

Exploración genómica y optimización de microcultivos para la selección temprana de *Streptomyces* marinas con actividad antibacteriana contra el patógeno de peces *Edwardsiella anguillarum*

Panel

MICROBIOLOGÍA

Eduardo Martínez-Matus ^{1, 2, 3, 4,} Eduardo Sánchez-Carvajal ^{1, 2,}
César Ortega-Santana ^{5,} Ruben Avendaño-Herrera ^{3, 4, 6,} Beatriz Cámara ^{1, 2,}

(1) Universidad Técnica Federico Santa María, Departamento de Química, Centro de Biotecnología “Daniel Alkalay Lowitt”, Avenida España 1680, 2390136, Valparaíso, Chile.

(2) 2Millennium Nucleus Bioproducts, Genomics and Environmental Microbiology (BioGEM), Avenida España 1680, 2390123, Valparaíso, Chile.

(3) Universidad Andrés Bello, Facultad de Ciencias de la Vida, Laboratorio de Patología de Organismos Acuáticos y Biotecnología Acuícola, Viña del Mar, Chile.

(4) Universidad Andrés Bello, Centro Interdisciplinario para la Investigación en Acuicultura (INCAR), Viña del Mar, Chile.

(5) Universidad Autónoma del Estado de México, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Salud Animal, Toluca, México.

(6) Universidad Andrés Bello, Centro de Investigación Marina Quintay (CIMARQ), Quintay, Chile.

emartinezm@usm.cl

El uso de antibióticos en la acuicultura podría favorecer la selección de patógenos resistentes, reduciendo la eficacia del tratamiento y haciendo necesario desarrollar estrategias terapéuticas alternativas. En este contexto, las bacterias del género *Streptomyces* representan una valiosa fuente de metabolitos secundarios, en su mayoría aún no caracterizados. Sin embargo, los métodos convencionales de prospección presentan limitaciones en tiempo, volumen y redescubrimiento de compuestos conocidos. En este estudio, combinamos la exploración genómica con un sistema de microcultivos para la selección temprana de aislados de *Streptomyces* marinas con actividad antibacteriana contra *Edwardsiella anguillarum*, un patógeno emergente a nivel mundial que afecta a tilapia.

Primero, se analizó la diversidad biosintética de 30 genomas previamente aislados en las costas de Chile, construyendo una red de similitud de grupos de genes de biosíntesis (BGCs). Se identificaron seis aislados con BGCs homólogos (>40 % de similitud) a los asociados con la biosíntesis de tetraciclinas. Posteriormente, se optimizó un sistema de microcultivo en placas de 24 pocillos, evaluando ocho medios de cultivo y tres tiempos de incubación a 30 °C y 250 rpm. Los sobrenadantes fueron extraídos con acetato de etilo y la actividad antibacteriana se evaluó mediante microdilución en caldo Muller-Hinton. De los 192 extractos, seis presentaron actividad contra *E. anguillarum*. Destacando los extractos E41 (*Streptomyces* sp. IpFD-1.1, 53 % $\pm$ 2.12 de inhibición), F62 (*Streptomyces* sp. CHC16, 45 % $\pm$ 0.70), y C16 (*Streptomyces* sp. VB1, 43 % $\pm$ 7.31). Estos resultados validan la integración de herramientas genómicas y microcultivos como estrategia para identificar *Streptomyces* productoras de compuestos antibacterianos con potencial aplicación en animales.

Palabras Clave

(1) Compuesto antimicrobiano, (2) Productos naturales, (3) Metabolitos secundarios, (4) Acuicultura.

Financiamiento:

Agradecemos el apoyo financiero de la Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID), Chile a través de los proyectos ANID-Fondecyt-Regular-1221264, ANID-Milenio-NCN2023_054, FONDAP-ANID 1523A0007 y ANID BECAS/DOCTORADO NACIONAL 21232432.