

POTENCIAL FUNCIONAL Y GENOMICO EN ACTINOBACTERIAS DE ECOSISTEMAS TROPICALES

M. Vargas Flórez², Luz Nelly Diaz-Puentes¹, Valeria Gómez^{1,3}, Christian Romero¹, Nickole Villabona¹, Jeisson Triana¹, Maritsa Cruz¹, Maryam Chaib De Mares^{1,4}, Patricia Del Portillo¹, María Mercedes Zambrano¹

¹ Corporación CorpoGen, Bogotá, Colombia

² Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia

³ Universidad Libre, Bogotá, Colombia

⁴ Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia

valeria991230@gmail.com

Resumen:

Los microorganismos de ecosistemas tropicales como los páramos en Colombia pueden ser novedosos por sus adaptaciones y funciones. Las Actinobacterias son fuente importante de metabolitos secundarios con posible novedad genómica y funcional. Este estudio analizó actinobacterias aisladas de ecosistemas de páramo con el objetivo de comprender su potencial funcional y diversidad genómica. Analizamos la actividad antimicrobiana de 20 Actinobacterias aisladas de líquenes y suelos de páramo contra *Escherichia coli*. Aquellas con actividad anti *E. coli* se probaron contra *Saccharomyces cerevisiae*, *Candida albicans* y un panel de bacterias patógenas clínicas. Seis de las cepas mostraron amplia diferencia en sus actividades dependiendo del medio de crecimiento. Algunas cepas también produjeron proteasas y celulasas. La identidad taxonómica se confirmó por secuenciación del gen rRNA 16s, así: ocho cepas corresponden a *Streptomyces* sp., tres a *Micrococcus*, dos a *Arthrobacter* sp., dos a *Rhodococcus* sp., dos a *Subtercola* sp., una a *Amycolatopsis* sp., una a *Nocardia* sp. y una a *Nocardiosis* sp.. Siete genomas se secuenciaron utilizando Nanopore y de estos, cinco fueron paralelamente secuenciados con la plataforma de Illumina. El ensamblaje de los genomas correspondieron a *Streptomyces* sp., *Amycolatopsis vastitatis*, *Rhodococcus qingshengii*, *Streptomyces prunicolor*, *Subtercola boreus* y dos genomas como *Arthrobacter gandavensis*. El ensamblaje muestra variabilidad en la calidad y cobertura de las secuencias. Usamos antiSMASH para buscar clusters biosintéticos en algunos de los genomas más completos. Resultados preliminares muestran que los clusters de genes más prometedores incluyen rutas para la síntesis de bacteriocinas, policétido sintasas tipo III, sideróforos, y terpenos. Tres de éstas cepas secuenciadas mostraron actividad antimicrobiana. Los resultados indican que estos microorganismos de páramo esconden un potencial farmacológico importante que debe ser explorado más a fondo para identificar las moléculas y genes involucrados en las actividades detectadas. El proyecto fue financiado por MinCiencias (contrato No. 004-2020).