



IDENTIFICACIÓN Y ANÁLISIS DE MÓDULOS CONSERVADOS EN EL GÉNERO *ACIDITHIOBACILLUS* MEDIANTE UN ABORDAJE FILOGENÓMICO

CAROL FERNANDA MORAGA QUINTEROS
INGENIERO EN BIOINFORMÁTICA

RESUMEN

Las bacterias del género *Acidithiobacillus* son gamma-proteobacterias involucradas en procesos de la biolixiviación. A la fecha, se dispone de cuatro miembros de este género cuyo genoma se encuentra total o parcialmente secuenciado. La mayoría de las investigaciones en este género han sido realizadas en el organismo modelo *Acidithiobacillus ferrooxidans*, por lo que es interesante obtener información acerca del metabolismo y fisiología de un mayor número de miembros.

Con el fin de determinar las principales diferencias genómicas y su origen, se llevó a cabo un abordaje filogenómico-comparativo del contenido génico de cada una de las especies en estudio, con énfasis especial en el estudio de las familias de proteínas conservadas y exclusivas de cada especie. El presente estudio identificó las principales diferencias y/o similitudes a nivel genómico entre los organismos secuenciados de este género. Las diferencias derivadas de la comparación genómica reflejan características funcionales adquiridas y/o perdidas, a través de la evolución de este género. En base a la reconstrucción del modelo del pan-genoma se construyó un posible modelo evolutivo del género *Acidithiobacillus* sostenido en sus genes conservados, adquiridos y perdidos. Utilizando este modelo, se identificó un total de 5902 genes correspondientes al núcleo genómico del género (conservados), además de los genes exclusivos de cada organismo en donde *Acidithiobacillus thiooxidans* es que el presenta un mayor número de genes ganados y menor número de genes perdidos en el tiempo con respecto a su ancestro (917 genes ganados y 376 genes perdidos), del total de los organismos analizados. Finalmente, utilizando esta información, se definieron las principales características conservadas en el género, que son principalmente proteínas asociadas a metabolismo de membrana debido al entorno de vida en el que se desenvuelven estos organismos. Además, se lograron identificar características exclusivas adquiridas por eventos evolutivos para algunos de los organismo en estudio, por ejemplo se identificaron proteínas asociadas a flagelo y movilidad

celular, en los organismos *Acidithiobacillus thiooxidans* y *Acidithiobacillus caldus*. En conclusión, la aplicación de un abordaje filogenómico-comparativo ha proporcionado una visión preliminar de las principales características funcionales propias de cada miembro y ha permitido identificar los posibles procesos evolutivos responsables de esta variación, lo que en su conjunto proveen una visión general del potencial rol ecofisiológico de cada representante de este género.

ABSTRACT

Bacteria of the genus *Acidithiobacillus* are gamma-proteobacteria are involved in bioleaching processes. To date, there are four members of this genus whose genome is totally or partially sequenced. Most research has been focused in the model organism *Acidithiobacillus ferrooxidans*, so it is interesting to obtain information about the metabolism and physiology of a greater number of members. In order to identify key genomic differences and their origin, we carried out a Phylogenomics-comparative approach of gene content for the species studied, with special emphasis on the study of conserved and particular protein families related to each species. This study identified the main differences / similarities at the genomic level among sequenced organisms of this genus. Differences arising from genomic comparison reflect functional characteristics acquired / lost through the evolution of this genus. Based on the reconstruction of the pan-genomic model, we built a possible model for evolution of the genus *Acidithiobacillus* in conserved, acquired and lost genes. Using this model, we identified a total of 5902 genes for the core genome of the genus (conserved), and genes unique to each organism. *Acidithiobacillus thiooxidans* has the greatest number of genes gained and lost fewer genes along evolutionary time with respect to its ancestor (917 genes gained and 376 genes lost), of all the organisms analyzed.

Finally, using this information, we defined key conserved features in the genus, which are mainly proteins associated with membrane metabolism due to the living environment in which these organism live. In addition, we identified unique characteristics acquired by evolutionary events for some of the organism under study, for example we identified proteins associated with the flagella and cell motility in organisms *Acidithiobacillus thiooxidans* and *Acidithiobacillus caldus*. In conclusion, the application of a Phylogenomics-comparative approach has provided a preliminary overview of the main functional characteristics of each member and has identified the possible evolutionary processes responsible for this variation, which together provide an overview of the potential ecophysiological role each representative of this genus may play.