



Filogenia y Epidemiología de la especie *Vibrio vulnificus*

Eva Sanjuán, David Pajuelo, Alex Montesinos y Carmen Amaro

Departamento de Microbiología y Ecología, Universidad de Valencia, Valencia.

V. vulnificus es una especie acuática que ocasionalmente puede infectar a humanos y peces y desarrollar desde infecciones en heridas hasta muerte por septicemia. La especie es heterogénea y se ha subdividido en 3 biotipos dos de ellos asociados con vibriosis humanas (el 1 y el 3) y el otro con vibriosis de peces. Recientemente se ha descrito un plásmido de virulencia para peces que parece ser exclusivo de las cepas de biotipo 2. El objetivo del presente trabajo ha sido comprender la filogenia y la epidemiología de la especie aplicando la metodología conocida como “Multilocus Sequence Analysis” o MLSA mediante la secuenciación parcial de 4 genes de mantenimiento celulares y tres de virulencia, todos ellos cromosómicos, en más de 100 cepas ambientales y clínicas de distintos biotipos, serotipos y orígenes geográficos. Nuestros resultados demuestran que la especie no posee una estructura poblacional clonal, aunque se ha producido la amplificación de varios clones asociados a epidemias (biotipo3) o epizootias (biotipo 2) que aparecen como claros complejos clonales en el análisis. Las filogenias obtenidas tanto con los genes individuales como con los concatenados demuestran claramente que la especie se divide en dos grupos principales y no en tres. El grupo I estaría formado por lo que ahora se conoce como aislados de biotipo 1 de origen septicémico humano y aislados ambientales de ostra, y el grupo II, más diverso, estaría formado por aislados ambientales y clínicos de biotipos 2 y 3. El grupo patógeno de peces, el hasta ahora denominado biotipo 2, aparece en el análisis con un claro origen polifilético asociado a aislados de agua de piscifactoría de biotipo 1. Estos resultados son compatibles con la hipótesis de que este biotipo es una patovariedad cuyo origen estaría en la adquisición del plásmido de virulencia de forma independiente por distintos clones asociados a piscifactorías, lo que es compatible con la diversidad fenotípica y serológica del grupo. En general, los datos obtenidos en este trabajo no apoyan la actual división de la especie en biotipos por lo que consideramos que es necesaria una nueva subdivisión basada en criterios filogenéticos más que en criterios fenotípicos como la mantenida hasta el momento.