

(Formerly MENDELIANA)



September 2020
Volumen XXXI
No. 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6322

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**



Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina

XLVIII

Congreso Argentino de Genética



Modalidad virtual

24 al 26 de septiembre de 2020



SAG

**Sociedad
Argentina
de Genética**

50° ANIVERSARIO

1969-2019

PRIMER GENOMA SECUENCIADO DE UNA CEPA ARGENTINA DE *Streptococcus agalactiae* AISLADA DE UN BOVINO CON MASTITIS

Cadona J. S.¹, L.B. Hernandez¹, J.R. Lorenzo Lopez¹, A.V. Bustamante¹, A.M. Sanso¹. ¹CIVETAN, FCV, UNCPBA, Tandil, Argentina.
jcadona@vet.unicen.edu.ar

Streptococcus agalactiae es un importante patógeno causante de mastitis clínica y subclínica en bovinos, lo cual impacta en la salud animal y en la producción láctea. Es también un patógeno humano que causa infecciones graves, principalmente en neonatos, ancianos e inmunosuprimidos. En el marco de un proyecto que comprende el análisis genómico comparativo de cepas de *S. agalactiae* y con el objetivo de identificar regiones genómicas que podrían ser marcadores predictivos de virulencia, se secuenció el genoma completo de una cepa argentina de *S. agalactiae* aislada de un bovino con mastitis. La secuenciación del genoma se realizó mediante la plataforma MiSeq (Illumina). A partir de los datos obtenidos se determinó el secuenciotipo (ST) mediante *Multi locus sequence typing* (MLST). Se halló un nuevo alelo en el locus *sdhA* identificado como *sdhA-153* por la base de datos PubMLST. Consecuentemente, el aislamiento presentó un ST también novedoso, ST-1640. Los datos de secuenciación se cargaron en la plataforma web Galaxy. Las *reads* fueron ensambladas *de novo* usando SPAdes. Como resultado, el genoma se ensambló en 150 *contigs* con un valor N50 de 39.265 pb y una longitud máxima de *contig* de 104.508 pb. El genoma presentó una longitud aproximada de 2,3 Mb con un contenido de G+C de 35,61%. Se utilizó Prokka para la anotación del genoma y se predijeron 2.312 genes que codifican proteínas. Estos resultados constituyen los primeros datos genómicos de una cepa argentina de *S. agalactiae* de origen bovino, e informan de la circulación de un clon exclusivo de Argentina.

GENÓMICA COMPARATIVA INTRAESPECIE EN BACTERIAS: REVELANDO EL METABOLOMA SECUNDARIO DE *Streptomyces albus*, LA ESPECIE TIPO DEL GÉNERO *Streptomyces*

Dietrich J.¹, F. Schwab¹, M.S. Vela Gurovic¹. ¹CERZOS UNS-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina.
juliandietrich97@hotmail.com.ar

Streptomyces es un género ubicuo y tradicionalmente conocido por su gran capacidad en la producción de antibióticos y otras moléculas bioactivas, típicamente asociadas al metabolismo secundario. El desarrollo de nuevas herramientas bioinformáticas ha hecho posible la bioprospección de metabolitos secundarios a nivel genómico, lo que evita el re-aislamiento de metabolitos conocidos y permite conocer el potencial metabólico de una cepa. Recientemente, nuestro grupo ha reportado el primer genoma completo de *S. albus*, lo que facilitó la realización de un estudio genómico comparativo intraespecie. Se realizaron alineamientos de 9 genomas de *S. albus* disponibles en GenBank con MAUVE (v20150226). Para predecir *clusters* genómicos de biosíntesis de metabolitos secundarios (CGBs) se utilizó ANTISMASH (v. 5.1.2). El metaboloma secundario central incluyó los metabolitos ectoína, geosmina, desferrioxamina E, hopeno y pseudouridimicina, junto con otros metabolitos que presentarían similitud estructural con sapB, isorenierateno e ibomicina. Adicionalmente se detectaron dos *clusters* no asociados a ningún CGB conocido que codificarían proteínas asociadas a la síntesis de dos terpenos y un ciclodepsipéptido. Los resultados sobre el metaboloma auxiliar y único de cada cepa revelaron que la mayoría de los *clusters* de la especie *S. albus*, la cepa tipo del género *Streptomyces*, son huérfanos, es decir, aún no tienen asignado un metabolito. Así, este estudio refleja que la diversidad metabólica de algunas especies extensamente estudiadas aún permanece oculta.