



Departamento de Microbiología
Facultad de Biología
Universidad de Barcelona

Caracterización del lipopolisacárido de *Aeromonas* mesófilas

Memoria presentada por Natalia Jiménez Blasco
para optar al grado de Doctora por la Universidad de Barcelona

Programa de Doctorado
Microbiología Ambiental y Biotecnología
Bienio: 2003-2005

VºBº del director

VºBº de la codirectora

La doctoranda

Dr. Juan Tomás Magaña

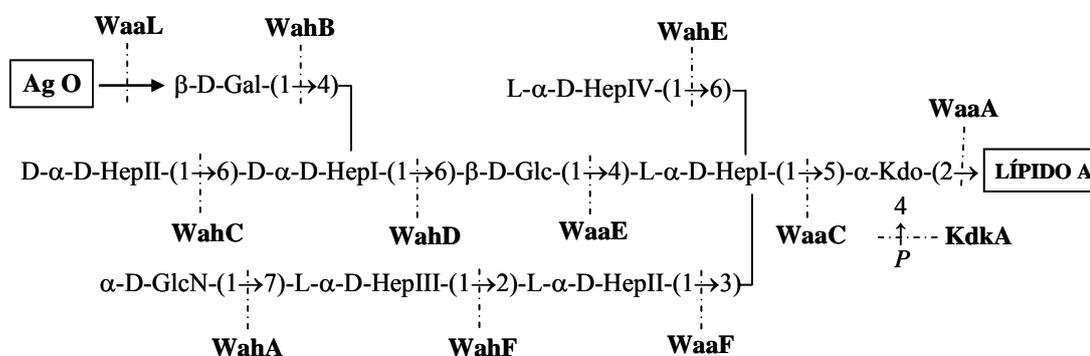
Dra. Susana Merino Montero

Natalia Jiménez Blasco

Barcelona, mayo 2008

6. CONCLUSIONES

- 1.- *Aeromonas hydrophila* AH-3 presenta los genes implicados en la biosíntesis del núcleo del LPS agrupados en tres regiones *wa* distintas de su cromosoma.
- 2.- La región 2 *wa* y la región 3 *wa*, están constituidas por 4 y 2 genes, respectivamente, que codifican las enzimas implicadas en la biosíntesis del núcleo interno. La región 1 *wa* contiene 7 genes que codifican la epimerasa HldD, la ligasa del antígeno O WaaL y las transferasas responsables de la biosíntesis del núcleo externo y de la modificación de la L,D-HepI con la L,D-HepIV en el núcleo interno. Todos los genes de las tres regiones han sido asignados a la estructura química según el siguiente esquema:



- 3.- La mutación en el gen *waaA*, que codifica la Kdo transferasa, o en el gen *kdkA*, que codifica la Kdo kinasa, provoca un fenotipo letal en *A. hydrophila* AH-3.
- 4.- El gen *wahA* codifica una enzima bifuncional encargada de la incorporación del residuo de glucosamina en el núcleo del LPS a partir de la transferencia de un residuo de *N*-acetilglucosamina y su posterior desacetilación.
- 5.- Existe una elevada conservación de los genes del núcleo externo y del gen *wahE*, que modifica a la HepI, entre diferentes serotipos de *Aeromonas* mesófilas.
- 6.- La agrupación génica *wb* de *A. hydrophila* AH-3, responsable de la biosíntesis del antígeno O:34, consta de 17 genes entre los cuales se localizan genes para la biosíntesis de los monosacáridos activados GDP-manosa y dTDP-6-desoxi-L-talosa y para la transferencia de los mismos; para la modificación de la estructura con acetilaciones; para el inicio de la síntesis de las subunidades, su transporte y su polimerización mediante un sistema Wzy-dependiente; y para la determinación de la longitud de la cadena (*wzz*).

7.- La región promotora del gen *wzz*, localizada del nucleótido -484 al -319 de su inicio de traducción, presenta una regulación por temperatura, de manera que el nivel de transcripción/expresión es menor a 37°C que a 20°C, hecho que, junto con su papel regulador de la distribución de las subunidades del antígeno O:34, ofrece una explicación a la diferente producción del LPS que presenta la cepa AH-3 a ambas temperaturas. Estas diferencias no se observan en la cepa PPD134/91 (O:18), en la cual no se halla la región del promotor identificado en la cepa AH-3.

8.- El gen *rmlD* para la biosíntesis del precursor activado de la ramnosa, monosacárido no presente en la estructura química del antígeno O:34, se halla desplazado al extremo 3' de la agrupación *wb*_{O:34}, separado de los genes necesarios para la biosíntesis del precursor de la talosa, reafirmando la teoría modular en la biosíntesis de lipopolisacáridos en bacterias.