

Evolución genómica de morfotipos espontáneos en colonias de *Bacillus cereus*.

L. Díaz-Martínez¹, M. L. Antequera-Gómez¹, A. de Vicente², D. Romero^{1,2}

¹*Departamento de Microbiología. Centro de Supercomputación y Bioinnovación. Universidad de Málaga. Calle Severo Ochoa 34 (PTA), 29590. Málaga. España;* ²*IHSM-UMA-CSIC. Departamento de Microbiología. Facultad de Ciencias. Bulevar Louis Pasteur s/n. Campus de Teatinos. 29071. Málaga. España.*

E-mail: luisdiaz@uma.es

Bacillus cereus es una bacteria patógena de humanos capaz de transmitirse a partir de la ingesta de alimentos contaminados causando importantes brotes de intoxicación alimentaria. La persistencia a través de la generación de biofilm y colonización de esta bacteria en frutos y vegetales supone un grave problema en la industria médica y alimentaria. Estudios previos sobre modelos como *Pseudomonas sp.* o *Bacillus subtilis* revelan que, durante la evolución en entornos estructurados como estos biofilms, las poblaciones isogénicas tienden a diversificarse en variantes fenotípicas genéticamente distintas (morfotipos). Estas variantes pueden adquirir y desarrollar nuevos tipos de interacciones que influyen en gran medida en la interacción con el resto de la población.

Estudios previos en nuestro laboratorio han confirmado la aparición de mutantes espontáneos en las fracciones más externas de colonias de la cepa emética de *B. cereus* crecida en medio de movilidad swarming de forma recurrente. Este mutante da lugar a una colonia con morfología totalmente diferente y mayor capacidad de movilidad, originando un “punto de fuga” del biofilm. Estos morfotipos también fueron hallados *in vivo* en la superficie de hojas de melón en inoculaciones realizadas en el laboratorio.

La aparición de este tipo de mutantes ha estado asociada tradicionalmente al hecho de que la diversificación evolutiva tiende a mejorar la productividad de los biofilms, ya que las variantes recién surgidas se especializan en ocupar diferentes nichos, reduciendo así la competencia. Pero la historia evolutiva a nivel genético de estos morfotipos aun presenta grandes lagunas de conocimiento.

Para profundizar en esta cuestión hemos desarrollado un flujo de trabajo llamado BacRiavity con el que se analizaron SNPs, recombinaciones, variantes estructurales, InDels y reorganizaciones genómicas de los diferentes morfotipos encontrados en placa y en plantas a partir de secuenciación masiva del genoma de diferentes morfotipos de colonias. Los resultados mostraron patrones comunes de mutaciones y cambios genómicos asociados a elementos de la matriz en todas las muestras analizadas.