



Genomas procarióticos máximos ¿Por qué las Mixobacterias?

José Muñoz-Dorado, Alfredo Castañeda-García, Juana Pérez

Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Granada, España.

El número de genomas de procariotas secuenciados completos y depositados en la base de datos del NCBI a fecha 15 de Enero de 2008 era de 623, de los cuales 574 pertenecen al dominio *Bacteria* y 49 a *Archaea*. En nuestro estudio hemos adicionado otros tres genomas de Mixobacterias, que aunque incompletos, están disponibles al público en esa misma base de datos. De estos genomas secuenciados, tan solo 34 tienen un tamaño superior a 7 Mb si incluimos tanto cromosomas como plásmidos, y 29 si excluimos la información genética extracromosómica. Las cepas con tamaño de genoma superior a 7 Mb tan solo pertenecen a 5 phyla, Proteobacteria, Actinobacteria, Cyanobacteria, Acidobacteria y Planctomycetes. Aunque la mayoría de las cepas con genoma grande pertenecen a las Proteobacterias, este resultado no es sorprendente e incluso podría conducir a confusión, si tenemos en cuenta que casi la mitad de las cepas secuenciadas hasta el momento se encuadran en este phylum. No obstante, los genomas máximos pertenecen a las Mixobacterias, un grupo bacteriano que se encuadra dentro de las

□ Proteobacterias. Así, nos encontramos que *Myxococcus xanthus* (9,14 Mb), *Stigmatella aurantiaca* (10,27 Mb) y *Plesiocystis pacifica* (10,59 Mb), poseen tamaños inusuales para los procariotas. Y especialmente relevante es el de *Sorangium cellulosum*, que no solamente es el mayor genoma procariótico secuenciado hasta el momento, con un tamaño 13,03 Mb, sino que además supera al de algunos eucariotas como las levaduras. Las únicas Mixobacterias secuenciadas cuyo tamaño de genoma se encuentra dentro de los límites normales de las bacterias pertenecen al género *Anaeromyxobacter* (alrededor de 5 Mb). El hecho de que las Mixobacterias posean los tamaños de genomas más grandes descritos en los procariotas nos ha llevado a investigar por qué precisamente estas bacterias han aumentado tan extensamente su cantidad de material genético, almacenado además en una única molécula circular. Pero además, el hecho de que existan especies del mismo grupo con un tamaño de genoma normal permite llevar a cabo estudios comparativos para establecer qué tipos de familias génicas son las principales responsables de la expansión del genoma. Estos estudios han revelado que la mayoría de las familias génicas redundantes están implicadas en transducción de señales, y entre ellas cabe destacar la familia de las denominadas proteínas quinasas de tipo eucariótico (ELKs, derivado de ekaryotic-like protein kinases). Esta familia de parálogos aumenta exponencialmente en número a medida que se incrementa el tamaño de genoma, pasando de 14, 18 y 20 en las tres especies de *Anaeromyxobacter*, a 99, 194, 230 y 317 en las Mixobacterias con mayor tamaño. Si se compara con el resto de los procariotas, hemos encontrado que un tercio no codifica ninguna ELK, y que la inmensa mayoría de los que codifican, tan solo contienen entre 1-5 genes para ELKs. Solamente 28 bacterias codifican un número de ELKs superior a 10 y una densidad expresada como número de ELKs/1000 proteínas superior a 3. Todas estas bacterias, entre las cuales se encuentran las 7 Mixobacterias, poseen en común la capacidad de llevar a cabo procesos de multicelularidad, por lo que es posible que el aumento del número de ELKs esté íntimamente asociado a la multicelularidad, hipótesis que viene además avalada por el hecho de que los eucariotas, y sobre todo los pluricelulares, también poseen en sus genomas una elevada densidad de quinasas de este tipo.