

Filogenómica y la evolución de las Proteobacteria

En esta tesis se analizan varios aspectos relacionados con la evolución de los genomas bacterianos. Si hay un grupo de organismos que se ha beneficiado especialmente de las técnicas de secuenciación genómica cada vez más baratas y rápidas, ese ha sido el de los procariotas. Ahora que las etapas iniciales de la revolución genómica se han consumido, una nueva etapa comienza en el estudio de los genomas bacterianos (Fraser-Liggett, 2005). Ya no sólo es importante caracterizar los genes que los componen o su organización, nuevos conceptos se están abriendo paso. Sin embargo, a pesar de la gran cantidad de temas que todos estos estudios permiten tratar, desde la bioquímica, a las consecuencias biotecnológicas de dichos descubrimientos, es la evolución microbiana y su naturaleza la que parece atraer el mayor foco de atención. La evolución en bacterias va más allá de las clásicas migración, mutación y deriva o incluso recombinación. La transferencia horizontal de genes entre genomas que pueden o no estar cercanos evolutivamente parece ser uno de los principales motores del cambio en bacterias (Ochman *et al.*, 2000). Las relaciones endosimbióticas con organismos eucariotas ponen por otro lado de manifiesto otro mecanismo evolutivo importante, la evolución reductiva por pérdida masiva de genes. Todos estos procesos dejan huella en los genomas procariotas. Dicha huella se puede rastrear en su mayor parte a través de las técnicas filogenómicas, aquellas que hacen uso de la gran cantidad de datos genómicos disponibles. De tal manera que en los genomas procariotas conviven diferentes señales filogenéticas con el ruido filogenético. La esta tesis se centra en cuatro objetivos concretos:

¿Cómo afecta la revolución genómica a los métodos de reconstrucción filogenómica?

¿Cuáles son las relaciones evolutivas entre los endosimbiontes de insectos de la división Gamma-Proteobacteria?

Caracterizar el proceso de transferencia horizontal en un grupo concreto de genomas, las Xanthomonadales y cómo éste ha variado a lo largo del tiempo.

Caracterizar las fuerzas evolutivas que actúan en las últimas etapas del proceso de reducción genómica en endosimbiontes bacterianos mediante el análisis de los genomas de *Carsonella ruddii* y *Buchnera aphidicola* *Cinara cedri*.