

publisher Universidad del Rosario

type info:eu-repo/semantics/publishedVersion

type info:eu-repo/semantics/article

title Construction of a molecular phylogeny for klebsiella and Raoultella SP based on rRNA 16S and RNA polimerase subunit genes

title Construcción de una filogenia molecular para las especies de los géneros Klebsiella y Raoultella basada en los genes ARNr 16S y ARN polimerasa subunidad

subject Klebsiella; Raoultella; filogenia; taxonomía

subject Klebsiella; Raoultella; phylogeny; taxonomy

source Revista Ciencias de la Salud; Vol. 7, núm. 2 (2009)

source Revista Ciencias de la Salud; Vol. 7, núm. 2 (2009)

source 1692-7273

source 2145-4507

source Revista Ciencias de la Salud; Vol. 7, núm. 2 (2009)

rights info:eu-repo/semantics/openAccess

rights <http://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0>

relation <http://revistas.urosario.edu.co/index.php/revsalud/article/view/271/221>

language spa

format application/pdf

description The bacteria belonging to Raoultella and Klebsiella genera are opportunistic pathogens for which there is no consensus about a unique internationally taxonomic system. In this study, we suggest a molecular phylogeny based on 16S (rDNA 16S) ribosomal gene and the beta subunit RNA polymerase (rpoB) encoding gene of Klebsiella and Raoultella in order to set up evolutionary relationships among these genera. Results showed a cluster with similar biochemical and taxonomy characteristics in agreement to Genbank description, and a tree bifurcation which confirms the Klebsiella and Raoultella genera separation. Moreover, we verified the polyphyletic character of *K. aerogenes* by rDNA 16S and particularly the clustering for both *R. terrigena* and *K. oxytoca* based on rpoB gene. The evolutionary

relationships recognition was obtained by comparison among the corresponding trees for both genes unraveling significant changes at taxonomic level and stressing the importance of multilocus analysis approach. These studies are useful for tracking the microbial genotype stability over time and space scale; as well as on improving taxonomic annotations (taxa descriptions and genetic subdivisions) and evaluation of genetic diversity interms of virulence and drug resistance.

description Las bacterias de los géneros Raoultella y Klebsiella son patógenos oportunistas para las cuales no existe un sistema uniforme de clasificación taxonómica internacional. En el presente estudio se propone una filogenia molecular basada en el gen ribosomal 16S (ADNr 16S) y el gen codificante de la subunidad de la ARN polimerasa (rpoB) de los géneros Klebsiella y Raoultella con el fin de establecer relaciones evolutivas entre dichos géneros. Los resultados evidencian una agrupación acorde con la taxonomía y las propiedades bioquímicas características, reportadas en el Genbank. Se estableció una bifurcación en los árboles, lo cual confirma la separación de los géneros Klebsiella y Raoultella. Adicionalmente, se confirmó el carácter polifilético de K. aerogenes por el gen ADNr 16S y la agrupación de R. terrigena y K. oxytoca de acuerdo con el gen rpoB. La comparación entre los árboles obtenidos permitió determinar relaciones evolutivas entre las especies, a partir de los genes evaluados, lo cual refleja cambios aparentes a nivel taxonómico y corrobora la importancia del análisis a nivel de multilocus. Este tipo de estudios permite monitorear la estabilidad de los genotipos microbianos sobre la escala temporal y espacial, mejorar la precisión de las anotaciones taxonómicas (mejor descripción de taxones o subdivisiones genéticas) y evaluar la diversidad genética y adaptabilidad en términos de virulencia o resistencia a drogas.

identifier.uri <http://hdl.handle.net/10336/7408>

identifier <http://revistas.urosario.edu.co/index.php/revsalud/article/view/271>

date.available 2014-07-09T15:55:59Z

date.accessioned 2014-07-09T15:55:59Z

date 2010-03-16

creator Salazar, Luz Mary

creator Gutiérrez, Andrés Julián

creator Arenas, Nelson Enrique

creator Polanco, Juan Carlos

creator Gómez, Arley