



DIVERSIDAD METABÓLICA DE LA BACTERIA ENTOMOPATÓGENA *XENORHABDUS NEMATOPHILA*

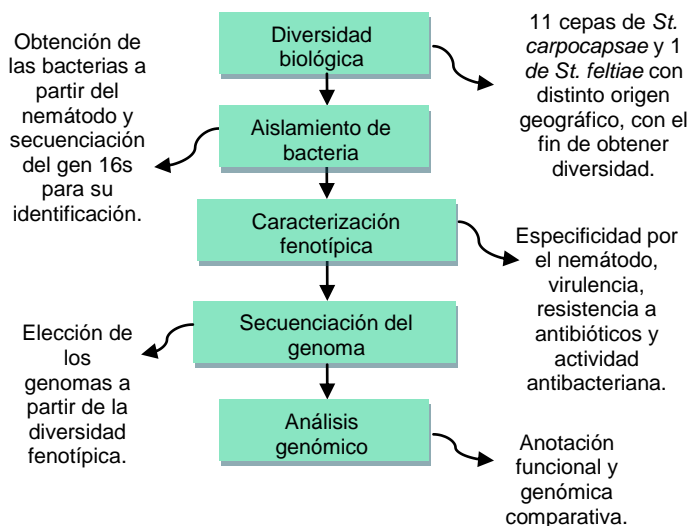
Alejandra Castañeda-González, Ricardo Gamboa-Ferrera, Hilda Ramos-Aboites, Rafael Montiel-Duarte, Francisco Barona-Gómez, Laboratorio de Evolución de la Diversidad Metabólica, Unidad de Genómica Avanzada (Langebio), Cinvestav-IPN, Irapuato, Guanajuato, CP. 36824, bio.ale.cas@gmail.com.

Palabras clave: *Xenorhabdus nematophila*, *Steinernema carpocapsae*, metabolismo secundario, genómica comparativa.

Introducción. *Xenorhabdus nematophila* es una gamma proteobacteria que mantiene una relación simbiótica con el nemátodo *Steinernema carpocapsae* durante el estadio infectivo juvenil y ambos son patógenos de larvas de insectos⁽¹⁾. El nemátodo entra al insecto y libera a la bacteria en la hemolinfa, la cual produce diversos metabolitos secundarios con actividad antifúngica, antibacteriana y citotóxica que matan al insecto y reducen la competencia microbiana⁽²⁾⁽³⁾. Los metabolitos secundarios son altamente diversos y juegan un papel importante en la interacción de *Xenorhabdus* con el nematodo e insecto y directamente con el medio. Se ha reportado que *X. nematophila* ATCC 19061 dedica el 7.5% de su genoma al metabolismo secundario, que es incluso más al reportado para el género *Streptomyces* (*S. coelicolor* 4.5%)⁽⁴⁾, lo cual indica un gran repertorio de moléculas involucradas en la interacción con el hospedero.

En este trabajo se estudiará la diversidad del metabolismo secundario en *X. nematophila* mediante genómica comparativa y cómo estos metabolitos están mediando la interacción de la bacteria con sus hospederos.

Metodología. El trabajo se estructuró de la siguiente manera:



Resultados. Hemos aislado todas las bacterias y se secuenció el gen marcador 16s. La caracterización fenotípica se ha llevado a cabo de forma constante. Por sus características fenotípicas, secuenciamos el genoma de las cepas Xn_PB, Xn_JCL027, Xn_Az20 y Xb_XCR, provenientes de Francia, Colombia, Portugal y República Checa respectivamente. Los genomas fueron anotados mediante RAST y la predicción de clusters biosintéticos se realizó en antismash. Se ha predicho gran variedad de metabolitos entre las cepas, principalmente péptidos no ribosomales, como xenocoumamicinas, xenoamicinas xenórtides y rhabdopéptidos, descritos anteriormente con actividad antibacteriana e insecticida, además, de otros que intervienen directamente en la interacción de la bacteria con el nemátodo y el insecto.

El genoma de Xb_XCR tiene un tamaño de 8.1 Mpb, inusual entre los *Xenorhabdus* (*X. bovienii* SS-2004, 4.2 Mpb). Encontramos marcadores genéticos para *X. bovienii* y *X. nematophila*, por lo que proponemos que el genoma es de ambas bacterias y están coexistiendo con el nemátodo.

La genómica comparativa de los genomas se está llevando a cabo.

Conclusiones preliminares. La genómica comparativa nos permite entender cómo *X. nematophila* se ha adaptado para interactuar con sus hospederos, a partir de la variación genómica que ha generado diversidad, por lo que esperamos encontrar diferencias metabólicas, responsables de los diversos de los fenotipos obtenidos.

Agradecimientos. A Conacyt y miembros del Laboratorio de Evolución de la Diversidad Metabólica y de Interacción Núcleo-Mitocondrial y Paleogenómica.

Bibliografía.

1. Forst S, Dowds B, Boemare N, Stackebrandt E. (1997). *Annu Rev Microbiol.* 51:47-72.
2. Bode H. (2009). *Curr Opin Chem Biol.* 13:224-230.
3. Brachmann A, Schwär G, Bode H. (2008). Photorhabdus and Xenorhabdus: potent secondary metabolite producers. *From Laboratory to Field - Key Points.* European Science Foundation. Alés, France, 3-7 June, 151-156.
4. Chaston JM, Suen G, Tucker SL, Andersen AW, Bhasin A, et al. (2011). *PLoS ONE*, 6(11).