



## Filogenia de la familia *Halomonadaceae* basada en la comparación de secuencias del ARN 16S y 23S

Rafael R. de la Haba, M. Carmen Márquez y Antonio Ventosa

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla, 41012 Sevilla

La familia *Halomonadaceae*, perteneciente a la clase *Gammaproteobacteria*, fue propuesta por Franzmann y col. (1988) y actualmente incluye un gran número de especies agrupadas en siete géneros: *Halomonas* (género tipo), *Carnimonas*, *Chromohalobacter*, *Cobetia*, *Halotalea*, *Modicisalibacter* y *Zymobacter*. Excepto los géneros *Halomonas* (49 especies) y *Chromohalobacter* (9 especies), los restantes géneros incluyen una única especie. Por otro lado, cuatro nuevas especies del género *Halomonas* se encuentran pendientes de publicación.

La familia *Halomonadaceae* incluye bacterias Gram-negativas con metabolismo principalmente de tipo respiratorio. La heterogeneidad de esta familia es muy amplia, como lo demuestra la diversidad de sus características fenotípicas o el amplio rango de G+C del ADN (52,0-74,6 moles%). La mayoría de las especies son halófilas (a excepción de *Zymobacter palmae*) que han sido aisladas de ambientes marinos o hipersalinos (salinas, lagos salados, suelos salinos, alimentos salados, etc.) y son capaces de crecer entre el 5 y el 10 % (p/v) de sales, entre 20 y 35 °C y a pH 7,0-8,0 (excepto *Halomonas alkaliphila*, *Halomonas gudaonensis* y *Halomonas shengliensis*, que requieren valores de pH 8,0-9,0 para crecer).

El objetivo del presente trabajo ha sido revisar la filogenia de la familia *Halomonadaceae* incluyendo todas las especies válidamente publicadas hasta la fecha para conocer con detalle las relaciones filogenéticas existentes entre las mismas. Para ello se amplificaron el gen del ARNr 16S y 23S utilizando cebadores universales para bacterias. Posteriormente se obtuvo la secuencia de dichos genes y se construyeron árboles filogenéticos utilizando tres algoritmos diferentes (maximum-parsimony, neighbour-joining y maximum-likelihood).

Los resultados de este estudio mostraron que el género *Halomonas* no es monofilético, sino que se pueden distinguir tres grupos claramente diferenciados, así como varias especies que no están filogenéticamente relacionadas entre sí. El grupo formado por las especies *Halomonas avicenniae*, *Halomonas marisflavi*, *Halomonas indalinina* y la cepa A10 (aislada del manglar negro *Avicennia germinans*) constituye una rama filogenética coherente y separada del resto de especies de *Halomonas* y de los otros géneros de la familia (con una semejanza en la secuencia del ARNr 16S y 23S igual o inferior al 94,0 % y al 91,7 %, respectivamente). En base a estos resultados se propone la reclasificación de estas tres especies, así como la inclusión de la cepa A10, en un nuevo género dentro de la familia *Halomonadaceae*. Posteriormente, otras especies de *Halomonas* podrían ser transferidas a nuevos géneros pertenecientes a esta familia. La situación taxonómica de los restantes géneros existentes de la familia *Halomonadaceae* es correcta.