



Comparación genómica de dos ecotipos de *Alteromonas macleodii*

Ana-Belén Martín-Cuadrado, Elena Ivars-Martínez, Giuseppe D'Auria, Francisco Rodríguez-Valera

Departamento de Producción Vegetal y Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Miguel Hernández, Alicante, España.

Los océanos son el ecosistema más grande de la Tierra y contribuyen aproximadamente a la mitad de la actividad biológica total del planeta, por lo que la riqueza en información de valor biotecnológico y ecológico de este conjunto biológico es enorme. *Alteromonas macleodii* es una γ -Proteobacteria relativamente abundante en ambientes marinos templados, y ha sido descrita como un microorganismo heterotrófico y frecuentemente asociado a partículas. En este trabajo hemos secuenciado la cepa "ATCC 27126" (aislada en aguas superficiales de Hawaii, Océano Pacífico), y la cepa "Deep ecotype" (aislada a 1000 m en el Mar Adriático) (López-López et al. 2005). Mediante el análisis comparativo de ambos genomas, hemos deducido algunas adaptaciones específicas presentes en el ecotipo de profundidad ya que, además de otros factores como la oscuridad, oligotrofia y presión, soporta una menor temperatura.

Ambos genomas son muy parecidos en tamaño (4,4 Mpb Deep y 4,3 Mpb ATCC) y en contenido en GC (44,9% y 44,6%), pero el promedio de similitud entre los genes homólogos es tan sólo de un 81,24% (comparten 2696 genes). A partir de la comparación génica, hemos definido 12 grandes islas genómicas que contienen gran parte de los 1242 genes exclusivos de la cepa de profundidad. Entre ellos, es destacable el alto número de transposasas de diferentes familias: 65 en la Deep frente a 3 en la ATCC. La mayor presencia de elementos móviles en aguas profundas podría ser explicada por una mayor interacción célula-célula de acuerdo con un modo de vida particulado. También, genes relacionados con el metabolismo de mercurio y otros metales pesados (confirmando la mayor resistencia de la cepa Deep a mercurio), un gran número de hidrogenasas (probablemente adquiridos por transferencia horizontal), genes que le permiten la degradación de urea y la respiración de nitratos, y, sobre todo, un número muy elevado de genes relacionados con la producción de polisacáridos y exopolisacáridos, confirmando las evidencias fenotípicas de que ambas cepas poseen una envoltura celular diferente, siendo más mucosa la de profundidad. Además, existen algunas islas genómicas debido a la infección de diferentes fagos. A partir de la comparación del genoma de la cepa de profundidad con varias bases de datos marinas (GOS, <http://camera.calit2.net/>), hemos confirmado que 8 de las islas genómicas son también islas metagenómicas. De acuerdo con los estudios biogeográficos anteriores, comprobamos que *A. macleodii* es más abundante en las colecciones construidas a partir de biomasa recogida en océano abierto y templado.

Concluimos que muchas de las características encontradas en los genomas de los dos ecotipos estudiados de *A. macleodii*, algunas confirmadas experimentalmente, son un claro reflejo del hábitat particular de cada una ellas. Por lo tanto y de manera más general, el conocimiento de genomas de microorganismos no cultivables hasta la fecha o fragmentos del mismo, abre un futuro lleno de posibilidades para su estudio sin la necesidad de ser aislados y/o cultivados previamente.