

Descubrimiento de la *streamlined* haloarquea *Halorutilus salinus*, que constituye un nuevo orden ampliamente distribuido en ambientes hipersalinos

ANA DURÁN VISERAS, CRISTINA SÁNCHEZ-PORRO Y ANTONIO VENTOSA

Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Farmacia, Universidad de Sevilla

✉ anaduran@us.es

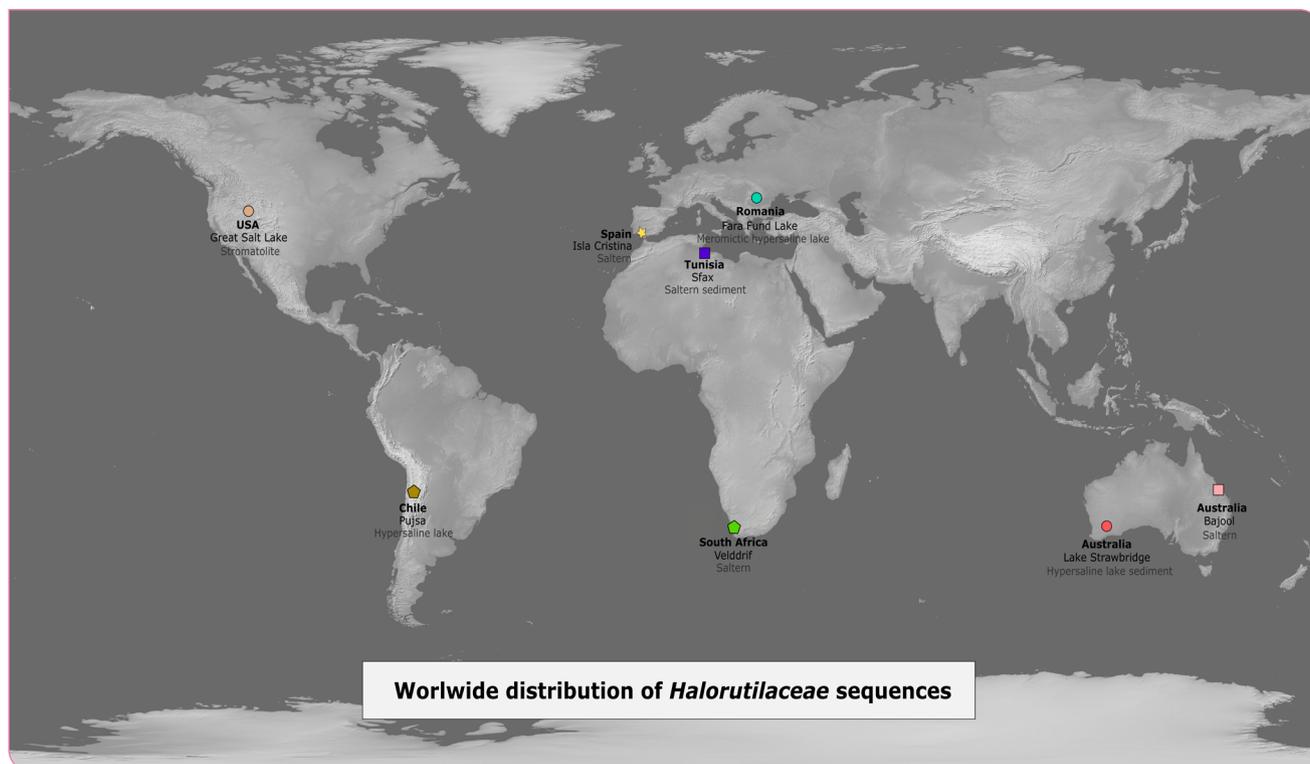


Figura 1. Distribución global de la familia Halorutilaceae fam. nov. en ambientes hipersalinos a partir de secuencias del gen ARNr 16S. Los círculos indican la ubicación geográfica de las secuencias identificadas en bases de datos de amplicones, mientras que los cuadrados reflejan las obtenidas a partir de librerías de clones. La estrella muestra el lugar de aislamiento de la cepa F3-133^T.

Las haloarqueas son organismos halófilos extremos, que se encuadran dentro de la clase *Halobacteria* y constituyen uno de los grupos microbianos más diversos dentro del filo *Euryarchaeota*, cuyos miembros se encuentran ampliamente distribuidos en ambientes hipersalinos donde constituyen con frecuencia la población mayoritaria en los mismos. Aunque las técnicas de cultivo tradicionales han permitido el aislamiento y la descripción de cientos de nuevos grupos de bacterias y arqueas halófilas hasta la fecha, los estudios metagenómicos llevados a cabo en este tipo de ambientes indican que la mayor parte de la diversidad microbiana presente en los

mismos se desconoce y aún no ha podido ser aislada en cultivo puro. Muchos de estos grupos, además, representan poblaciones dominantes en estos sistemas y se presume que tengan un crecimiento lento o requisitos nutricionales específicos que dificultan su aislamiento. En este trabajo, hemos empleado la culturómica como aproximación para el aislamiento de nuevos microorganismos extremófilos a partir de las salinas de Isla Cristina, localizadas en la provincia de Huelva. Siguiendo esta estrategia, hemos conseguido aislar la cepa F3-133^T la cual mostraba porcentajes de semejanza muy bajos (86,3 %) con cualquier otra arquea previamente cultiva-

da, en base a la comparación del gen ARNr 16S. Los análisis filogenéticos y filogenómicos de dicha cepa con respecto a los miembros ya descritos del filo *Euryarchaeota*, así como los índices genómicos ANI, AAI e hibridación ADN-ADN *in silico* han demostrado que ésta constituye un nuevo orden dentro de las haloarqueas, constituido a su vez por una nueva familia, género y especie, para los cuales proponemos los nombres de *Halorutilales* ord. nov., *Halorutilaceae* fam. nov., *Halorutilus* gen. nov. y *Halorutilus salinus* sp. nov. El porcentaje de secuencias de amplicones relacionadas con el gen ARNr 16S y los reclutamientos metagenómicos demuestran la amplia dis-

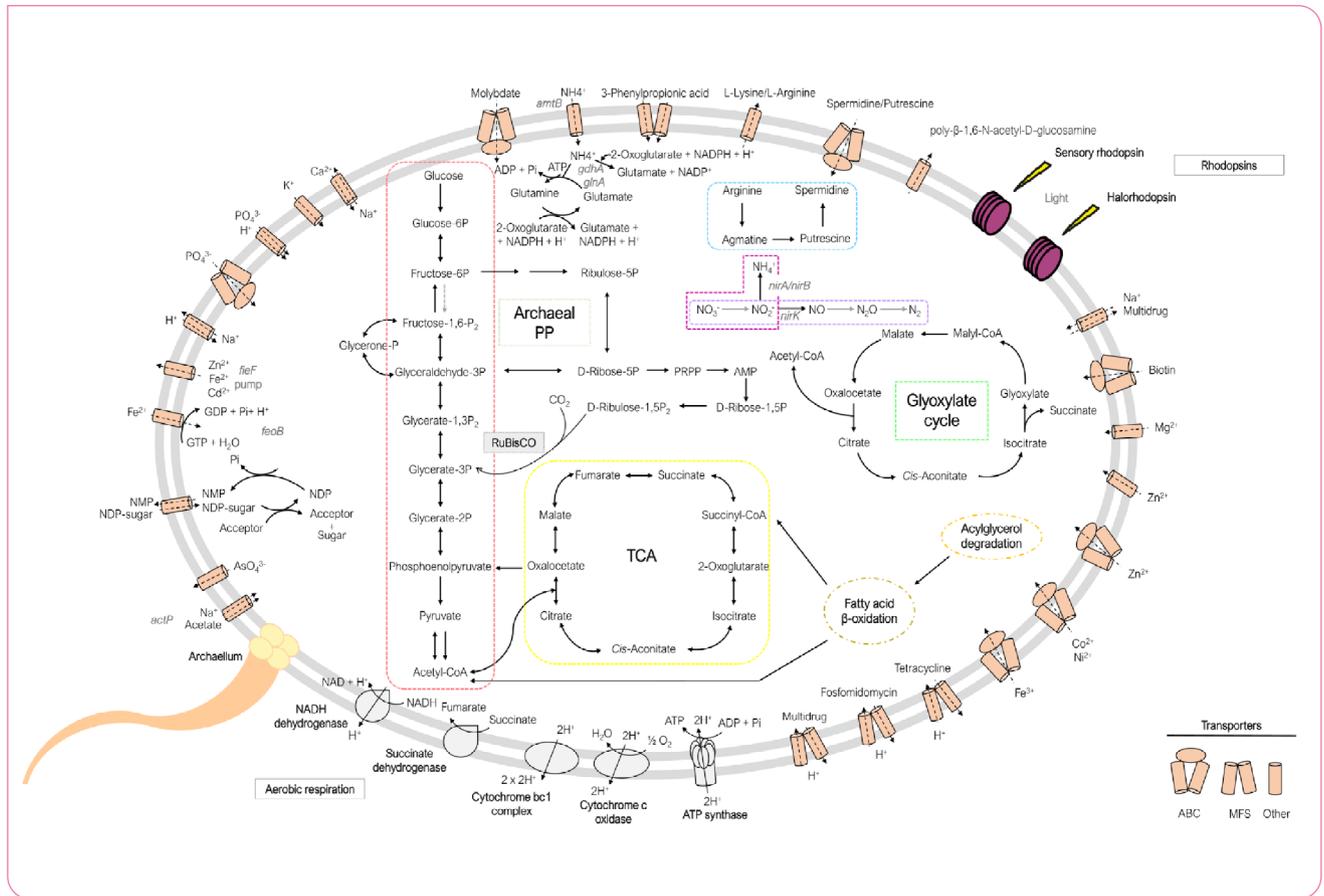


Figura 2. Reconstrucción metabólica de *Halorutilus salinus* sp. nov.

tribución global de este nuevo grupo en ambientes hipersalinos de distintas partes del mundo, así como, su abundancia significativa en ecosistemas con salinidades intermedias y altas. Por otro lado, esta cepa presenta un genoma de tipo *streamlined*, con un tamaño muy reducido, de tan solo 2,1 Mb, lo que probablemente contribuya a su éxito ecológico en la naturaleza y a la dificultad de su cultivo. La reconstrucción metabólica resultante del análisis genómico detallado de *Halorutilus salinus* indica que este nuevo género de haloarqueas presenta un estilo de vida aerobio y fotoheterótrofo, con un comportamiento

de tipo *salt-in*. Asimismo, se ha identificado el conjunto de genes codificante de la ruta de degradación de los nucleótidos monofosfato mediante la enzima RuBisCO de arqueas, siendo uno de los primeros ejemplos de arqueas halófilas en los que se ha demostrado la presencia de esta enzima. El descubrimiento de este nuevo microorganismo que constituye un nuevo orden, familia, género y especie dentro de la clase *Halobacteria* y del filo *Euryarchaeota* supone un gran avance en la denominada “materia oscura microbiana”, expandiendo significativamente el conocimiento que se tiene de este grupo de arqueas hasta la

fecha. Asimismo, este estudio aporta nuevas perspectivas en el conocimiento de la fisiología de los miembros de la clase *Halobacteria*, así como de su papel ecológico y su capacidad de adaptación a los ambientes hipersalinos.