



Madrid, martes 9 de febrero de 2016

## Secuenciado el primer genoma de una garrapata transmisora de múltiples enfermedades

- Un equipo internacional con participación del CSIC logra describir el genoma del parásito 'Ixodes scapularis'
- El hallazgo abre vías de investigación para combatir las enfermedades transmitidas por estos parásitos



Recreación de la garrapata 'Ixodes scapularis'.

Las garrapatas son uno de los transmisores más importantes de patógenos que afectan a los seres humanos y los animales en todo el mundo. Además, las enfermedades que transmiten van en aumento. Por eso es crucial conocer su genoma. Ahora un estudio internacional con participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha descrito el genoma nuclear de la garrapata *Ixodes scapularis*, una especie que transmite patógenos causantes de diversas enfermedades. El hallazgo, publicado en la revista *Nature Communications*, abre nuevas vías para combatir las enfermedades transmitidas por estos parásitos.

“Las características descubiertas en el genoma de *Ixodes scapularis* proporcionan información detallada sobre los procesos parasitarios únicos de las garrapatas, incluyendo la búsqueda del hospedador, síntesis de la cutícula, ingesta de sangre, métodos de digestión de la hemoglobina, la detoxificación del grupo hemo, la vitelogénesis, reproducción, oviposición, la supervivencia durante los periodos en ausencia de hospedador, así como las interacciones hospedador-garrapata-patógeno”, detalla José de la Fuente, investigador del CSIC en el grupo SaBio del Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos, quien ha participado en el estudio.

Los modelos de genes de *Ixodes scapularis* permitirán el avance de la investigación en genómica comparativa y funcional, mientras que el ensamblaje y el mapa físico sustentarán los tan necesarios estudios sobre la genética de garrapatas, señala de la Fuente. “Estos resultados contribuyen enormemente a la mejora de nuestra comprensión de la biología de las garrapatas y permitirán el avance en la investigación sobre las interacciones hospedador-garrapata-patógeno para desarrollar medidas eficaces y respetuosas del medio ambiente con el fin de controlar las garrapatas y los muchos patógenos y parásitos que transmiten”, añade.

La especie de garrapata analizada, la *Ixodes scapularis*, es un agente transmisor de patógenos que causan, entre otras, enfermedades emergentes como la enfermedad de Lyme (la borreliosis de Lyme es la enfermedad transmitida por garrapatas más común en Europa y Estados Unidos), la anaplasmosis granulocítica humana (HGA), la babesiosis y la encefalitis transmitida por garrapatas, explica de la Fuente.

El proyecto del genoma de *Ixodes scapularis*, que ha tardado una década en ser concluido, marca un punto de inflexión en la investigación en garrapatas, según detalla el investigador. “Este proyecto ha sido un reto debido al gran tamaño y al alto número de repeticiones en el contenido del genoma. Los resultados reflejan los esfuerzos para mapear y describir las características asociadas a la secuencia que se ha conseguido ensamblar y que representa aproximadamente el 57% del genoma completo, revelando 20.486 genes codificantes para proteínas y extensiones de familias de genes asociadas a las interacciones garrapata-patógeno”. Dado que es el primer y único genoma ensamblado de garrapata disponible hasta la fecha, el genoma de *I. scapularis* constituye una valiosa referencia para los análisis de genómica comparativa, añade de la Fuente.

El estudio lo ha llevado a cabo un consorcio mundial formado por 93 científicos (incluidos 11 científicos de las instituciones españolas: SaBio del Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (IREC-CSIC-UCLM-JCCM), Departament de Genètica del Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBio) de la Universidad de Barcelona, Departamento de Fisiopatología Cardiovascular del Centro Nacional de Investigaciones Cardiovasculares (CNIC-CSIC), Departamento de Fisiología, Escuela de Medicina-CIMUS-Instituto de Investigaciones Sanitarias de la Universidad de Santiago de Compostela, Departamento de Ciencias Experimentales y de la Salud de la Universidad Pompeu Fabra y Departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología de la Universidad de Vigo).

La investigación ha contado entre sus principales financiadores con The National Institutes of Health, National Institute of Allergy and Infectious Diseases y el Departamento de Sanidad de Estados Unidos.

Monika Gulia-Nuss, Andrew B. Nuss, Jason M. Meyer, Daniel E. Sonenshine, R. Michael Roe, Robert M. Waterhouse, David B. Sattelle, José de la Fuente, Jose M. Ribeiro, Karine Megy, Jyothi Thimmapuram, Jason R. Miller, Brian P. Walenz, Sergey Koren, Jessica B. Hostetler, Mathangi Thiagarajan, Vinita S. Joardar, Linda I. Hannick, Shelby Bidwell, Martin P. Hammond, Sarah Young, Qiandong Zeng, Jenica L. Abrudan, Francisca C. Almeida, Nieves Ayllón, Ketaki Bhide, Brooke W. Bissinger, Elena Bonzon-Kulichenko, Steven D. Buckingham, Daniel R. Caffrey, Melissa J. Caimano, Vincent Croset, Timothy Driscoll, Don Gilbert, Joseph J. Gillespie, Gloria I. Giraldo-Calderón, Jeffrey M. Grabowski, David Jiang, Sayed M.S. Khalil, Donghun Kim, Katherine M. Kocan, Juraj Koči, Richard J. Kuhn, Timothy J. Kurtti, Kristin Lees, Emma G. Lang, Ryan C. Kennedy, Hyeogsun Kwon, Rushika Perera, Yumin Qi, Justin D. Radolf, Joyce M. Sakamoto, Alejandro Sánchez-Gracia, Maiara S. Severo, Neal Silverman, Ladislav Šimo, Marta Tojo, Cristian Tornador, Janice P. Van Zee, Jesús Vázquez, Filipe G. Vieira, Margarita Villar, Adam R. Wespiser, Yunlong Yang, Jiwei Zhu, Peter Arensburger, Patricia V. Pietrantonio, Stephen C. Barker, Renfu Shao, Evgeny M. Zdobnov, Frank Hauser, Cornelis J.P. Grimmelikhuijzen, Yoonseong Park, Julio Rozas, Richard Benton, Joao H.F. Pedra, David R. Nelson, Maria F. Unger, Jose M.C. Tubio, Zhijian Tu, Hugh M. Robertson, Martin Shumway, Granger Sutton, Jennifer R. Wortman, Daniel Lawson, Stephen K. Wikel, Vishvanath M. Nene, Claire M. Fraser, Frank H. Collins, Bruce Birren, Karen E. Nelson, Elizabet Caler, Catherine A. Hill. **Genomic insights into the Ixodes scapularis tick vector of Lyme disease.** *Nature Communications*. Doi: 10.1038/ncomms10507