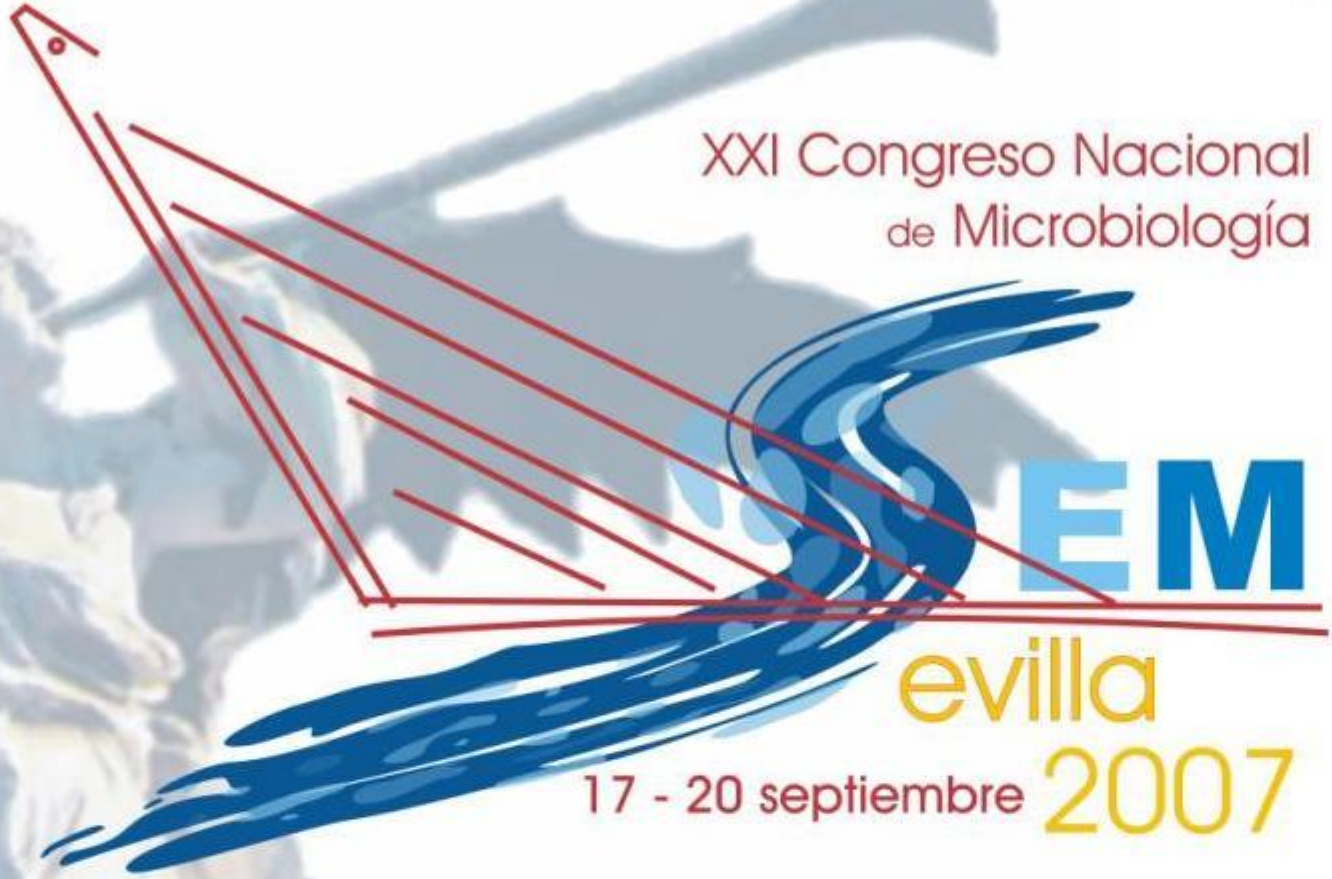


XXI Congreso Nacional
de Microbiología



SEM

evilla

17 - 20 septiembre 2007

Identificación de IS210, una secuencia de inserción funcional de *Azotobacter vinelandii*

R. Maldonado^{1*}, S. Burillo¹, J. Casadesús²

¹División de Genética, Universidad de Alicante, Alicante

²Departamento de Genética, Universidad de Sevilla, Sevilla

Mediante el empleo de plásmidos con sistemas de contraselección, se detectó la transposición de una secuencia de inserción de *A. vinelandii* UW, que provisionalmente hemos denominado IS210. Una hibridación Southern reveló que el genoma contiene cinco copias de la secuencia citada. Tras la secuenciación del fragmento del plásmido que contenía la inserción, se determinó que IS210 tiene una longitud de 1207 pb., repeticiones invertidas perfectas (IR) de 16 pb., y dos fases abiertas de lectura (ORF1 y ORF2). Asimismo, la inserción generó la duplicación de una secuencia de 5 pb.

Una búsqueda en las bases de datos reveló que IS210 tiene un 57% de identidad con IS1246 del plásmido pWWO de *Pseudomonas putida*, miembro de la familia de IS5. La secuencia de aminoácidos deducida de ORF1 presentó un 53% de identidad con la secuencia de aminoácidos de la transposasa de IS1246. La secuencia de aminoácidos de ORF1 contiene varias de las características de propias de las transposasas, como la signatura DDE(R/K). La secuencia de aminoácidos deducida de ORF2 no presentó indicio alguno de que fuera codificante.

Se realizó una búsqueda con la secuencia de IS210 en el borrador del genoma del proyecto de secuenciación de *A. vinelandii* AvOP. Existen cinco copias exactas de IS210 identificadas en el genoma de AvOP, y una sexta copia con una identidad aproximada del 90% a nivel de ADN. Ésta última puede reflejar una divergencia evolutiva ocurrida dentro del genoma de *Azotobacter*. Todas las copias de IS210 aparecen localizadas en dos regiones precisas del genoma.

Un estudio de comparación de secuencias entre las diferentes transposasas de la familia de IS5 coloca a IS210 en un nuevo grupo formado por secuencias de inserción de *A. vinelandii*, *Pseudomonas putida*, *Streptococcus thermophilus* y *Bacteroides fragilis*, sugiriendo la posibilidad de transferencia horizontal de elementos transponibles entre los linajes de estas bacterias.