



XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



SECUENCIACIÓN Y ANÁLISIS DEL MINICROMOSOMA (1.7 Mpb) de *Azospirillum brasilense* CBG497

Erika Acosta Cruz¹, Patrick Mavingui², María Valdés Ramírez¹.

¹Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, IPN, México D.F., 11340. ²Ecologie Microbienne, Université Lyon I, Villeurbanne Cedex, France, 69622. eyacosta@ipn.mx

Palabras clave: *Azospirillum*, secuenciación, anotación

Introducción. *A. brasilense* es una alfa-proteobacteria promotora del crecimiento vegetal capaz de favorecer la producción de numerosas especies de plantas de interés agronómico y/o ecológico. El genoma de esta especie está constituida por múltiples replicones (1), esa compleja arquitectura genómica ha sido estudiada encontrándose de manera constante la presencia de un cromosoma principal (≈ 3 Mpb) y un minicromosoma ≈ 1.7 Mpb. Este último, al tener un tamaño mayor al 50% del cromosoma principal, podría contener genes importantes para la fisiología bacteriana.

El objetivo de este trabajo es caracterizar genéticamente el minicromosoma (1.7 Mpb) de *A. brasilense* CBG497.

Metodología. Se envió a pirosecuenciación el DNA genómico total, previo control de calidad. El alineamiento y anotación automática de los contigs se llevó a cabo en la plataforma MaGe, de Genoscope (2), seguido de una anotación experta del minicromosoma tomando en cuenta la biología de la bacteria.

Resultados. El proceso de anotación dio como resultado 1409 secuencias codificantes (CDS, por sus siglas en inglés) validadas y 70 calificadas como artefacto de la anotación automática. Las tablas 1 y 2 muestran los principales resultados hasta ahora obtenidos, en términos de tipo de productos anotados y su localización.

Tabla 2. Distribución de la anotación en cuanto a tipo de producto

TIPO DE PRODUCTO	CANTIDAD	PORCENTAJE
o : ORF de función desconocida	503	35.37 %
e : enzima	272	19.13 %
pe : enzima hipotética	213	14.98 %
t : transportador	101	7.10 %
pt : transportador hipotético	84	5.91 %
r : regulador	57	4.01 %
pr : regulador hipotético	54	3.80 %
f : factor	36	2.53 %
pf : factor hipotético	16	1.13 %
c : acarreador	15	1.05 %
m : componente de membrana	14	0.98 %
prc : receptor hipotético	12	0.84 %
cp : proceso celular	10	0.70 %
s : estructura	8	0.56 %
Sin clasificar	6	0.42 %
pm : componente de membrana hipotético	6	0.42 %
ps : estructura hipotética	5	0.35 %
rc : receptor	3	0.21 %
pc : acarreador hipotético	3	0.21 %
lp : lipoproteína	2	0.14 %
h : de origen extracromosomal	2	0.14 %

Tabla 1. Localización del producto

Sin clasificar	6	0.42 %
9 : Periplásmica	55	3.87 %
8 : Asociado a la membrana externa	4	0.28 %
7 : Proteína de membrana externa	13	0.91 %
6 : Asociado a la membrana interna	10	0.70 %
5 : Proteína de membrana interna	195	13.71 %
4 : Flagelar	6	0.42 %
2 : Citoplásmica	517	36.36 %
11 : Membrana	59	4.15 %
10 : Secretada	5	0.35 %
1 : Desconocida	552	38.82 %

Conclusión. Se identificaron 23 genes al interior del minicromosoma de 1.7 Mpb, conocidos como parte del juego mínimo de genes (minimal gene set) necesarios para sustentar la vida funcional de una célula en condiciones ideales; estos genes no están representados en otra parte del genoma de la bacteria.

Agradecimiento. Este proyecto se llevó a cabo financiado por el proyecto CONACyT 48044 y SIP 20100905, así como por el UMR CNRS 5557 Centre National de La Recherche Scientifique Francia.

Bibliografía.

1. Caballero-Mellado, J., L. López-Reyes, and R. Bustillos-Cristales. 1999. FEMS Microbiol. Lett. 178:283-288.
2. Vallenet, D., L. Labarre, Z. Rouy, V. Barbe, S. Bocs, S. Cruveiller, A. Lajus, G. Pascal, C. Scarpelli and C. Médigue. 2006. Nucl. Acids Res. 34(1):53-65.