

Genètica de poblacions Bacterianes i Filogènia molecular

IP M<sup>re</sup> Carme Fusté Munné  
 Altres professors J. Gaspar Lorén Egea  
 Maribel Farfan Sellarés  
 David Miñana Galbis  
 Doctorands Vicenta Albarral Àvila  
 Vicenta Albarral Àvila  
 Ariadna Sanglas Baulenas

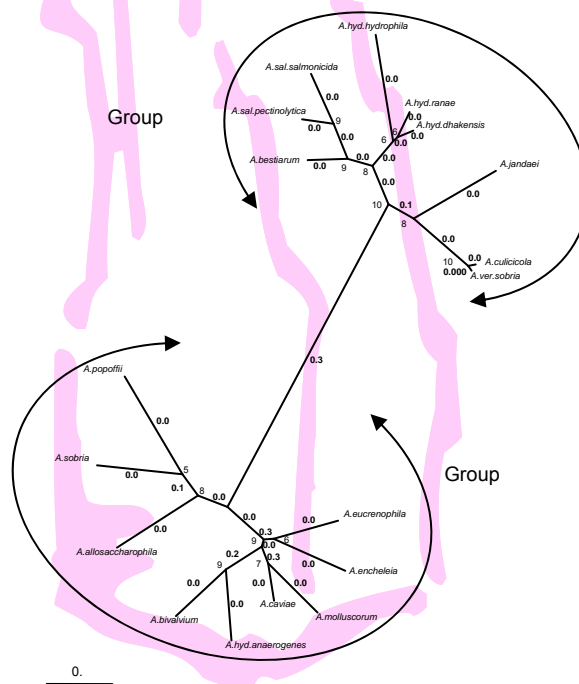


Resum

El nostre grup d'e recerca ha desenvolupat un projecte de filogènia molecular del gènere *Aeromonas*. L'estudi ens ha permès establir un protocol de seqüenciació dels següents gens: el gen *gyr B* que codifica la subunitat beta de la DNA girasa, el gen *rpo D* que codifica el factor sigma70 de la RNA polimerasa, el gen *mdh* que codifica la malat deshidrogenasa, el gen *cpn 60* que codifica la chaperona Cpn 60 i el gen *fla A* que codifica la flagel·lina A del filament del flagel polar. Aquests gens han permès evidenciar diversos graus de diferenciació inter i intraespecífic dins del gènere *Aeromonas*. Alguns dels grups d'espècies reconeguts, com el denominat "complex d'espècies d' *Aeromonas hydrophila*" (*A. hydrophila*, *A. salmonicida* i *A. bestiarum*), presenten dificultats tant en la seva diferenciació interespecífica com en la determinació del grau de patogenicitat que presenten.

Un dels aspectes sense resoldre en l'estudi de la diversitat bacteriana és la relació entre les agrupacions generades mitjançant l'anàlisi de seqüències gèniques i les característiques fenotípiques, ecològiques i de patogenicitat. Fins i tot alguns autors com F. Cohan, han proposat que les espècies bacterianes podrien subdividir-se en grups més significatius, incorporant el concepte d'ecotip que agruparia poblacions genèticament relacionades però ecològicament diferents.

Per a portar a terme, l'estudi de la diversitat intraespecífica del "complex A. hydrophila", volem realitzar un esquema d'anàlisi de seqüències multilocus (MLSA), que inclouria els gens esmentats anteriorment juntament amb altres que permetin l'estudi, amb una col·lecció representativa de soques pertanyents a aquest grup. La seqüenciació dels gens indicats i l'estudi de la seva diversitat gènica, l'anàlisi de la recombinació genètica, dels perfils al·lèlics obtinguts i l'anàlisi filogenètica, permetrà posar de manifest les agrupacions interespecífiques dins d'aquest grup d'espècies. Així mateix, el projecte proposa relacionar aquestes agrupacions amb les possibles diferències ecològiques i fenotípiques, incloent la detecció i distribució d'alguns dels més importants factors de virulència coneguts en el gènere *Aeromonas*, per determinar el seu paper en la patogenicitat d'aquest gènere i la seva repercussió en la salut pública.



Nonsynonymous amino acid changes and positions from the reconstructed ancestral

M → I	L → V	G → S	S → N	A → T	K → D	E → T	K → K
V → Y	G → M	A → T	N → D	I → V	S → A	T → K	A → D
A → G	T → O	D → N	S → G	F → Y	G → V	T → S	N → A
G → T	S → R	L → M	Q → T	S → T	I → M	A → S	E → G
T → S	E → K	G → S	A → T	G → N	G → M	I → T	S → K
S → T	Q → A	N → S	N → S	V → A	L → M	A → N	V → L
S → Y	L → I	G → S	L → F	I → V	M → L	S → T	

### **Publicacions seleccionades**

- Farfán, M., Miñana-Galbis, D., Fusté, M.C. and Lorén, J.G. (2002). Allelic diversity and population structure in *Vibrio cholerae* O139 Bengal based on nucleotide sequence analysis. *Journal of Bacteriology* 184: 1304-1313.
- David Miñana-Galbis, Maribel Farfán, M. Carme Fusté and J. Gaspar Lorén (2004). *Aeromonas molluscorum* sp. nov., isolated from bivalve molluscs. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 54: 2073-2078.
- David Miñana-Galbis, Aintzane Urbizu-Serrano, Maribel Farfán, M. Carme Fusté and J. Gaspar Lorén (2009). Phylogenetic analysis and identification of *Aeromonas* species based on sequencing of the *cpn 60* universal target. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology* 59, 1976-1983
- Maribel Farfán., David Miñana, M<sup>a</sup>Carmen Fusté, and J.Gaspar Lorén. (2009). Divergent evolution and purifying selection of the *fla A* gene sequences in *Aeromonas*. *Biology Direct* 4:23.
- J.Gaspar Lorén, Maribel Farfán., David Miñana and M<sup>a</sup>Carmen Fusté (2010). Prediction of whole-genome DNA G+C content within the genus *Aeromonas* based on housekeeping gene sequences. *Systematic and Applied Microbiology* 33(2010) 237-242

### **Contacta amb nosaltres**

Address: Microbiology lab, Department of Health Microbiology and Parsitology, University of Barcelona. Avd/ Joan XXIII s/n 08028-Barcelona  
Tel.: 93 402 44 97  
Fax: 93 402 44 98  
E-mail: mcfuste@ub.edu  
Web: <http://www.ub.edu/microfar/webcatala/grups/indexGP.htm>

FACULTAT DE  
FARMÀCIA