

Diversidad bacteriana del humedal artificial Poza La Arenilla (La Punta, Callao) durante 2024

Avance del proyecto PCONFIGI-INV B23100181i: adÁn: prototipo de sistema de monitoreo rápido de biodiversidad usando ADN ambiental

Mayra Silva, Ángel Ramirez, Pedro E. Romero
Grupo de investigación: EMBPE / Contacto: promeroc@unmsm.edu.pe

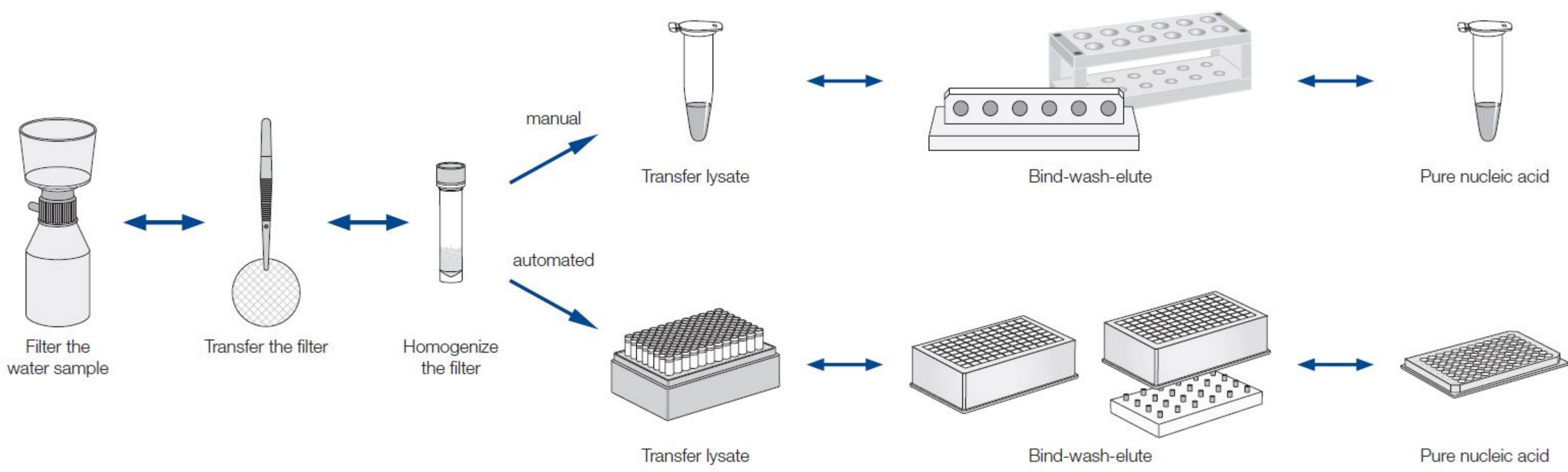
Introducción

Los humedales son ecosistemas de gran relevancia ecológica, ya que proporcionan servicios ambientales clave y son el hábitat de una notable diversidad de organismos, muchos de los cuales están amenazados por factores antropogénicos o naturales. El monitoreo biológico de estos ecosistemas es crucial para su conservación y manejo. Sin embargo, los métodos tradicionales de monitoreo suelen ser laboriosos, implicando largos tiempos de trabajo y la participación de múltiples especialistas.

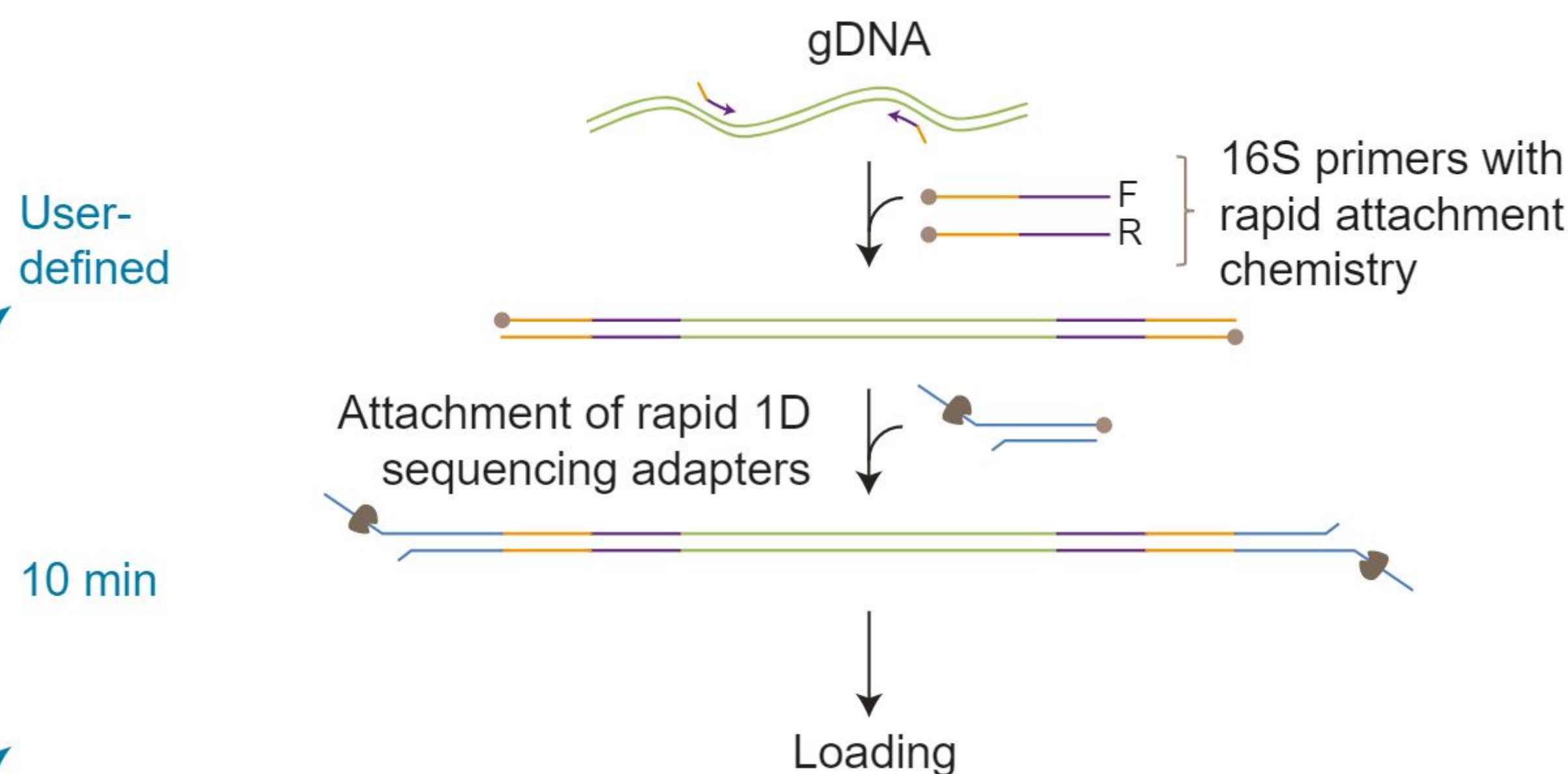
Actualmente, las tecnologías basadas en ADN ambiental (eDNA) ofrecen nuevas oportunidades para el monitoreo de la biodiversidad. En particular, el uso de secuenciación masiva permite obtener datos genéticos que reflejan la composición de las comunidades biológicas sin la necesidad de grandes cantidades de tejido. Esta tecnología es prometedora porque posibilita monitoreos más rápidos y menos costosos, optimizando las campañas de muestreo. Diversos estudios han demostrado la eficacia del ADN ambiental para monitorear ecosistemas acuáticos, facilitando la detección de especies raras, en peligro de extinción o invasoras. Además, el eDNA p rmite obtener información más detallada sobre la distribución espacial y temporal de las especies, así como sobre sus interacciones dentro de la comunidad. Estas características hacen que el ADN ambiental tenga un enorme potencial para el manejo y conservación de ecosistemas acuáticos.

No obstante, la aplicación de estas técnicas en ecosistemas terrestres, incluidos los humedales, requiere mayor desarrollo. En ambientes terrestres, el ADN puede encontrarse más degradado, diluido o mezclado con otras fuentes, lo que plantea desafíos adicionales. Por ello, es fundamental seguir mejorando y optimizando los métodos y protocolos de trabajo con eDNA, desde el muestreo y la extracción de ADN hasta los análisis bioinformáticos. Nuestro proyecto busca desarrollar un prototipo funcional en laboratorio (TRL-4) de un sistema que permita generar y analizar datos de ADN ambiental para su uso en monitoreos biológicos rápidos. Este avance contribuirá a la investigación en áreas como la microbiología ambiental, ecología, conservación y biotecnología, y facilitará la implementación de esta tecnología en ecosistemas en riesgo o insuficientemente estudiados.

Métodos



Extracción usando el kit Macherey Nagel par muestras ambientlaes de agua



La Poza La Arenilla se encuentra en el distrito de La Punta. Es una intervención artificial que con el paso de los años ha devenido en un humedal artificial que tiene influencia marina.

Filtración utilizando tubos Sterivex (Merck)

Amplificación de ADN . Específicamente del gen 16S rRNA de bacterias utilizando la tecnología Oxford Nanopore

Resultados preliminares

Principales phyla bacterianos detectados en Octubre 2024

	barcode01	barcode02	barcode03	barcode04	barcode05	barcode06	barcode07	barcode08
Proteobacteria-	63.274	71.296	67.88	86.855	77.718	73.108	76.943	69.967
Bacteroidota-	26.932	17.604	15.684	4.856	13.153	14.922	16.943	16.193
Cyanobacteria-	3.745	2.882	3.804	1.373	1.341	3.811	3.581	3.173
Campilobacterota-	1.848	2.954	4.179	1.195	3.395	3.489	1.31	2.954
Actinobacteriota-	2.448	2.644	4.132	2.822	1.398	1.825	0.175	5.306
Desulfobacterota-	0.192	0.667	1.432	1.424	0.827	1.127	0	0.328
Verrucomicrobiota-	0.48	0.786	1.197	0.686	0.942	0.537	0.349	0.383
Bdellovibrionota-	0.336	0.262	0.54	0.153	0.257	0.322	0.087	0.164
Planctomycetota-	0.264	0.333	0.211	0.229	0.257	0.107	0.262	0.219
Firmicutes-	0.048	0.048	0.188	0.076	0.143	0.107	0.262	0.438

Principales géneros bacterianos detectados en Octubre 2024

	barcode01	barcode02	barcode03	barcode04	barcode05	barcode06	barcode07	barcode08
Alteromonadales; Glaciecola-	16.419	13.244	9.345	3	21.284	6.495	29.083	10.558
SAR11_clade; Clade_la	6.817	7.67	10.754	16.476	5.506	12.775	2.707	6.455
SAR86_clade; SAR86_clade-	5.161	8.504	4.696	6.28	5.078	10.145	2.62	6.072
Burkholderiales; OM43_clade-	2.952	6.217	3.992	2.67	4.165	5.368	8.996	13.129
Flavobacteriales; uncultured-	10.034	5.026	3.545	0.458	3.081	0.913	6.376	4.322
Rhodobacterales; HIMB11-	2.016	3.502	4.367	8.645	2.939	6.817	1.572	1.532
Sphingobacterales; NS11-12_marine_group-	3.889	4.764	4.273	2.034	3.795	7.783	1.747	2.133
Rhodobacterales; Planctomarina-	3.457	3.716	3.405	5.492	2.539	3.65	1.659	3.118
Rhodobacterales; Nereida-	3.072	2.811	2.324	5.034	3.709	2.738	4.716	1.586
Chloroplast; Chloroplast-	3.673	2.811	3.78	1.373	1.312	3.757	3.493	3.118

Discusión y Conclusiones

Hay una diferencia marcada entre los meses de junio y octubre de 2024. Esta diferencia se puede deber a que son diferentes estaciones, invierno y primavera. Se recomienda realizar muestreos más continuos para observar mejor las diferencias entre la dviersdad alfa y beta, además de la influencia de las corrientes marinas. Se observa la presencia de phyla comunes en muestras ambientales. La tecnología Oxford Nanopore detectó también la presencia de Cyanobacterias. Este estudio puede ser tomado como base para posteriores estudios de monitoreo rápido de la biodiversidad no solo aplicado a bacterias sino a otros organismos. Se encontró además géneros bacterianos no cultivables lo que resalta la importancia del secuenciamiento genómico para comprender mejor la diversidad bacteriana ambiental.