



Coloquio internacional entre grupos de
investigación microbiológica y bioquímica

Diversidad procariota y de genes marcadores asociados a la degradación de hidrocarburos y resistencia a antibióticos en sedimentos marinos de la costa de Baja California

Hortencia Silva Jiménez 

Área de Ciencias Ambientales y del Agua, Instituto
de Investigaciones Oceanológicas, Universidad
Autónoma de Baja California, Ensenada, Baja
California, México. Correo del presentador:
silvah@uabc.edu.mx

Doi: <http://doi.org/10.5281/zenodo.7749994>

Fecha de publicación: 4 de marzo de 2023

Editado y revisado por: Abdelai Daddaoua (Pharmacy School, Granada University, Granada, Spain); Jesús Muñoz-Rojas (Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México).

CIMB11



Ponencia

Resumen

La diversidad procariota y la presencia de genes marcadores funcionales pueden utilizarse como indicadores de la salud de los ecosistemas y de la exposición de los microorganismos a diversos tipos de contaminantes, respectivamente. La costa de Baja California (CBC) es una zona con una alta actividad antropogénica donde se pueden introducir diferentes contaminantes como hidrocarburos y antibióticos.

Durante la campaña Bight 2018 se tomaron 33 muestras de sedimentos marinos a lo largo del CBC. El ADN ambiental fue extraído y utilizado como molde para amplificar A) la región V3-V4 del gen ribosomal 16S y B) genes marcadores funcionales relacionados con la degradación de hidrocarburos y la resistencia a antibióticos. Utilizando la plataforma Illumina, se llevó a cabo una secuenciación masiva de los amplicones de la región 16S-V3-V4. Las secuencias se procesaron y analizaron con el software Qiime2. El análisis bioinformático reveló que la diversidad procariota (bacterias y arqueas) presente en el CBC comprende 68 filos. Proteobacteria es el filo más abundante, seguido de Bacteroidetes, Crenarchaeota y Acidobacteria. Los genes que codifican la alcano hidroxilasa (*alkB*) y la aldolasa hidratasa (*pahE*) se utilizaron como genes marcadores funcionales implicados en la degradación de hidrocarburos; y los genes *sul1*, *CTX*, *ampC* y *qnrS* se utilizaron como genes marcadores de resistencia a los antibióticos. Se buscó la presencia de todos los genes en las 33 muestras de sedimentos marinos mediante PCR de punto final. Los amplicones de genes implicados en la degradación de hidrocarburos se observaron en 10 (*alkB*) y 21 (*pahE*) estaciones. Por el contrario, los genes implicados en la resistencia a los antibióticos se presentaron en 16 (*sul1*), 22 (*CTX*) y 8 (*qnrS*) estaciones.

A partir de los metadatos obtenidos de la secuenciación masiva, se realizaron inferencias metabólicas utilizando el programa PICRUST2.

Coloquio internacional entre grupos de investigación microbiológica y bioquímica

Los resultados permitieron conocer las zonas donde están presentes estos genes marcadores, así como dilucidar si existe relación entre los genes marcadores analizados y las zonas con evidencias de alta actividad antropogénica.

Palabras clave: diversidad bacteriana; degradación de hidrocarburos; resistencia a antibióticos; ecosistemas, secuenciación masiva.

<https://sites.google.com/view/apcmac/congresos-y-reuniones-cient%C3%ADficas/congresos-y-reuniones-2023/encuentro-entre-grupos-de-investigaci%C3%B3n-microbiol%C3%B3gica/memorias-del-coloquio-internacional-entre-grupos/silva-jim%C3%A9nez-2023>