

IDENTIFICACIÓN DE CLÚSTERES DE GENES BIOSINTÉTICOS PRODUCTORES DE LANTIPÉPTIDOS EN ACTINOBACTERIAS ENDÓFITAS MEDIANTE MINERÍA GENÓMICA

Aguilar Cabrera Andrea, Sergio Sánchez Esquivel & Carlos Adrian García Ausencio, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, 04510. andreaquilarc@ciencias.unam.mx

Palabras clave: actinobacterias, minería genómica, lantipéptidos

Introducción. Las actinobacterias son un grupo de bacterias grampositivas con un genoma lineal alto en guanina-citosina (GC) (1), que habitan de forma predilecta en los suelos, aunque pueden encontrarse también en ambientes diferentes a dicho hábitat, como en los lechos marinos, ambientes extremos y en unión con otros organismos. Cuando habitan dentro de una planta se les conoce como endófitos, y se ha visto que estas bacterias tienen un gran potencial biosintético para producir metabolitos secundarios con estructuras, actividades y aplicaciones variadas (2). Dentro de estos destacan los péptidos producidos ribosomalmente y modificados postraduccionalmente (RiPPs), una clase de metabolitos secundarios que por sus modificaciones tienen estructuras novedosas difíciles de ser producidas directamente de manera natural y que son codificados por clústeres de genes biosintéticos (BGCs) (3). Los lantipéptidos son uno de los grupos más grandes de RiPPs, y se ha descrito que presentan actividades que no se limitan a las antibióticas, sino que también se incluyen las antifúngicas, antivirales, antialodínicas y antinociceptivas (4), por lo que son ideales para la investigación biomédica de nuevos fármacos.

En este trabajo se plantea la identificación mediante minería genómica de BGCs productores de lantipéptidos en el genoma de las actinobacterias endófitas *Embleya* sp. NF3, *Streptomyces* sp. L06, *Actinoplanes* sp. TFC3, aisladas de la planta *Amphipterygium adstringens*.

Metodología. Utilizando el programa bioinformático AntiSMASH v7.0beta se realizará la identificación de BGCs productores de lantipeptidos en el genoma de los microorganismos endófitos.

Resultados. Se identificaron 47 BGCs productores de metabolitos secundarios en el genoma de *Embleya* sp. NF3, 17 en *Streptomyces* sp. L06 y 33 en *Actinoplanes* sp. TFC3; dentro de los cuales únicamente 6 producen lantipéptidos en *Embleya* sp. NF3, 1 en *Streptomyces* sp. L06 y 0 en *Actinoplanes* sp. TFC3.

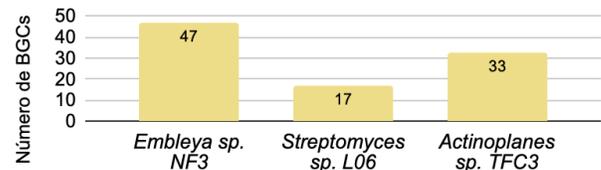


Fig. 1. Comparación entre la cantidad de BGCs identificados dentro del genoma de los endófitos.

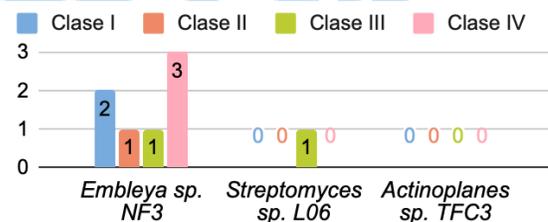


Fig. 2. Comparación entre los BGCs que codifican para lantipeptidos de distintas clases (I, II, III, IV).

La gran diversidad de BGC puede estar relacionada al tamaño de sus genomas, tal es el caso de *Embleya* sp. NF3 que presenta el genoma más grande de los tres microorganismos analizados y el mayor número de BGCs no sólo de lantipeptidos, sino también de otro tipo de RiPPs. Se plantea seguir explorando la producción de estos clústeres mediante herramientas de clonación heteróloga.

Conclusiones. Se identificaron una mayor cantidad de BGCs productores de lantipeptidos en el genoma de *Embleya* sp. NF3.

Agradecimiento. Agradezco a DGAPA- PAPIIT, UNAM IN205922 por el financiamiento otorgado al proyecto.

Bibliografía.

1. Barka EA, et al. (2016). *Microbiol Mol Biol Rev.* 80(4): 3.
2. Jose PA, Maharshi A, & Jha B. (2021) *Microbiol Res.* 246: 126708.
3. Arnison PG, et al. (2013) *Nat prod rep.* 30(1): 108–160.
4. Repka LM, Chekan JR, Nair SK, & van der Donk WA. (2017) *Chem Rev.* 117(8): 5457–5520.