

Perfil genómico de bacterias endófitas de hojas de lechuga, potencial patógeno de importancia en salud pública.

Vivian Boyacá-Vásquez¹, Javier Vanegas Guerrero²

¹MSc., Universidad Antonio Nariño, Facultad de Ciencias. ²Ph.D., Universidad Antonio Nariño, Facultad de Ciencias.

E-mail: vjboyacav@unal.edu.co, javanegas100@uan.edu.co

La lechuga es una hortaliza con alto índice de consumo y producción en Colombia. Siendo Cundinamarca el departamento más importante en área cosechada (2856 ha) y rendimiento agrícola (211 t). Lamentablemente, la lechuga de la Sabana de Bogotá es frecuentemente regada con aguas residuales que aportan microorganismos asociados a patologías humanas como *Escherichia coli*, *Proteus vulgaris*, *Enterobacter cloacae* y *Serratia marcescens*. Igualmente, aguas del río Bogotá presentan concentraciones elevadas de coliformes fecales lo cual refleja altos niveles de contaminación en agua de riego para la agricultura. El potencial patógeno de estos microorganismos se asocia a la presencia de diversos factores de virulencia como quimiotaxis, colonización, enzimas degradadoras, toxinas, entre otros. Sin embargo, el entendimiento del proceso por parte de las bacterias para interiorizar la planta y establecerse en partes de ésta como lo son las hojas, que finalmente son consumidas y que ocasionan enfermedad, es limitado. Por lo cual se plantea caracterizar el perfil genómico de bacterias endófitas aisladas de hojas de lechuga con potencial patógeno. Tres puntos de muestreo en la Sabana de Bogotá fueron seleccionados, se recolectaron muestras integrales de cada punto de plantas lechuga a tiempo de cosecha, las cuales fueron regadas con agua no tratada proveniente del Río Bogotá. Previo desinfección de las hojas, se maceró y se realizó siembra en medio de enriquecimiento y posterior se realizó siembra en medio sólido selectivo para enterobacterias, las bacterias fueron aisladas y purificadas. Se realizó extracción de ADN genómico bacteriano, secuenciación masiva utilizando *HiSeq 4000 (Illumina)*, ensamblaje y anotación. Ocho bacterias fueron caracterizadas a nivel genómico, identificadas principalmente en el grupo de las Enterobacterias, sus categorías funcionales más importantes fueron metabolismo y respuesta a estrés, defensa y virulencia. Los factores de virulencia detectados incluyen genes asociados a quimiotaxis, movilidad, sistemas de secreción, genes de resistencia a antibióticos, enzimas como hemolisinas, bacteriocinas y toxinas. Además de estos factores de virulencia también fueron caracterizados mecanismos de estrés, colonización y competencia que permitirían al microorganismo colonizar y establecerse en la rizosfera e interiorizar el tejido vegetal. La diversidad taxonómica de patógenos humanos sigue en crecimiento, nuevas cepas, nuevos genes, retos para el análisis a nivel bioinformático. Este estudio no solo amplía la lista de bacterias patógenas y su respectiva secuenciación, sino también el conocimiento y la interpretación de los diversos factores de virulencia que les permiten adaptarse y proliferar. El perfil genómico infiere los principales factores de de virulencia involucrados en su patogenicidad y cómo podría utilizar otros factores como estrategia de interacción en los diferentes ambientes en los que se puede encontrar al igual que con la planta. La importancia de este tipo de bacterias en salud pública esta en aumento y nuestro estudio aporta a los limitados reportes en suelos agrícolas y en el ambiente endofítico de alimentos expuestos como la lechuga, así como a la necesidad de prevención y control, conocimiento de puntos diana de tratamiento y al mejoramiento de técnicas agrícolas que ponen en riesgo la salud.