



## Filogenómica del pangenoma de *Legionella pneumophila*

Fernando González Candelas, Mireia Coscollá, Aida Rodrigo and Iñaki Comas

Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva. Universitat de València. Valencia. España.

La creciente acumulación de secuencias completas de genomas de cepas y aislados de una misma especie de bacterias está estrechando el margen entre la genómica y la genética de poblaciones. Los análisis evolutivos se pueden realizar a distintos niveles de profundidad, desde las relaciones entre aislados de una misma población hasta el origen de los genes presentes en el pangenoma de la especie en cuestión. En este trabajo hemos analizado la evolución de los genes presentes en el pangenoma de *Legionella pneumophila*, un patógeno emergente que produce legionelosis y fiebre de Pontiac, y que ha suscitado gran interés en nuestro país por la magnitud y duración de algunos de los brotes infecciosos producidos por la misma. A partir de datos del análisis genético poblacional sobre un panel de muestras clínicas y ambientales de casi 100 aislados estimamos la magnitud de la recombinación sobre el genoma de esta especie considerando la secuencia de 9 loci (4000 nt) diferentes. La disponibilidad del genoma completo de 4 cepas de *L. pneumophila* nos permite comparar estas estimas de recombinación intrapoblacional con las correspondientes a escala genómica, identificando las zonas del genoma donde se observan más y menos frecuentemente sucesos de recombinación.

A continuación nos planteamos la comparación de los cuatro genomas completos a dos niveles. En primer lugar, establecemos el “core” genómico y el pangenoma de esta especie y estudiamos la dinámica de pérdida/ganancia de genes en los mismos. Dado que *Legionella* es un huésped intracelular de diferentes amebas y que en ellas comparte hábitat con varias decenas de especies bacterianas distintas, por último, hemos analizado la existencia de genes transferidos horizontalmente de otras especies al genoma de *Legionella* y cuantificado la magnitud de las mismas en función de los grupos de origen y funciones asumidas de los mismos en el genoma.