

Actualización taxonómica de la familia *Enterobacteriaceae* y su impacto en estudios moleculares

Carolina Reséndiz-Nava*, Gerardo Nava-Morales.

Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro, Cerro de las Campanas S/N, Colonia Las Campanas, Querétaro, México.

*carolina.resendiz.90@gmail.com

Palabras clave: *Enterobacteriaceae*, 16S rRNA, taxonomía.

Introducción

Enterobacteriaceae es una de las familias más ampliamente distribuidas en el intestino de mamíferos y ambientes relacionados con la producción animal¹. Su abundancia se ha asociado a diversos procesos fisiopatológicos en tejidos humanos, animales y vegetales¹⁻³. Debido a la relevancia biológica de este grupo bacteriano, en este trabajo se revisó y analizó la clasificación de esta familia bacteriana. En el 2016, esta familia sufrió una reestructuración significativa que en muchos estudios de microbiología molecular no ha sido reconocida⁴. El objetivo del presente estudio fue examinar y restablecer la clasificación de la base de datos del Ribosomal Database Project (RDP)⁵, uno de los principales sistemas de clasificación utilizado en estudios de diversidad de poblaciones.

Metodología

Se construyó una base de datos de secuencias de referencia del gen 16S rRNA de miembros de la familia *Enterobacteriaceae*; esta colección contiene ~21,300 secuencias del gen 16S rRNA completo (~1,500 pb) obtenidas de aislamientos de referencia y depositados en RDP, y secuencias de referencia depositadas en la base de datos SILVA⁶. Esta colección de secuencias fue agrupada con un porcentaje de identidad del 100% utilizando el programa CD-HIT⁷. Se obtuvieron un total de 2,481 secuencias representativas (100% identidad), las cuales fueron clasificadas a nivel de familia y género, empleando la herramienta de clasificación de SILVA. Estas anotaciones se utilizaron para estimar el porcentaje de secuencias que anteriormente pertenecían a la familia *Enterobacteriaceae*.

Resultados y discusión

Las base de datos de secuencias clasificadas (antes del 2016) como miembros de la familia *Enterobacteriaceae* (~21,300 secuencias del gen 16S rRNA) (Fig. 1A) se integraron a siete nuevas familias (Fig. 1B). Estos resultados sugieren que los estudios de microbiología molecular deben revisar cuidadosamente la anotación taxonómica utilizada en los diferentes programas bioinformáticos, como RDP. Esta reclasificación tendrá un impacto significativo en los resultados e interpretación de la diversidad y abundancia bacteriana. Además, muchos de los géneros considerados patógenos para mamíferos^{1,2} y plantas⁸ han sido reclasificados en nuevas familias como *Pectobacteriaceae*, *Hafniaceae*, *Morganellaceae*, *Erwiniaceae*, *Yersiniaceae*, *Budviciaceae* y *Orbaceae*.

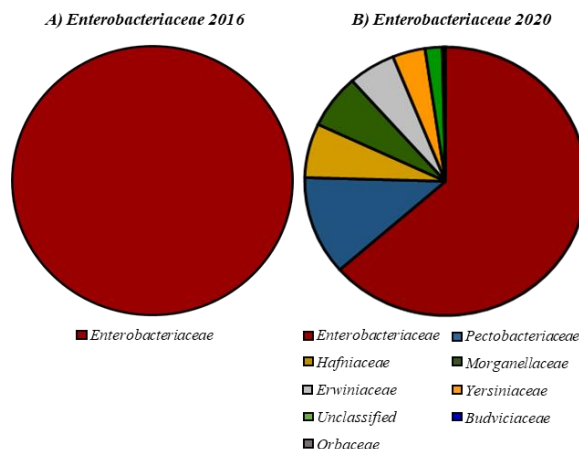


Figura 1. Secuencias clasificadas como *Enterobacteriaceae* en 2016 (A) y reintegración taxonómica actual (B).

Conclusiones

El presente trabajo muestra la reintegración taxonómica de miembros de la familia *Enterobacteriaceae* en las familias *Pectobacteriaceae*, *Hafniaceae*, *Morganellaceae*, *Erwiniaceae*, *Yersiniaceae*, *Budviciaceae* y *Orbaceae*. Se sugiere la revisión previa de las bases de datos de secuencias del gen 16S rRNA, para clasificar estos grupos bacterianos en estudios moleculares.

Referencias

- Schierack, P.; Walk, N.; Reiter, K.; et al. *Microbiology*. **2007**, 153, 3830-3837.
- Subramanya, S.H.; Bairy, I.; Nayak, N.; et al. *PLoS One*. **2020**, 15, e0227725.
- Telias, A.; White, J.R.; Pahl, D.M.; et al. *BMC Microbiol*. **2011**, 11, 81.
- Adeolu, M.; Alnajjar, S.; Naushad, S.; et al. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol*. **2016**, 66, 5575-5599.
- Cole, J.R.; Wang, Q.; Fish, J.A.; et al. *Nucleic. Acids. Res*. **2014**, 42, D633-642.
- Quast, C.; Pruesse, E.; Yilmaz, P.; et al. *Nucleic. Acids. Res*. **2013**, 41, D590-D596.
- Huang, Y.; Niu, B.; Gao, Y.; et al. *Bioinformatics*. **2010**, 26, 680-682.
- Niemi, O.; Laine, P.; Koskinen, P.; et al. *Stand. Genomic. Sci*. **2017**, 12, 87.