

Caracterización genómica *in silico* de metabolitos secundarios con actividad biosurfactante y bioemulsificante de bacterias halotolerantes aisladas de cenotes de la Península de Yucatán.

Andrés Medel Sánchez Lara, Griselda Karina Guillén Navarro, Susana del Carmen de la Rosa García, Guadalupe Eugenia Zarza Franco, Verónica García-Fajardo. El Colegio de la Frontera Sur, Departamento de Ciencias de la Sustentabilidad-Biotecnología Ambiental, Tapachula, Chiapas, C.P. 30700, Laboratorio de Microbiología Aplicada, DACBioI, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, 86150. andres333medel@gmail.com.

Palabras clave: Bioemulsificante, biosurfactante, *in silico*.

Introducción. Los cenotes de la península de Yucatán presentan una composición físico-química particular, cuya diversidad microbiana ha sido poco explorada y enfocada a la búsqueda de moléculas con potencial interés biotecnológico. Los biosurfactantes (BS) y bioemulsificantes (BE) son metabolitos secundarios de naturaleza anfipática con capacidad tensioactiva¹. Los BS y BE son biosintetizados por complejos enzimáticos de tipo sintetetasas de péptidos no ribosomales (NRPSs) y policétidos sintetasas (PKSs). Los NRPS y PKS se encuentran codificados en grupos de genes biosintéticos (BGCs) dentro del genoma. Se ha demostrado que los géneros *Bacillus* y *Lysinibacillus* producen BS y BE de naturaleza lipopeptídica. Una forma de predecir la biosíntesis de estos BS y BE es *in silico*, identificando la composición y organización de los NRPSs y PKSs codificados en los BGCs dentro del genoma.

Es por ello que buscamos identificar *in silico* la organización de los NRPS y PKS en el genoma de cuatro cepas bacterianas halotolerantes con potencial BS y BE, aisladas de cenotes de la península de Yucatán.

Metodología. Se seleccionaron cuatro cepas halotolerantes aisladas de sedimento y agua de dos cenotes con bajo impacto antropogénico de la Península de Yucatán con probada actividad BS e índice de emulsificación superior al 50%²: TZA38, TZS01, XHA14 y XHA16. Se extrajo el ADN genómico de cada cepa y se secuenció con la tecnología de PacBio Sequel II. Los genomas ensamblados fueron anotados con Rast, Prokka y eggNOG³. La identidad taxonómica se determinó con Blast+ a partir del 16S ADN y genoma completo, MUMmer, y los dDDHs con el TYGS⁴. La predicción de los BGCs biosurfactantes y bioemulsificantes se realizó con antiSMASH⁵.

Resultados. Se obtuvieron secuencias de buena calidad, ensamblados de un solo contig, gran completitud y poca o nula contaminación. La cepa

TZA38 tiene un tamaño de genoma de 4.6 Mb y de 4477 a 4601 CDSs; TZS01 un tamaño de 4.25 Mb y de 4171 a 4406 CDS; XHA14 un tamaño de 4.03 Mb y de 3811 a 4016 CDS; y XHA16 4.01 Mb y de 3805 a 3993 CDS. La cepa TZA38 se definió como *Lysinibacillus fusiformis*, y las cepas TZS01, XHA14 y XHA16 como *Bacillus velezensis*. La cepa *L. fusiformis* TZA38 contiene un BGC de tipo NRPS que codifica para los BS/BE fengicina, mycosubtilina y plipastatina. Las cepas *B. velezensis* TZS01, XHA14 y XHA16 presentan BGCs de tipo NRPS y NRPS-PKS que codifican para los BS/BE surfactina, fengicina, plipastatina, bacillomycina D e iturina. Estos son los primeros genomas completos de bacterias halotolerantes con potencial BS/BE que se reportan de cenotes prístinos de la Península de Yucatán. Al menos para las cepas de *B. velezensis* el 20% de todo su genoma se compone de BGCs dedicados a metabolitos secundarios, y gran parte de ellas se ubica dentro de regiones conservadas de GC.

Conclusiones. Las cepas *L. fusiformis* TZA38 y *B. velezensis* TZS01, XHA14, y XHA16 presentan BGCs, NRPSs y PKSs de BS y BE de naturaleza lipopéptidica, con potencial uso biotecnológico en biorremediación, agricultura e industria.

Agradecimiento. Proyecto Ciencia Básica Conacyt - Sep 283643.

Bibliografía.

1. Shekhar S., Sundaramanickam A., Balasubramanian T. (2015) *Crit Rev Environ Sci Technol.* 45(14):1522–1554.
2. Maldonado D. F., De la Cruz C. N., Gómez. C. S., Álvarez V. C., Herrera C. J. L., De la Rosa G. S. 2022. *Microorganisms.* 10(1264):1–18
3. Huerta C. J., Szklarczyk D., Heller D., Hernández P. A., Forslund S. K., Cook H., Mende D. R., Letunic I., Rattei T., Jensen L. J. (2019) *Nucleic Acids Res.* 47(D1): D309–D314.
4. Meier-Kolthoff JP, Göker M. (2019) *Nat Commun.* 10(1):2182.
5. Blin K., Shaw S, Kloosterman AM, Charlop-Powers Z, Van Wezel GP, Medema MH, Weber T. (2021) *Nucleic Acids Res.* 49(W1): W29–W35.