

¿Que información podemos extraer del moviloma plasmídico de una bacteria de suelo? Exploración del presente y recuerdos del pasado

José Luis López¹, Mauricio J. Lozano¹, Daniel Wibberg², Jochen Blom³, María E. Salas¹,
María Florencia Del Papa¹, Mariano Pistorio¹, Alfred Pühler², Alexander Goesmann³,
Andreas Schlüter², Antonio Lagares^{1*}

¹IBBM, Fac. Cs. Exactas, Universidad Nacional de La Plata, CONICET, La Plata, Argentina.

²CeBiTec, Universität Bielefeld, Bielefeld, Alemania.

³Bioinformatics & Systems Biology, Universität Giessen, Alemania.

Email: lagares@biol.unlp.edu.ar

Los rizobios son alfa- y beta-proteobacterias con capacidad de vivir en el suelo y de establecer asociaciones simbióticas con plantas leguminosas dando como resultado final es la formación de estructuras radiculares nodulares con capacidad de fijar nitrógeno atmosférico. Dichas capacidades pueden estar codificadas ya sea en un único cromosoma; o en genomas multipartitos que incluyen además crómidos, grandes plásmidos simbióticos, y plásmidos de menor tamaño de función en su mayoría aún desconocida (“críptica”). Con el propósito de investigar a nivel de especie el contenido informativo de los plásmidos crípticos, así como su relación evolutiva con megaplásmidos y cromosomas, hemos caracterizado dichos plásmidos en *Sinorhizobium meliloti* como sistema modelo. Los resultados obtenidos mostraron diferencias marcadas entre los perfiles funcionales de cada uno de los compartimentos genómicos. Esas diferencias fueron acompañadas por un uso modal de codones propio de cada uno de los replicones con distancias crecientes desde el cromosoma (replicón más ancestral) hacia pSymB (crómido), pSymA, y finalmente el plasmidoma críptico. La identificación de singletons en cada replicón (genes marcadores/exclusivos de cepa) y el análisis de su uso de codones sugirió fuertemente que los mismos corresponden al conjunto de los genes adquiridos más recientemente, varios de ellos con homólogos que hemos identificado en el plasmidoma críptico de donde posiblemente provienen. Los estudios realizados, basados el análisis del tipo de genes presentes en cada replicón (*core*, singletons) y en el modo en que sus productos génicos son codificados, nos han permitido establecer características distintivas para diferentes grupos génicos, relacionarlas en algunos casos con la ancestralidad, e identificar aquellos genes que han arribado más recientemente al genoma del rizobio. Tal información provee nuevas bases para construir modelos más elaborados que los disponibles actualmente para dar cuenta de la evolución de los genomas multipartitos en rizobios, y en otras bacterias de suelo.

Agradecimientos: CONICET, ANPCyT (Argentina), AvH (Alemania).

Palabras clave: plásmidos; genoma.