C:\Users\EQUIPO\Desktop\cabeceira.tif

**Oferta Trabajo Fin de Master (TFM):**

Tutor/es: Manuel Vera Rodríguez / Javier Dubert Pérez

e-mail tutor/es: [manuel.vera@usc.es](mailto:manuel.vera@usc.es) / [javier.dubert@usc.es](mailto:javier.dubert@usc.es)

Centro/Institución/Empresa: Universidade de Santiago de Compostela

Título: Estudio del pan-genoma del patógeno emergente de acuicultura *Vibrio europaeus*

*Vibrio europaeus* ha adquirido una especial relevancia en acuicultura ya que ha sido asociada de manera recurrente con elevadas mortalidades de bivalvos detectadas en los principales países productores como España, Francia o Chile. Esta especie bacteriana infecta a los bivalvos durante sus primeras fases de desarrollo (larva, semilla y juvenil), provocando la pérdida de lotes enteros de producción en períodos cortos de tiempo. De hecho, *V. europaeus* está descrito como patógeno para distintas especies de ostras, almejas, coquina o volandeira en estadio larvario, y también bivalvos en fases de desarrollo más avanzado como es el caso de la almeja japonesa o ostra rizada, especies incluidas entre las 10 más importantes a nivel mundial producidas mediante acuicultura.

Nuestra colección de *V. europaeus* incluye 49 cepas aisladas en un amplio periodo temporal (2001-2018), a partir de diferentes brotes detectados en España, Francia y Chile. Recientemente, los genomas de estos aislados han sido secuenciados por NGS (Illumina), y algunos aislados representativos además por tercera generación (PacBio).

El objetivo del presente trabajo es definir el pan-genoma de esta especie mediante genómica comparada, estudiar su evolución, su diversidad intraespecífica y determinar diferentes características relacionadas con la virulencia o metabolismo global. Este conocimiento será esencial para futuros estudios de biología funcional (mutagénesis) o aplicada (diagnosis y prevención).

proyecto propuesto por el IP ha sido financiado por la agrupación estratégica

BioRedes con el objetivo de descifrar el pan-genoma de V. europaeus

Nuestro grupo de investigación ha recolectado durante los últimos años 49 cepas aisladas de diferentes brotes detectados en España (años 2001, 2008, 2011, 2012, 2018), Francia (años 2004, 2007, 2014 y 2016) y Chile (año 2015), incluidas las 11 cepas altamente virulentas probadas previamente in vivo. Esta es la colección más grande de un patógeno larval aislado de los criaderos de bivalvos, y se puede aumentar a lo largo del tiempo "internamente" en nuestro laboratorio (muestreo de criaderos españoles) y / o debido a la estrecha colaboración con los grupos de investigación mencionados anteriormente. Curiosamente, todas las cepas recolectadas deben analizarse en ensayos de infección para evaluar si la virulencia se limita a pocas cepas o es un rasgo de la especie completa.

Actividades a desarrollar:

Análisis bioinformáticos para:

1. Ensamblaje de genomas y genomas híbridos.
2. Anotación de los genomas.
3. Caracterización del pan-genoma de *V. europaeus*.
4. Analisis filogenéticos para el studio de la evolución de la especie y su diversidad intraespecífica.
5. Identificación de SNPs.
6. Selección de marcadores genéticos específicos para la detección de *V. europaeus.*
7. Identificación *in silico* de factores de virulencia, resistoma y mobiloma.