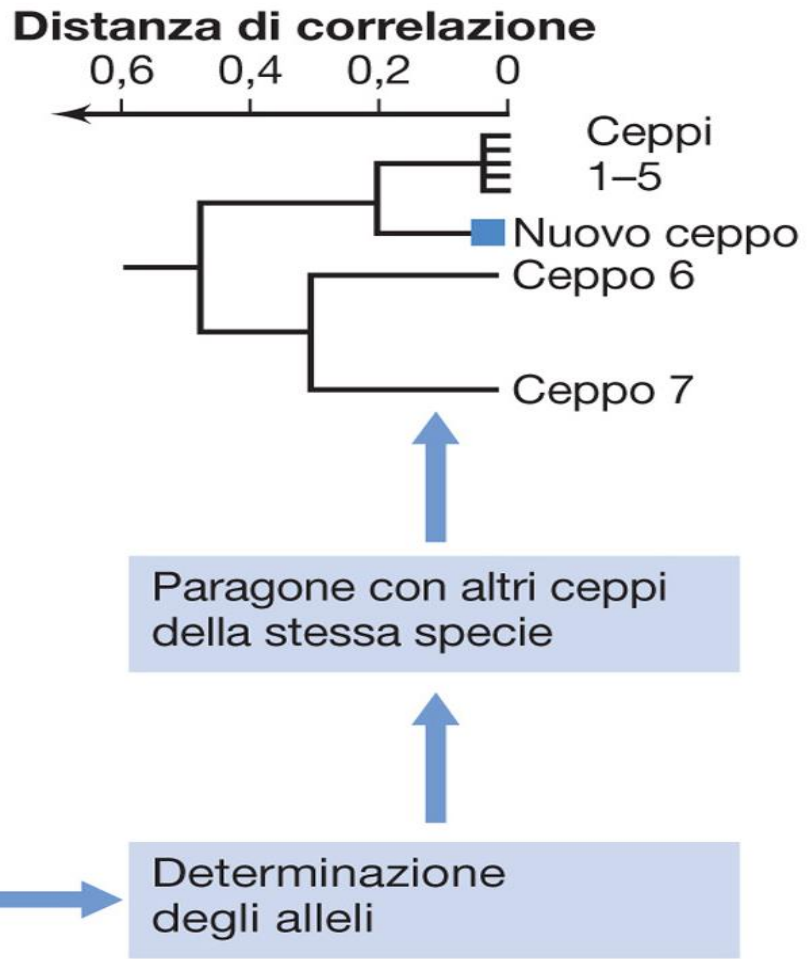
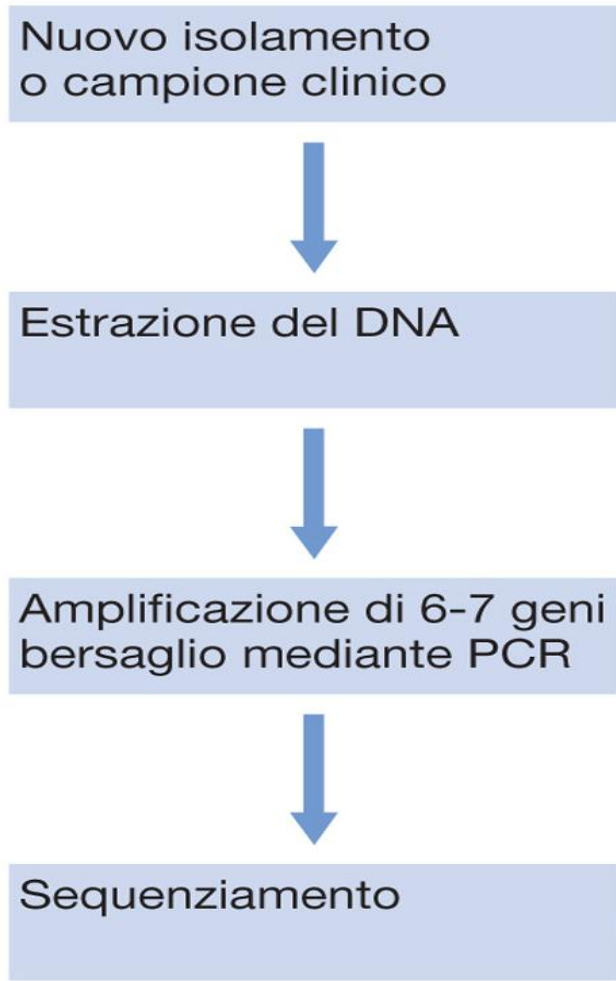
[Rimuovi cornici](#)
[Risultati immagini](#)

sotto c'è l'immagine nel suo **contesto originale** nella pagina: www.bio.davidson.edu/.../method/pulse_field.html



MLST Multilocus sequence typing

- Potente tecnica per caratterizzare ceppi all'interno di una stessa specie
- comporta la caratterizzazione di 6-7 geni housekeeping (codificanti funzioni di base della cellula) e il paragone con i geni corrispondenti di diversi ceppi della stessa specie
-
- si procede per amplificazione PCR e sequenziamento di una regione di circa 450 bp all'interno del gene housekeeping scelti
- ceppi con sequenze identiche per un dato gene posseggono lo stesso allele per quel gene
- all'interno di una stessa specie possono esistere circa 30 varianti per un dato gene
- Ad ogni ceppo sulla base dei vari alleli nei 6-7 geni housekeeping verranno attribuite delle sequenze di numeri



Le relazioni tra due tipi di ogni sequenza vengono poi espresse in un dendrogramma che esprime la distanza di correlazione che varia da 0 (i ceppi sono identici) a 1 (i ceppi sono lontanamente correlati).

MLST è ampiamente utilizzata in microbiologia clinica per il differenziamento di ceppi di un particolare patogeno. Permette l'identificazione di un microrganismo senza la necessità di isolamento

Particolarmente utile

- per l'identificazione di ceppi patogeni in quelle specie che possiedono ceppi patogeni e non patogeni .
- per studi epidemiologici in quanto nel caso di batteri patogeni si può rintracciare una variante ceppo particolarmente virulenta e seguirne il movimento all'interno di una popolazione
- per capire se un'infezione ha un'origine clonale o policlonale

MLST : vantaggi e svantaggi

Vantaggi

Il potere di risoluzione è estremamente elevato in un'analisi con 7 geni e circa 20 alleli tramite MLST è possibile individuare diversi miliardi di genotipi distinti.

Limitazioni

Non è utile per paragonare i microrganismi oltre il livello di specie

Ma tutti i microrganismi mostrano un medesimo livello di variabilità per MLST?

Alcuni procarioti costituiscono essenzialmente un clone con variabilità molto limitata (p.e. *Staphylococcus aureus*)

Altri mostrano una grande variabilità e quindi sono debolmente clonali (p.e. *Neisseria meningitis*)

N.meningitis potrebbe quindi aver subito un flusso di trasferimento genico orizzontale molto più rilevante rispetto a *S. aureus*.

L'analisi della variabilità di un determinato microrganismo è un concetto estremamente importante per lo sviluppo di farmaci e l'allestimento di vaccini diretti contro particolari patogeni (Concetto di PANGENOMICA)



[DATA ANALYSIS](#)

[DATABASES](#)

[SUBMISSIONS](#)

[NEWS](#)

[LINKS](#)

To insure against duplication of effort in the development of MLST schemes we will be listing details of organisms which are currently being looked at or have been published.

We encourage people to let us know of other organisms so duplication of effort can be avoided.

The following schemes are very close to completion and will be released at mlst.net shortly -

- ▣ *Propionibacterium acnes* Contact Simon O'Hanlon - [Click here](#)
- ▣ *Pasteurella multocida*. Contact Sounthi Subaaharan - [Click here](#)
- ▣ *Xylella fastidiosa*. Contact Mark Scally -
- ▣ *Leptospira interrogans* Contact Janjira Thaipadungpanit - [Click here](#)
- ▣ *Chlamydia trachomatis* Contact Anyou Wang

The following schemes are in progress -

MLST Databases at the MPI für Infektionsbiologie

[Back](#) | [MPI MLST Home](#) | [Allele / ST Query](#) | [Strain Query](#) | [Downloads](#) | [Analyses](#) | [Info](#) | [Login](#)

Escherichia coli MLST Database.

<i>adk</i>	<i>fumC</i>	<i>gyrB</i>	<i>icd</i>	<i>mdh</i>	<i>purA</i>	<i>recA</i>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>

Sequence:

[Get Info](#)

Gene Fragment:

▼



You are not logged in!

Website and databases managed by [Mark Achtman](#).
Designed by [Christian Tismer](#) and [Ingo Schümann](#)

This server is hosted at the [MPI für Infektionsbiologie](#).
Initial development funded by the EU (QLK2-CT-2000-0153) and DOE, U.S.A. (DEFG0301ER63147).

DATA ANALYSIS

DATABASES

SUBMISSIONS

NEWS

LINKS

NEW MLST SCHEMES IN DEVELOPMENT

Site requirements

Pasteurella multocoda - coming soon

The provisional *P. multocoda* MLST scheme uses internal fragments from 7 housekeeping genes spread around the genome;

The house-keeping genes utilised are as follows :

adk (Adenylate kinase)

est (Esterase)

pmi (Manose-6-Phosphate Isomerase)

zwf (Glucose-6-Phosphate Dehydrogenase)

mdh (Malate Dehydrogenase)

gdh (Glutamate dehydrogenase)

pgi (Phospho Glucose Isomerase)

For further information please contact [Sounthi Subaaharan](#)

...10 anni dopo lo stesso sito

All species MLST databases and published schemes

MLST databases are hosted at the [University of Oxford, UK](#); the [University of Warwick, UK](#), and the [Pasteur Institute, Paris, France](#).

Order by: [Organism](#) | [Profiles](#) | [Isolates](#)

MLST Databases

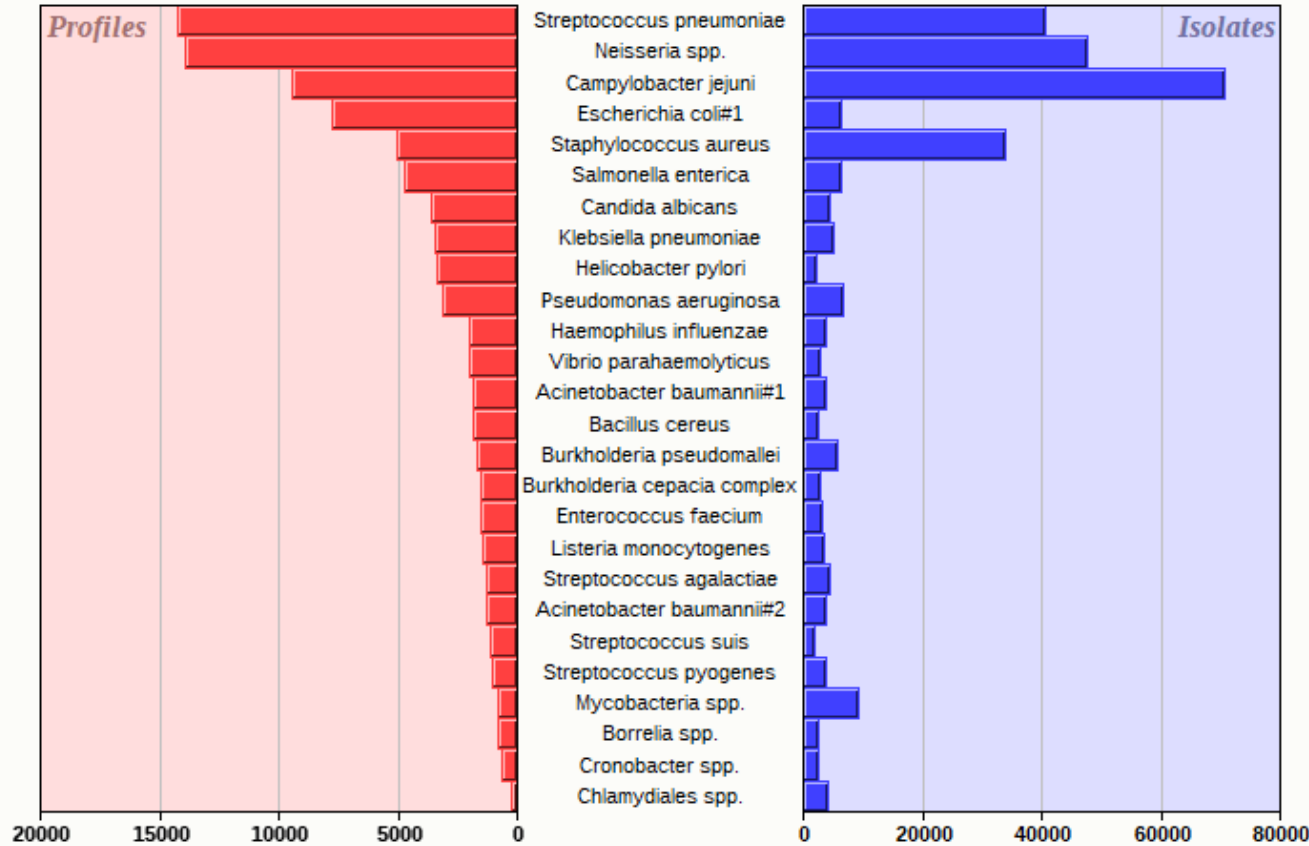


Chart shows databases with at least 1000 profiles or isolates.

* Data updated automatically: 2018-10-24.

[Allele](#) / [ST Query](#) | [Strain Query](#) | [Downloads](#) | [Info](#) | [History](#)

Escherichia coli MLST Database.

[adk](#) [fumC](#) [gyrB](#) [icd](#) [mdh](#) [purA](#) [recA](#)

Sequence:

Get Info

Gene Fragment:

adk ▾

Per l'identificazione di Escherichia coli

1. *adk*
2. *hemC*
3. *gyrB*
4. *icd*
5. *mdh*
6. *pur*
7. *recA*

[Allele](#) / [ST Query](#) | [Strain Query](#) | [Downloads](#) | [Info](#) | [History](#)

Salmonella enterica MLST Database.

[aroC](#) [dnaN](#) [hemD](#) [hisD](#) [purE](#) [sucA](#) [thrA](#)

Sequence:

Get Info

Gene Fragment:

aroC ▾

Per l'identificazione di Salmonella enterica

1. *aroC*
2. *dnaN*
3. *hemD*
4. *hisD*
5. *purE*
6. *sucA*
7. *thrA*

Gene	Gene Product	Direction	Oligonucleotide Sequence (5' à 3')
<i>adk</i>	adenylate kinase	F	CATCATTCTTCTCGGTGCTC
		R	AGTGCCGTCAAACCTCAGGTA
<i>gyrB</i>	DNA gyrase subunit B	F	GTACGTTTCTGGCCTAGTGC
		R	GGGTCTTTTTCTGACAATC
<i>metE</i>	methionine synthase	F	CGGGTGACTTTGCTTGGT
		R	CAGATCGACTGGGCTGTG
<i>mdh</i>	malate dehydrogenase	F	ATGAAAGTCGCTGTTATTGG
		R	GCCGCTTGGCCATAGAAAG
		R	TAGCTTGATAGGTTGGG
<i>pntA</i>	pyridine nucleotide transhydrogenase	F	CTTTGATGGAAAACTCTCA
		R	GATATTGCCGTCTTTTTCTT
		F	GGCCAGCCCCAAAATCCT
<i>purM</i>	phosphoribosyl-formylglycinamide cyclo-ligase	F	GGTGTCGATATTGATGCAGG
		R	GGAATGTTTTCCAGAAGCC
<i>pyrC</i>	dihydroorotase	F	ATCATGCCTAACACGGTTCC
		R	TTCAAACACTTCGGCATA

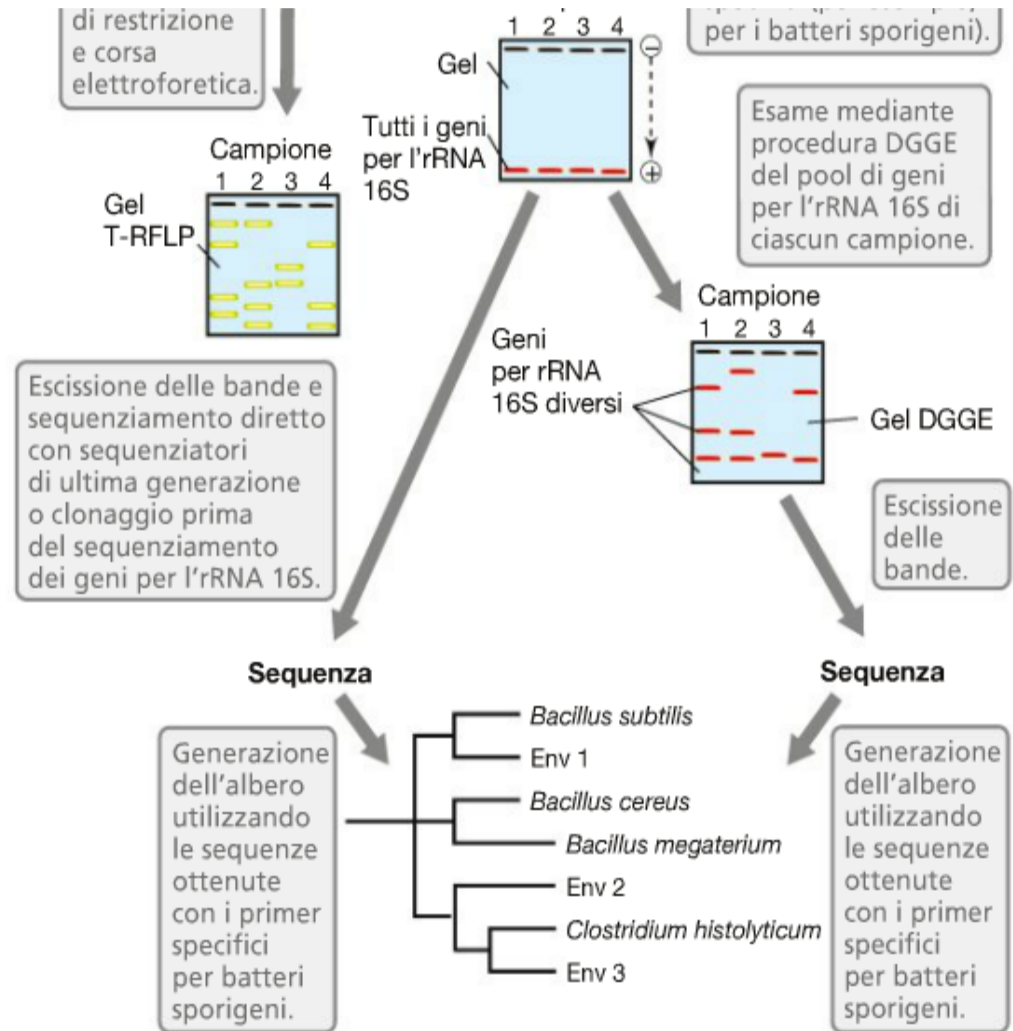


Figura 18.13 Passaggi necessari per analizzare la biodiversità rispetto a un singolo gene all'interno di una comunità microbica utilizzando un approccio filogenetico. Partendo dal DNA totale di una comunità microbica, si procede ad amplificare mediante PCR i geni che codificano per l'rRNA 16S. Nell'esempio di procedura DGGE rappresentato in figura, sono impiegati primer che riconoscono solo il DNA dei *Firmicutes*, un gruppo di batteri gram-positivi che includono i generi sporigeni *Bacillus* e *Clostridium*. Le diverse bande ottenute tramite PCR vengono tagliate dal gel e i diversi geni codificanti per l'rRNA 16S sono separati mediante clonaggio o procedura DGGE. Dopo aver determinato la sequenza nucleotidica, è possibile costruire un albero filogenetico. "Env" indica una sequenza di DNA ambientale (filotipo). Nell'analisi T-RFLP, il numero di bande indica il numero di filotipi.