



ESTUDIO METAGENÓMICO DE LA DIVERSIDAD PROCARIOTA Y EUCARIOTA DE AGUA Y SEDIMENTO MARINO DE LA ISLA LIVINGSTON, ANTÁRTIDA

Natalia Alejandra Macana Díaz

Xilena Yulieth Muñoz Paladinez

ASESORA

Martha Lucia Posada Buitrago, PhD

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca
Facultad de Ciencias de la Salud
Bacteriología y Laboratorio Clínico
Bogotá, 25 de enero de 2019

ANTÁRTIDA

Es el continente más austral de la Tierra, se sitúa en el hemisferio sur y el círculo polar Antártico, rodeada por el océano Antártico



Imagen tomada de: [http://www.primap.com/wsen/Maps/MapCollection/WorldMaps/World-\(Type-2\)-Satellite-1600x1200.html](http://www.primap.com/wsen/Maps/MapCollection/WorldMaps/World-(Type-2)-Satellite-1600x1200.html)

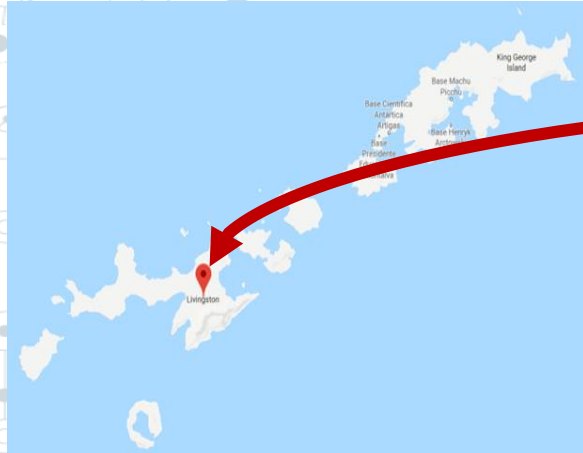


Imagen tomada de: <http://www.conacytprensa.mx/index.php/ciencia/ambiente/9007-bacterias-para-restaurar-suelos-en-nayarit>

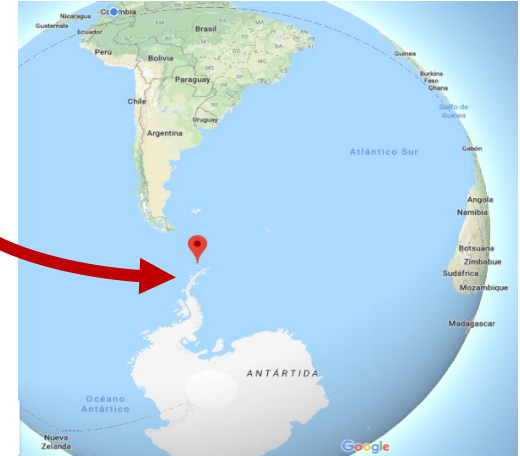
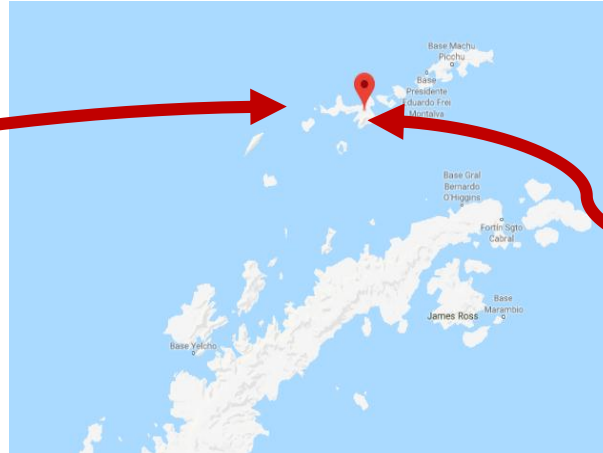
Las características geológicas únicas propician el desarrollo de aspectos como la biotecnología, la **bioprospección** y la **biorremediación**.

(de Menezes G, et al. 2017)

ISLA LIVINGSTON



Fuente: Google maps



Isla Livingston

Islas Shetland del Sur

Antártica occidental

Mide en promedio 73 km de largo por 34 km de ancho.

Las islas Shetland del Sur cubren una superficie total de 3.687 kilómetros que comprende de este a oeste 11 islas.

TRATADO ANTÁRTICO

Washington D.C 1959



Imagen tomada de:
https://travel.state.gov/content/dam/tsg-global/country-flags-svg/Flag_of_the_Antarctic_Treaty.svg

: “en interés de toda la humanidad, la Antártica continúe utilizándose siempre exclusivamente para fines pacíficos y que no llegue a ser escenario u objeto de discordia internacional”

TRATADO ANTÁRTICO

COLOMBIA

Colombia se unió al tratado
mediante la
Ley 67 de 1988

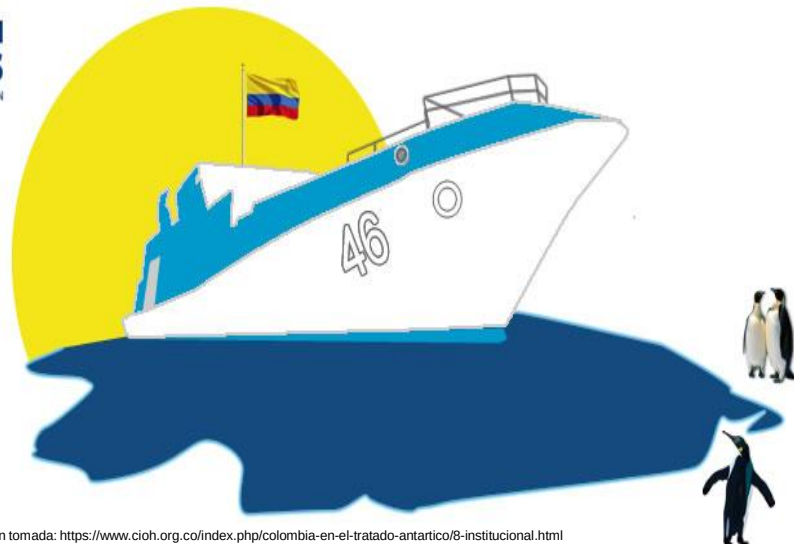


Imagen tomada: <https://www.cioh.org.co/index.php/colombia-en-el-tratado-antarctico/8-institucional.html>

AGENDA CIENTÍFICA ANTÁRTICA DE COLOMBIA 2014-2035



**COMISIÓN
COLOMBIANA
DEL OCÉANO**

Programa Antártico Colombiano

EXPEDICIÓN	AÑO DE REALIZACIÓN VERANO AUSTRAL	NÚMERO DE ENTIDADES PARTICIPANTES	NÚMERO DE INVESTIGADORES	NÚMERO DE PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN
I "Expedición Caldas"	2014-2015	21	20	9
II "Almirante Lemaitre"	2015-2016	16	24	15
III "Almirante Padilla"	2016- 2017	26	48	34
IV "Almirante Tono"	2017 -2018	23	41	25



III Expedición Científica de Colombia a la Antártida “Almirante Padilla”, Verano Austral 2016-2017



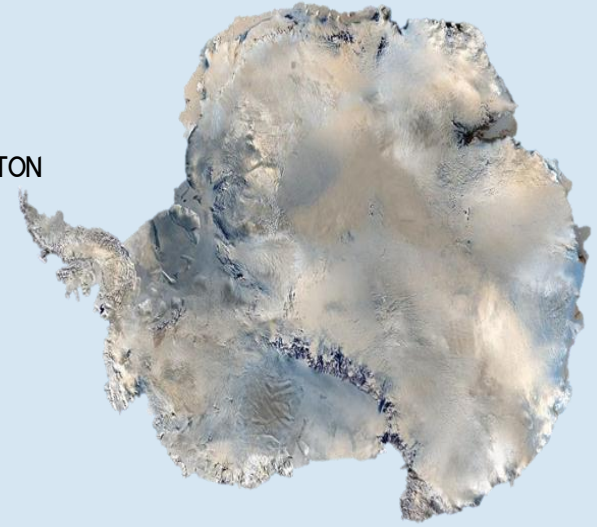
PROYECTO UNIVERSIDAD DE LA SABANA

Microorganismos de ambientes extremos de la Antártida como una fuente potencial de compuestos con aplicación a nivel industrial y/o farmacológica.



Estudio metagenómico de la diversidad procariota y eucariota de agua y sedimento marino de la isla Livingston, Antártida

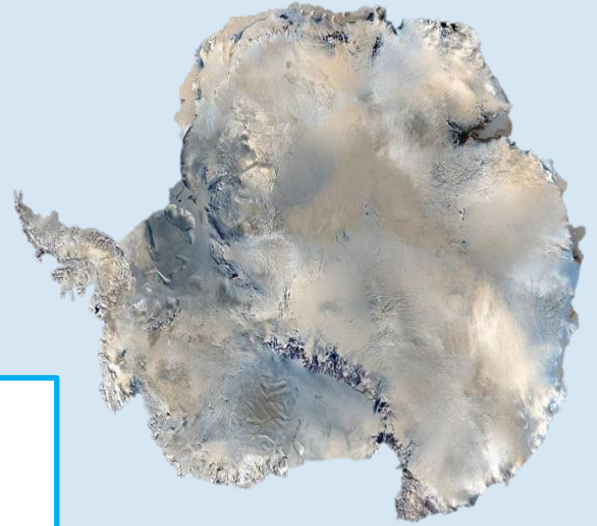
ISLA LIVINGSTON



• OBJETIVO GENERAL

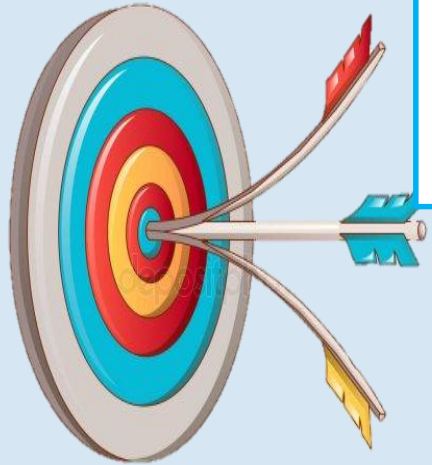
Determinar la diversidad procariota y eucariota proveniente de muestras de agua y sedimento marino de la isla Livingston, Antártida mediante un acercamiento metagenómico utilizando la plataforma Illumina MiSeq

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

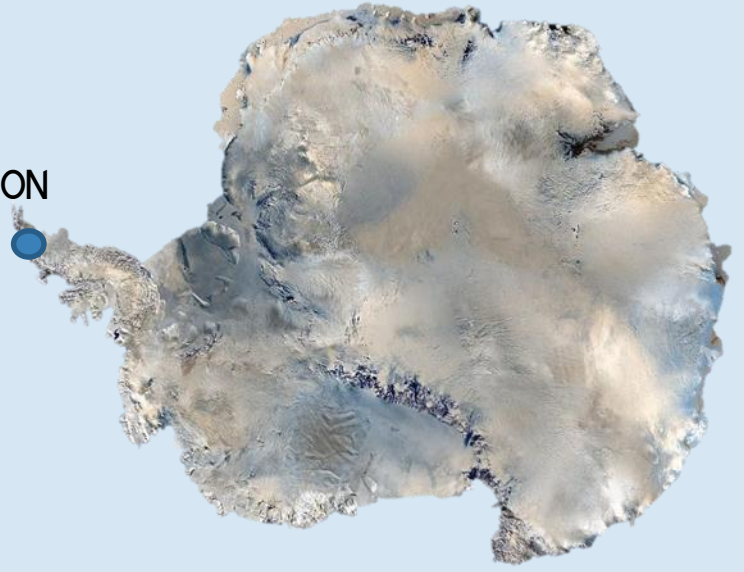


Establecer la diversidad procariota y eucariota presente en muestras de Agua y sedimento marino de la isla Livingston, Antártida, mediante el análisis de las regiones ARNr 16S y 18S.

Relacionar la diversidad identificada y su uso potencial en biotecnología, en áreas como bioprospección y biorremediación.



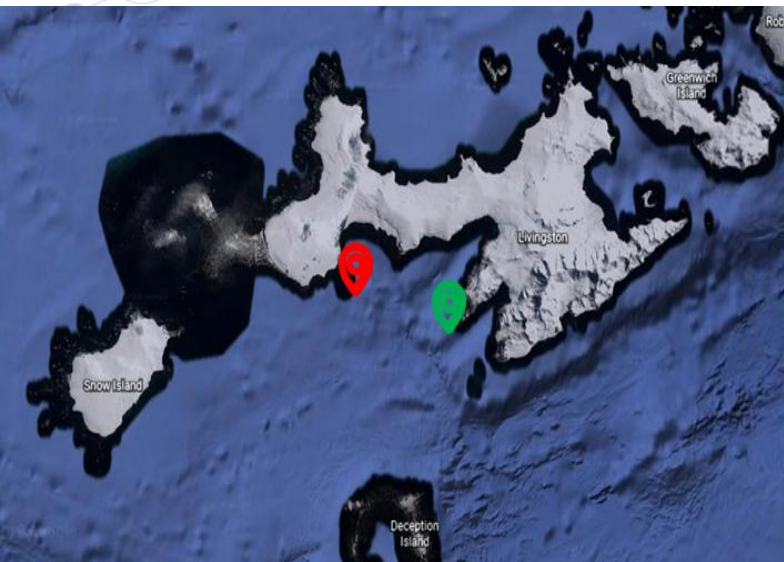
ISLA LIVINGSTON



METODOLOGIA...

Muestreo, realizado en la III Expedición organizada por Colombia, la Expedición Almirante Padilla

Se obtuvieron 19 muestras biológicas para análisis de microorganismos.

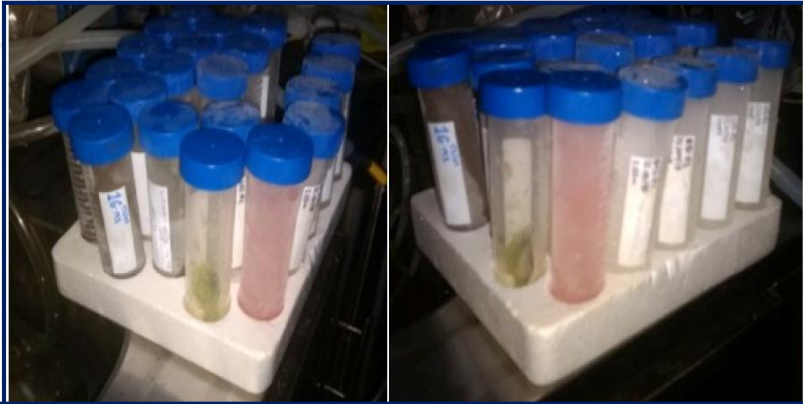


MUESTRA	ESTACIÓN	COORDENADAS	MÉTODO DE COLECTA	OBSERVACIONES
Agua Marina	G12*	-62.4042° S -60.4459° W	Botella roseta 30m de profundidad	40 ml
Sedimentos marino tipo lodo	D01*	-62.3922°S -60.2356°W	Draga 60m de profundidad	1000g

CADENA DE FRIO A -80°C

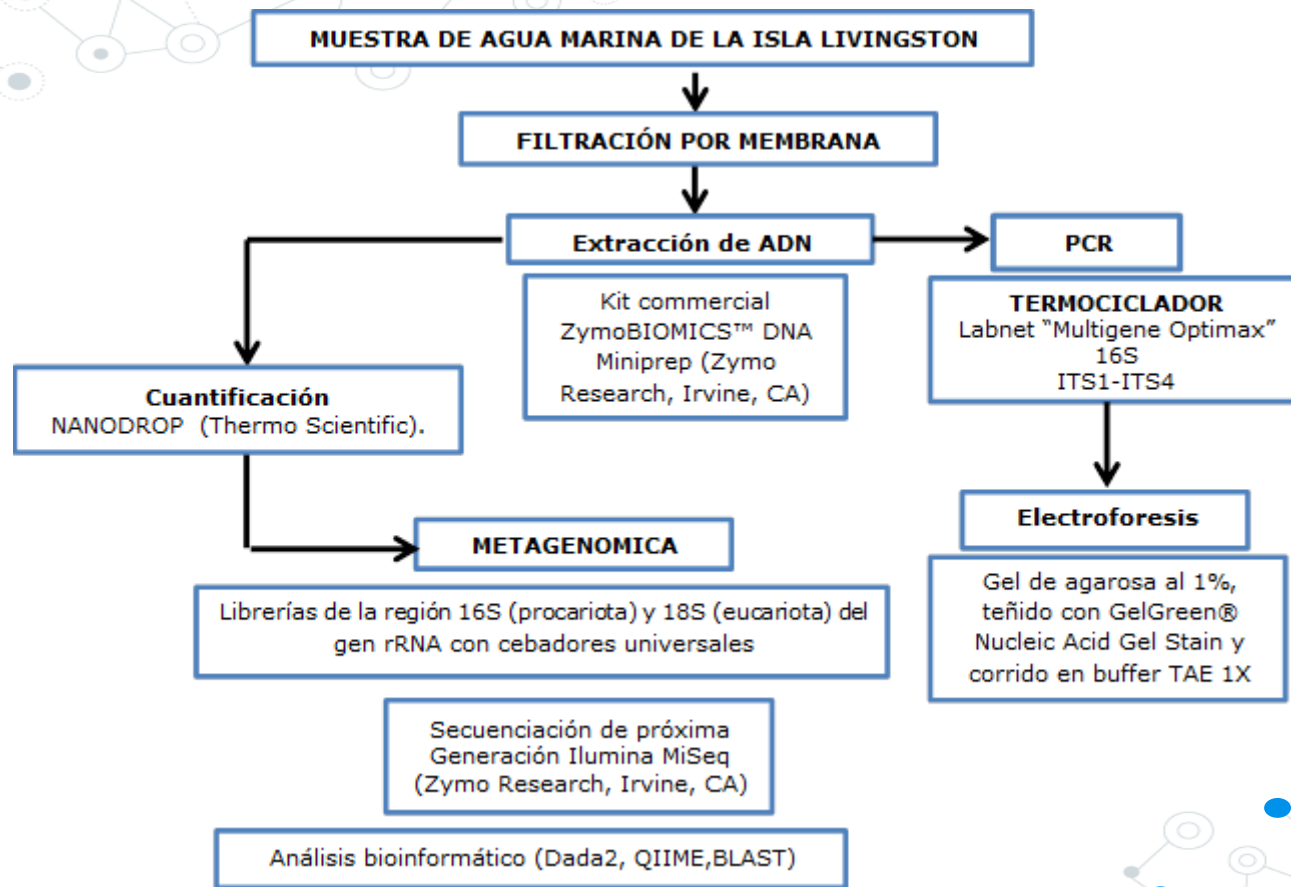


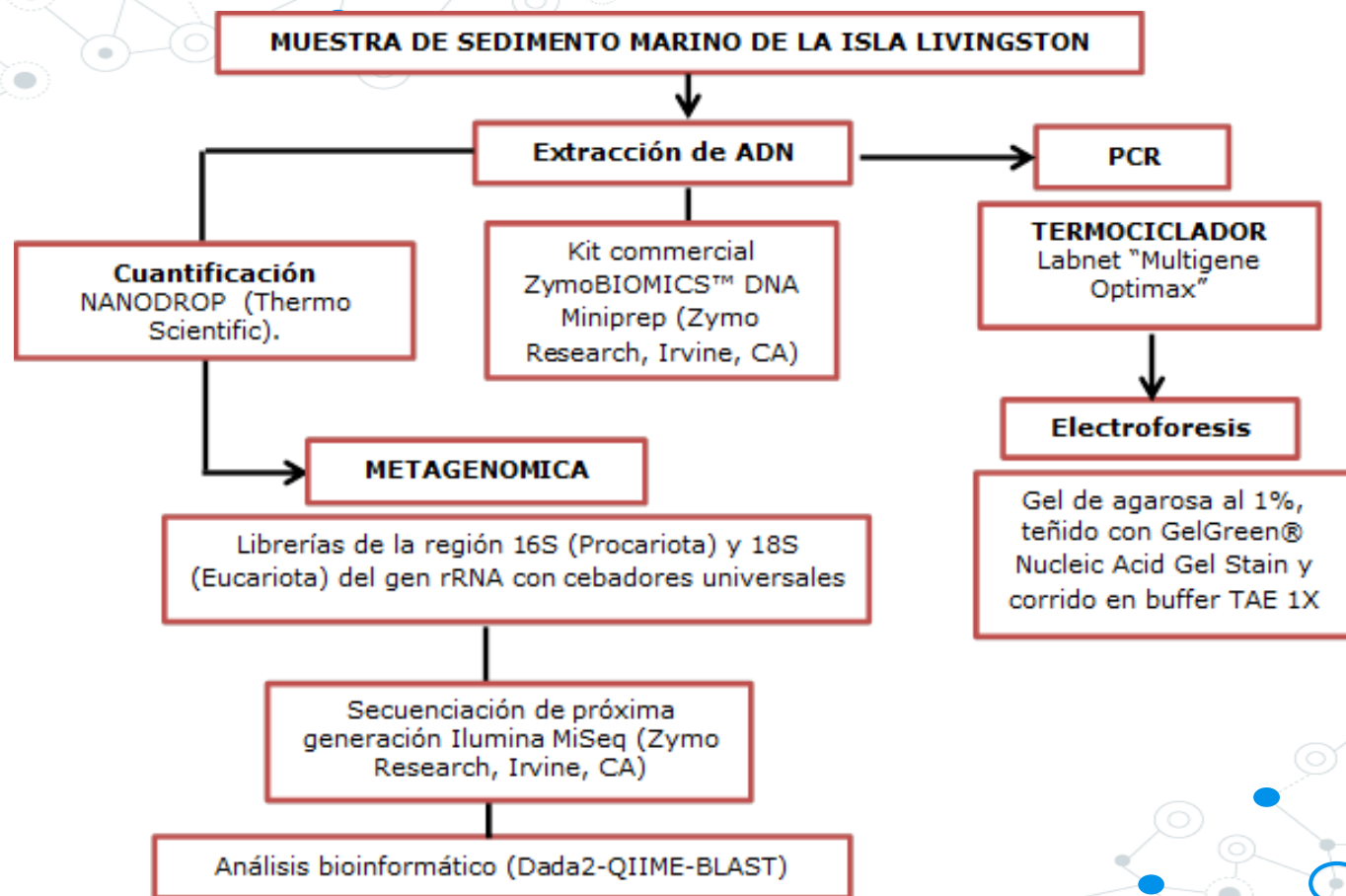
Izquierda apoyo grupo científicos a bordo buque ARC 20 de julio para toma de muestras de agua con roseta de botellas; **derecha** apoyo grupo científicos a bordo buque ARC 20 de julio para toma de muestras sedimentos con draga.



Muestras congeladas recolectadas en el marco de los recorridos del buque ARC 20 de Julio.







Extracción de ADN.

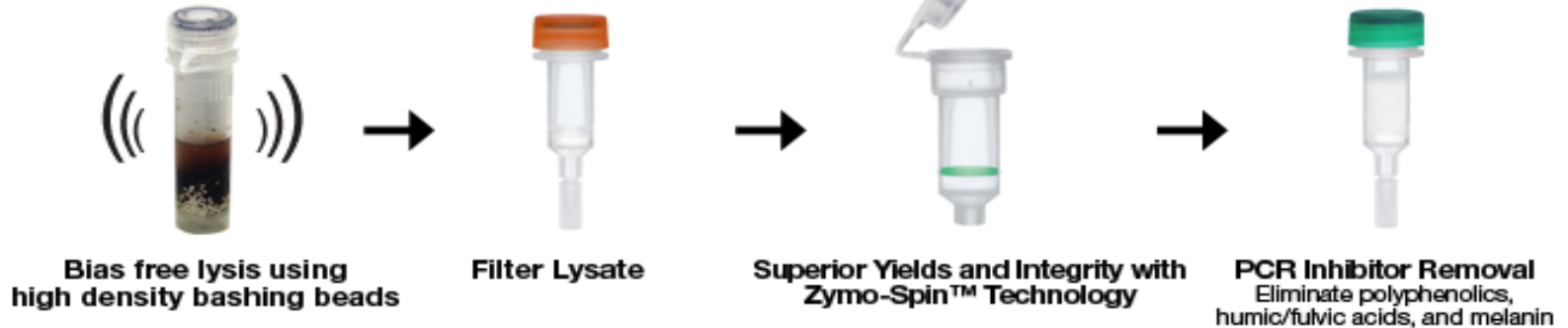


- ❖ 1 extracción de la muestra de agua marina.
- ❖ 4 extracciones de la muestra de sedimento marino tipo lodo.



Fuente: ZymoResearch

Kit commercial ZymoBIOMICS™
DNA Miniprep (Zymo Research,
Irvine, CA)



CONDICIONES DE LA PCR

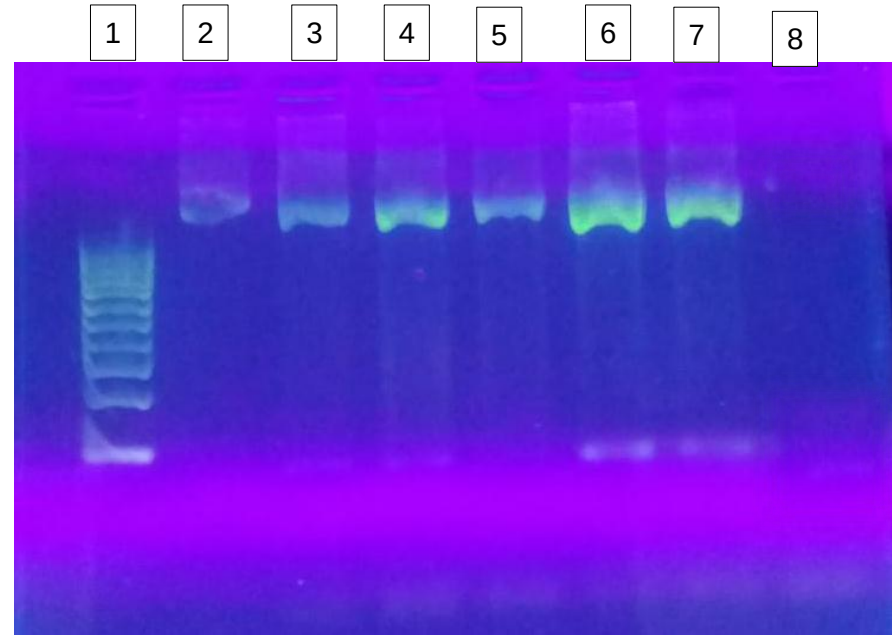
REACTIVO	CONCENTRACIÓN INICIAL	CONCENTRACIÓN FINAL	VOLUMEN TOTAL
GoTaq® Green Master Mix PROMEGA CORPORATION.	2X	1X	7.5 µL
Primer ITS 1	10 µM	0.1µM	0.15 µL
Primer ITS 4	10 µM	0.1µM	0.15 µL
H₂O	--	--	5.2 µL
ADN	--	--	2 µL
VOLUMEN FINAL			15 µL

Primer	Dirección	Secuencia (5'-3')
ITS1	Sentido	TCCGTAGGTGAACCTGCGG
ITS4	Antisentido	TCCTCCGCTTATTGATATGC

- 1 Desnaturalización inicial: **94°C 10 min**
- 2 **35 ciclos** con **desnaturalización** a 94°C por 30 seg, **alineamiento** a 50°C por 1:30 min y **extensión** a 72°C por 2 min.
- 3 **Extensión final** a 72°C por 15 min

**ELECTROFORESIS EN GEL DE
AGAROSA AL 1%,**
teñido con GelGreen® Nucleic Acid Gel Stain y
corrido en buffer TAE 1X, por la amplificación
de la región ITS1 e ITS4.

Fragmentos aproximadamente de
500 a 700 pb.



Carril 1: Marcador de peso molecular (50 bp DNA Step Ladder).

Carril 2: Muestra de agua marina (NAX 1).

Carril 3: Extracción 1, Muestra de sedimento marino. (NAX 2.1).

Carril 4: Extracción 2, Muestra de sedimento marino. (NAX 2.2).

Carril 5: Extracción 3, Muestra de sedimento marino. (NAX 2.3).

Carril 6: Extracción 4, Muestra de sedimento marino (NAX 2.4).

Carril 7: Control Positivo. ADN genómico de *A. niger*

Carril 8: Control Negativo.

CUANTIFICACIÓN DE ADN

NANODROP
Thermo scientific

MUESTRA	CONCENTRACIÓN
AGUA (NAX1)	34,9 ng/μl
SEDIMENTO (NAX2,1)	30,2 ng/μl
SEDIMENTO (NAX2,2)	37,9 ng/μl
SEDIMENTO (NAX2,3)	39 ng/μl
SEDIMENTO (NAX2,4)	41,3 ng/μl

SECUENCIACIÓN DE PROXIMA GENERACIÓN (NGS)



Secuenciador Illumina® MiSeq™



Fuente: Illumina

illumina®



ZYMO RESEARCH

The Beauty of Science is to Make Things Simple®

Irvine, California, Estados
Unidos

Gen ARNr 16S

Región V3-V4
F-V3
R-V4

Takahashi S y col
Klindworth y col

Gen ARNr 18S

Región V4-V5
F-566
R-1200

Hadziavdic y col

ANÁLISIS BIOINFORMATICO



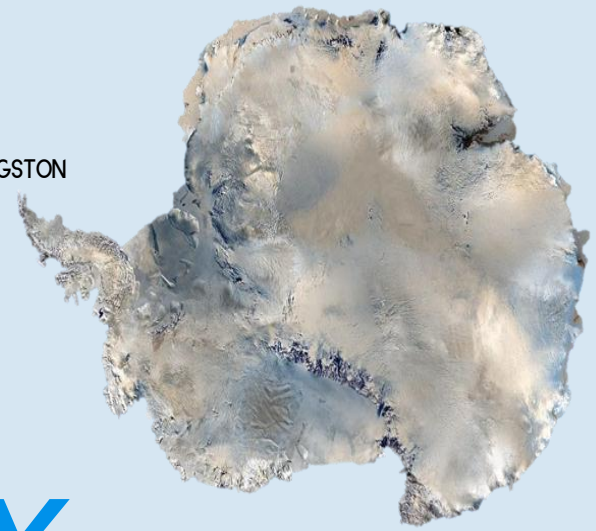
- ❖ Lectura de secuencias crudas.
- ❖ Filtrado de calidad
- ❖ Corrección de los errores de secuenciación.
- ❖ Eliminación de lecturas quiméricas.



- ❖ Agrupación de las lecturas de secuenciación en OTU basadas en su similitud de secuencia entre sí.
- ❖ La asignación de taxonomía, los gráficos de barras de composición y la diversidad alfa



ISLA LIVINGSTON



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

ANÁLISIS DEL ARNr 16S

SECUENCIAS OBTENIDAS DURANTE EL PROCESAMIENTO DEL ANALISIS DEL ARNr 16S

Muestra	Secuencias crudas	Secuencias recortadas	Análisis DADA2	Secuencias quiméricas	Secuencias libres de secuencias quiméricas	Secuencias únicas	Secuencias después de la filtración de tamaño	OTUs
Agua Marina	116996	98010	48614	486	48128	55	48128	55
Sedimento marino	127394	114258	56043	695	55348	235	54783	190
TOTAL	244390	212268	160700	1181	103476	290	102911	245

Muestras	OTU	OTU identificadas						OTU no identificadas
		Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie	
Agua Marina	55	5	11	21	35	18	1	20
Sedimento marino	190	9	24	45	71	47	12	119

Las condiciones climáticas de la Antártida, hacen que la mayoría de hallazgos que se hacen en la zona sean realmente nuevos

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (2000), 50, 1055–1063

Printed in Great Britain

Taxonomy of Antarctic *Flavobacterium* species: description of *Flavobacterium gillisiae* sp. nov., *Flavobacterium tegetincola* sp. nov. and *Flavobacterium xanthum* sp. nov., nom. rev. and reclassification of [*Flavobacterium*] *salegens* as *Salegentibacter salegens* gen. nov., comb. nov.

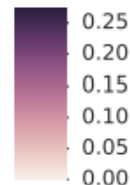
Sharee A. McCammon and John P. Bowman

Debido a todo lo anterior la descripción de especies en la zona es demasiado baja, es por esto que la mayoría de secuencias no se pudieron asignar, ya que no encontraron similitud con la base de datos reportados en Genbank.

MAPA DE CALOR ABUNDANCIA DE SECUENCIAS ARNr 16S

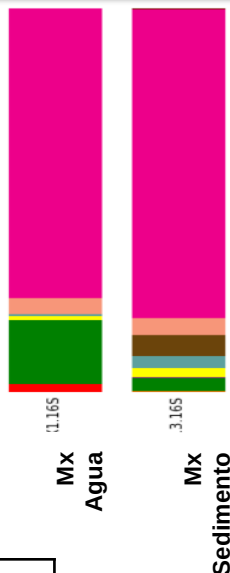
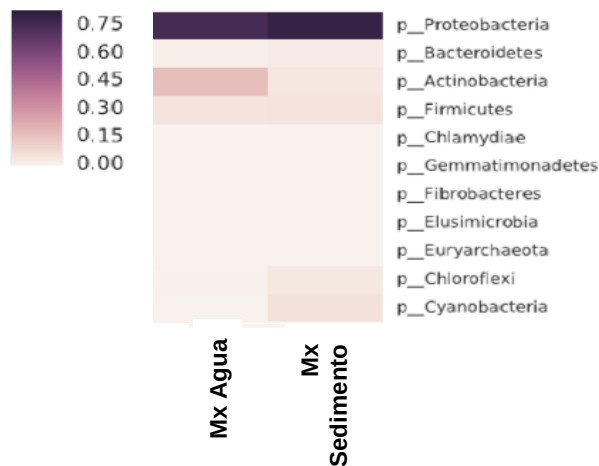


OTU	AGUA MARINA	SEDIMENTO MARINO
2,7,37,69	---	g. Pseudomonas
30	---	g. Novosphingobium
3,9,10,20,33	f. Oxalobacteraceae	---
6	f. Micromonosporaceae	---
52	g. Sphingomonas	---



Muestra de
agua

Muestra de
Sedimento



Phylum

EXPERIMENTAL ARTICLES

Characterization of the Structure of the Prokaryotic Complex of Antarctic Permafrost by Molecular Genetic Techniques

N. A. Manucharova^{a,1}, E. V. Trosheva^a, E. M. Kol'tsova^a, E. V. Demkina^b, E. V. Karaevskaya^c, E. M. Rivkina^c, A. V. Mardanov^d, and G. I. El'-Registan^b

^a Department of Soil Biology, Faculty of Soil Science, Moscow State University, Moscow, Russia

^b Winogradsky Institute of Microbiology, Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

^c Institute of Physicochemical and Biological Problems of Soil Science, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

^d Institute of Bioengineering, Research Center of Biotechnology, Russian Academy of Sciences, Moscow, Russia

Received July 7, 2015

Los filos Proteobacteria, Actinobacteria, y Firmicutes fueron los grupos dominantes presentes en el Permafrost.

Legend	Taxonomy	Mx AGUA	Mx SEDIMENTO
		%	%
	Unassigned;Other	2.1%	0.1%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria	16.6%	3.6%
	k__Bacteria;p__Armatimonadetes	0.0%	0.2%
	k__Bacteria;p__Bacteroidetes	1.1%	2.4%
	k__Bacteria;p__Chloroflexi	0.5%	3.2%
	k__Bacteria;p__Cyanobacteria	0.0%	5.3%
	k__Bacteria;p__Firmicutes	4.2%	4.5%
	k__Bacteria;p__Proteobacteria	75.5%	80.3%
	k__Bacteria;p__Verrucomicrobia	0.0%	0.2%
	k__Bacteria;p__[Thermi]	0.0%	0.2%

Phylum Proteobacteria

75.5% para la muestra de agua y 80.3% para la muestra de sedimento



UNIVERSITAT DE
BARCELONA

Biodegradación de HAPs durante la biorremediación aeróbica de suelos contaminados con hidrocarburos del petróleo. Análisis de poblaciones bacterianas y genes funcionales

Izquierdo Romero, Andrés Ricardo

Utilizad este identificador para citar o enlazar esta tesis: <http://hdl.handle.net/10803/132994>

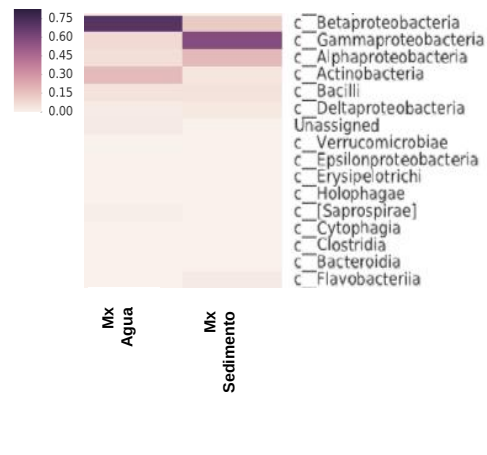
Director/a: Grifoll Ruiz, Magdalena; Vila Grajales, Joaquim

Tutor/a: Grifoll Ruiz, Magdalena

Departamento/Instituto: Universitat de Barcelona. Departament de Microbiologia

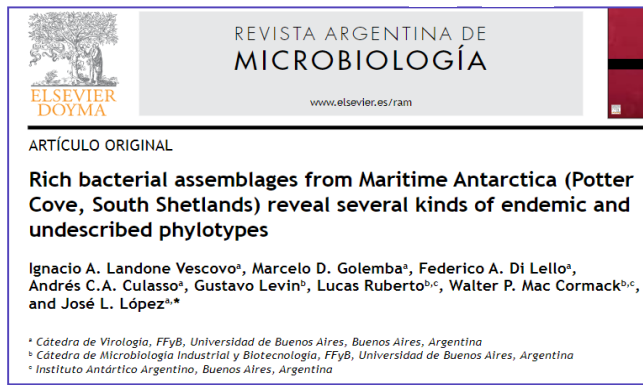
Fecha de defensa: 24.01.2014

CLASE

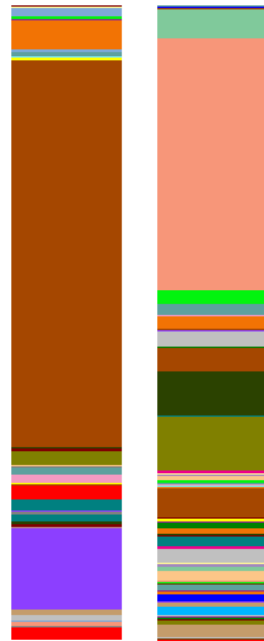


Legend	Taxonomy Clase	MX AGUA	MX SEDIMENTO
		%	%
	Unassigned;Other;Other	2.1%	0.1%
	k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria	5.4%	16.0%
	k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria	61.7%	10.9%
	k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Deltaproteobacteria	1.7%	2.5%
	k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria	6.6%	50.8%

Ya habían
sido
encontrados

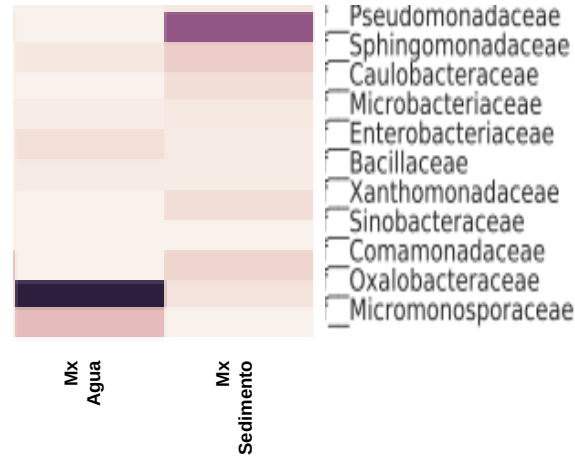


FAMILIA



Mx Agua

Mx Sedimento



Mx
Agua

Mx
Sedimento

Oxalobacteraceae

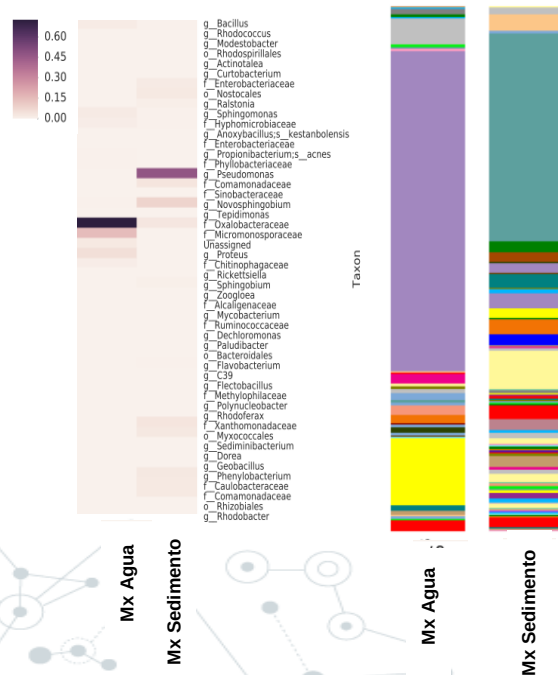
Baldini et al, describe que tienen funciones metabólicas variadas, que en la actualidad se aplican como biofertilizantes o agentes de biocontrol en la agricultura

Pseudomonadaceae

Se han asociado a procesos de biorremediación

Legend	Taxonomia Familia	Mx AGUA	Mx sedimento
		%	%
	Unassigned;Other;Other;Other;Other	2.1%	0.1%
	k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Betaproteobacteria;o__Burkholderiales;f__Oxalobacteraceae	61.0%	3.8%
	k__Bacteria;p__Proteobacteria;c__Gammaproteobacteria;o__Pseudomonadales;f__Pseudomonadaceae	0.0%	39.6%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales;f__Micromonosporaceae	12.8%	0.0%

		Mx Agua	Mx sedimento
Legend	Taxonomy	%	%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pseudomonadales;f_Pseudomonadales;g_Pseudomonas;s__		0.0%	39.6%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pasteurellales;f_Pasteurellaceae;g_Haemophilus;s__parainfluenzae		0.0%	0.1%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Betaproteobacteria;o_Methylophilales;f_Methylophilaceae;g_Methylotenera;s__mobilis		0.0%	0.1%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Sphingomonadales;f_Sphingomonadales;g_Sphingomonas;s__wittichii		0.0%	0.2%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Alphaproteobacteria;o_Rhizobiales;f_Bradyrhizobiaceae;g_Bosea;s__genosp.		0.0%	0.1%
k_Bacteria;p_Proteobacteria;c_Gammaproteobacteria;o_Pasteurellales;f_Pasteurellaceae;g_Haemophilus;s__parainfluenzae		0.0%	0.1%



Degradador importante de xenobióticos, específicamente de dioxinas, de ahí su interés en procesos de biorremediación y en la comprensión de los procesos de degradación de otros xenobióticos

INTERNATIONAL
JOURNAL OF SYSTEMATIC
AND EVOLUTIONARY
MICROBIOLOGY

TAXONOMIC DESCRIPTION
Huang et al., Int J Syst Evol Microbiol 2017;67:4064–4068
DOI 10.1099/ijsem.0.002253



Sphingomonas antarctica sp. nov., isolated from Antarctic tundra soil

Yao Huang,¹ Ziyang Wei,¹ Wangmu Danzeng,¹ Myong Chol Kim,^{1,2} Guoxin Zhu,¹ Yumin Zhang,¹ Zuobing Liu¹ and Fang Peng^{1,3,*}

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (2004), 54, 713–719

DOI 10.1099/ijse.0.02827-0

Psychrophilic pseudomonads from Antarctica: *Pseudomonas antarctica* sp. nov., *Pseudomonas meridiana* sp. nov. and *Pseudomonas proteolytica* sp. nov.

Gundalpalii S. N. Reddy,¹ Genki I. Matsumoto,² Peter Schumann,³ Erko Stackebrandt³ and Sisinthy Shivaji¹

Syst Appl Microbiol. 2017 Jun;40(4):191-198. doi: 10.1016/j.syapm.2017.03.002. Epub 2017 Apr 18.

***Pseudomonas versuta* sp. nov., isolated from Antarctic soil.**

See-Too WS¹, Salazar S², Ee R³, Convey P⁴, Chan KG⁵, Peix Á⁶.

Las ***Pseudomonas*** son ampliamente conocidas en el campo de la biorremediación, sirviendo como degradadora de hidrocarburos y sintetizadora de biosurfactantes.

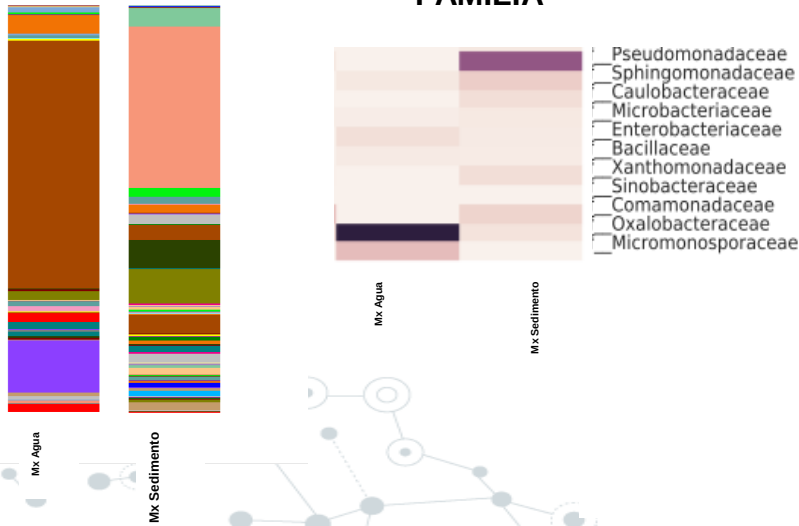
Phylum Actinobacteria

16.6% para la muestra de agua y 3.6% para la muestra de sedimento marino tipo lodo.

Barrientos L et al, aislaron en el 2017 más de 30 cepas bacterianas pertenecientes a este filo en diferentes ambientes de las islas Shetland del Sur.

		Mx Agua	Mx sedimento
Legend	Taxonomy	%	%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales:f__Micromonosporaceae	12.8%	0.0%
	k__Bacteria;p__Actinobacteria;c__Actinobacteria;o__Actinomycetales:f__Propionibacteriaceae:g__Propionibacterium;s__acnes	0.5%	0.1%

FAMILIA



Los miembros de a familia **Micromonosporaceae** se conocen por tener la capacidad de sintetizar metabolitos especializados, particularmente son una fuente rica de antibióticos

THE JOURNAL OF ANTIBIOTICS

SEPT. 1997

Thiocoraline, a Novel Depsipeptide with Antitumor Activity Produced by a Marine *Micromonospora*

II. Physico-chemical Properties and Structure Determination

JULIA PÉREZ BAZ^{*,†}, LIBRADA M. CAÑEDO[†] and JOSÉ L. FERNÁNDEZ PUENTES[†]

The Cyprus Journal of Sciences, Vol. 7, 2009/47-52

ANTIBIOTIC BIOSYNTHESIS BY MICROMONOSPORA SP. ISOLATED FROM DEWART ISLAND, ANTARCTICA

VICTORIA GESHEVA^{*}

Phylum Firmicutes

En el año 2005 se identificó en muestras de la Antártida la especie *Paenibacillus antarcticus*. **Montes MJ**

Se han visto involucrados estos géneros en el campo de la biorremediación, se ha registrado el potencial de *Bacillus* y *Paenibacillus* sp. en la reducción de cromo de aguas residuales.

Ceballos et al.

4.2% para la muestra de agua y **4.5%** para la muestra de sedimento marino tipo lodo

Gayana 77(2): 75-82, 2013.

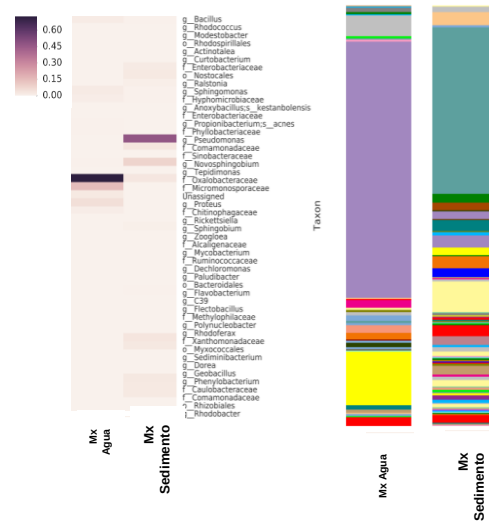
ISSN 0717-652X

Cepa antártica de *Bacillus* sp., con actividad extracelular de tipo agarolítica y alginatoliasa

Antarctic strain of *Bacillus* sp. with extracellular agarolytic and alginate-lyase activities

PARIS LAVIN^{1*}, JORGE GALLARDO-CERDA¹, CRISTIAN TORRES-DIAZ², GERALDINE ASENCIO¹ & MARCELO GONZALEZ¹

		Mx AGUA	Mx SEDIENTO
Legend	Taxonomia Especie	%	%
	Unassigned;Other;Other;Other;Other;Other;Other	2.1%	0.1%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Bacillaceae;g__Anoxybacillus;s__kestanbolensis	0.0%	0.2%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Bacillaceae;g__Bacillus;s__	1.5%	0.2%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Bacillaceae;g__Bacillus;s__firmus	0.0%	0.6%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Bacillaceae;g__Bacillus;s__flexus	0.0%	0.1%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Paenibacillaceae;g__Paenibacillus;s__	0.0%	0.1%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Paenibacillaceae;g__Paenibacillus;s__lautus	0.0%	0.3%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Staphylococcaceae;g__Staphylococcus;Other	1.7%	0.0%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Bacillales;f__Staphylococcaceae;g__Staphylococcus;s__	0.6%	0.0%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Carnobacteriaceae;g__Carnobacterium;s__virida	0.0%	0.9%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Bacilli;o__Lactobacillales;f__Enterococcaceae;g__Vagococcus;s__salmoninaru	0.0%	0.1%
	k__Bacteria;p__Firmicutes;c__Clostridia;o__Clostridiales;f__Veillonellaceae;g__Veillonella;s__dispar	0.0%	0.1%



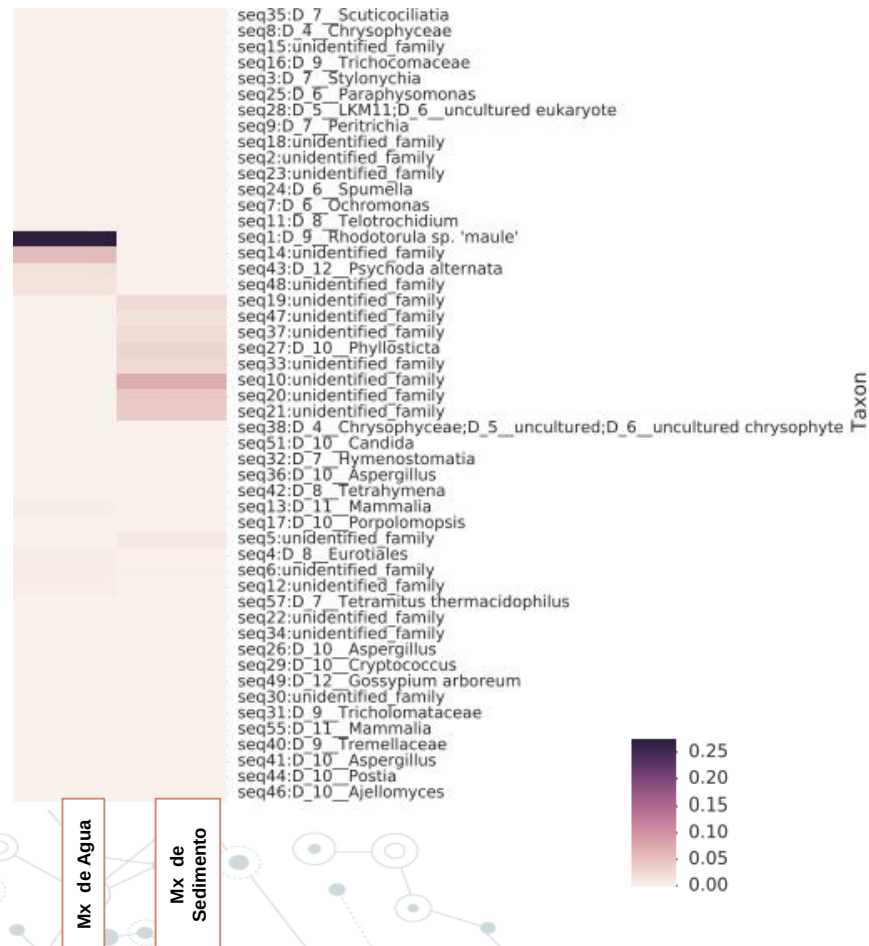
ANÁLISIS DEL ARNr 18S

SECUENCIAS OBTENIDAS DURANTE EL PROCESAMIENTO DEL ANALISIS DEL ARNr 18S

Muestra	Secuencias crudas	Secuencias recortadas	Análisis DADA2	Secuencias quiméricas	Secuencias libres de secuencias quiméricas	Secuencias únicas	Secuencias después de la filtración de tamaño	OTUs
Agua Marina	121536	120882	59836	524	59312	72	59074	47
Sedimento marino	112294	111642	55426	157	55269	147	54930	113
TOTAL	233830	232524	115262	681	114581	219	114004	160

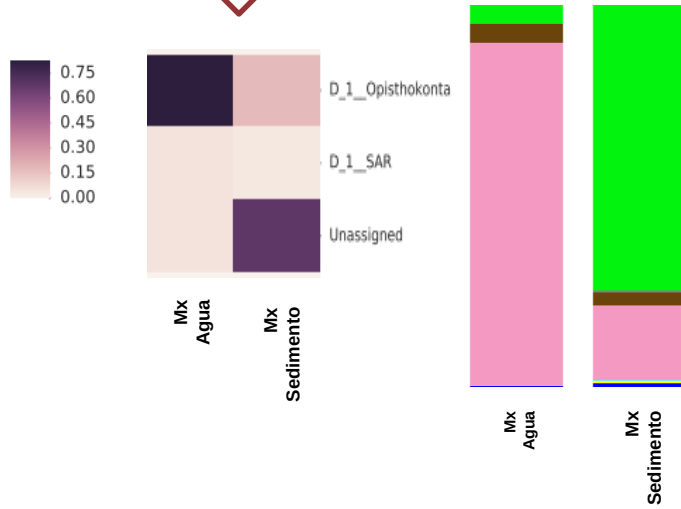
Muestras	OTU	OTU identificadas						OTU no identificadas
		Filo	Clase	Orden	Familia	Género	Especie	
Agua Marina	47	4	6	8	18	19	4	28
Sedimento marino	113	8	12	17	35	40	9	73

MAPA DE CALOR ABUNDANCIA DE SECUENCIAS ARNr 18S

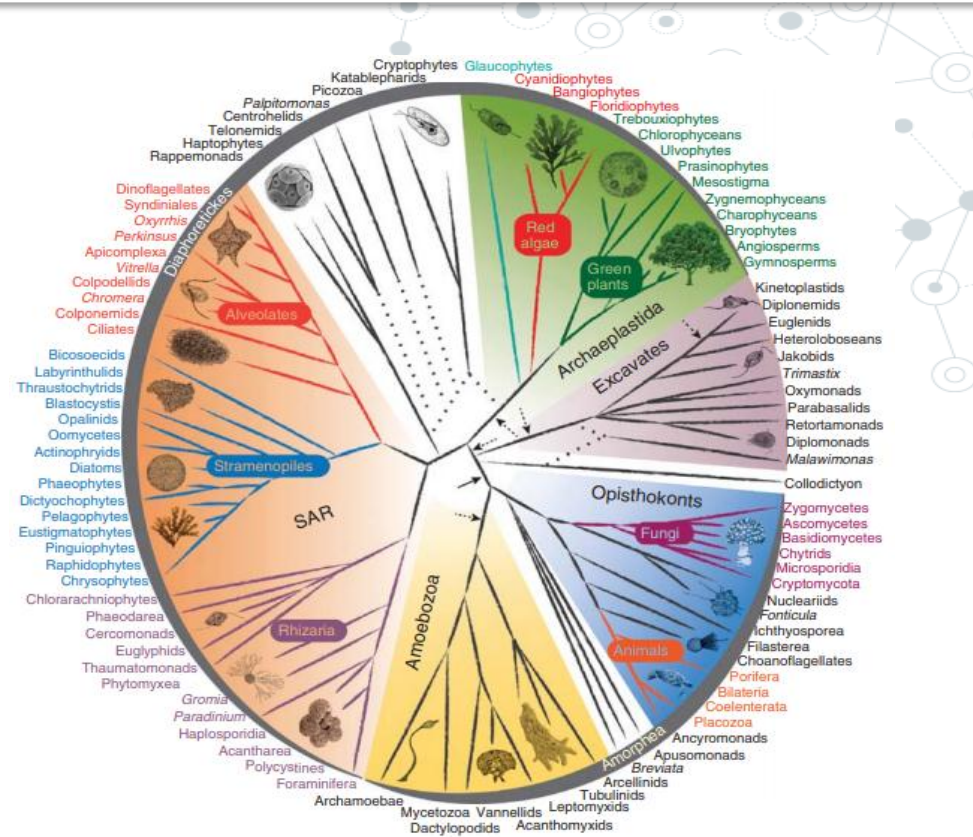


OTU	AGUA MARINA	SEDIMENTO MARINO
1	<i>Rhodotorula "maule"</i>	---
14,48	organismos no identificados	---
43	<i>Psychoda alternata</i>	---
19,47,37,33, 10,20,21	---	organismos no identificados

SUPERGRUPOS



Legend	Taxonomy	Mx AGUA %	Mx SEDIMENTO %
	D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida	0.2%	0.7%
	D_0_Eukaryota;D_1_DH147-EKD10	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_Excavata	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_Haptophyta	0.0%	0.6%
	D_0_Eukaryota;D_1_Incertae Sedis	0.0%	0.3%
	D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta	89.8%	19.5%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR	5.0%	3.4%
	D_0_Eukaryota;Other	0.0%	0.6%
	Unassigned;Other	5.0%	74.7%



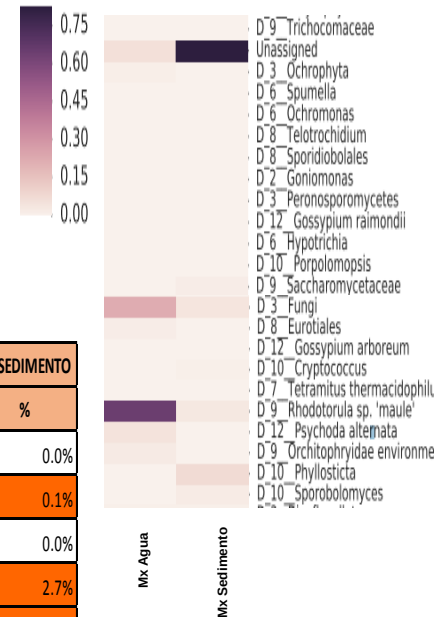
Burki F. The Eukaryotic Tree of Life from a Global Phylogenomic Perspective

SUPERGRUPO OPISTHOKONTA

89.9% en la muestra de agua y
19.5% en la muestra de
sedimento marino

Conformado formas **unicelulares
flageladas, hongos verdaderos (Fungi) y
animales verdaderos (Animalia)**

Legend	Taxonomy	Mx AGUA %	Mx SEDIMENTO %
	D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_10_Neoptera;D_11_Diptera;D_12_Psychoda alternata	4.2%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_10_Tetrapoda;D_11_Mammalia;Other	1.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Holozoa;D_3_Metazoa (Animalia);D_7_Enteropneusta;D_8_Harrimaniidae;Other	0.7%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_7_Microbotryomycetes;D_8_Sporidiobolales;D_9_Rhodotorula sp.'maule'	58.8%	2.7%
	D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_8_Mucoraceae;D_9_Rhizopus;Other	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_Opisthokonta;D_2_Nucleotmycea;D_3_Fungi;D_9_Trichocomaceae;D_10_Aspergillus;Other	0.4%	0.4%



Rhodotorula 'maule'

Se presentó como excelente candidata para la producción de una materia prima alternativa a los **aceites vegetales en la producción de biodiesel**. (Mezquida F et al)

International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology (2013), 63, 3884–3891 DOI 10.1099/ijse.0.052753-0

Rhodotorula portillonensis sp. nov., a basidiomycetous yeast isolated from Antarctic shallow-water marine sediment

Federico Laich,¹ Inmaculada Vaca² and Renato Chávez³

Aspergillus

Las especies de ***Aspergillus*** se han encontrado asociadas a procesos de biorremediación, principalmente en la biodegradación de petróleo, organofosforados y níquel. (Medina J et al. Hernández G et al)

JOURNAL OF NATURAL PRODUCTS

Article

pubs.acs.org/jnp

Antiviral Merosesquiterpenoids Produced by the Antarctic Fungus *Aspergillus ochraceopetaliformis* SCSIO 05702

Junfeng Wang,[†] Xiaoyi Wei,[‡] Xiaochu Qin,[§] Xinpeng Tian,[†] Li Liao,[‡] Kemin Li,[§] Xuefeng Zhou,[†] Xianwen Yang,[†] Fazuo Wang,[†] Tianyu Zhang,[§] Zhengchao Tu,[§] Bo Chen,[‡] and Yonghong Liu^{*,†}

Rhizopus

Se ha encontrado a especies de *Rhizopus* sp. involucradas en la degradación de metales pesados. (Beltran M et al)

Psychoda alternata



En los últimos años se han generado reportes acerca de la presencia de insectos como las llamadas moscas domésticas en la Antártida que viajan sobre la indumentaria de turistas y científicos que visitan el continente.

El calentamiento global, está causando alzas en las temperaturas que se dice empiezan a crear una ambiente ideal para estos insectos.

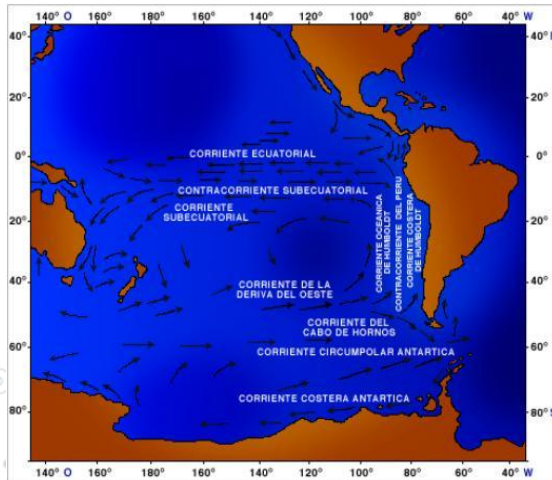
Supergrupo Archaeplastida

lo componen las plantas superiores, inferiores y las algas

0,2% en la muestra de agua y 0,7% en la muestra de sedimento marino

		Mx AGUA	Mx SEDIEMENTO
Legend	Taxonomy	%	%
	D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;D_10_Malvales;D_11_Gossypium;D_12_Gossypium arboreum	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Chlorophyta;D_5_Pyramimonadales;D_6_Pyramimonas;Other	0.0%	0.3%
	D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;D_11_Poales;D_12_Zea;D_13_Zea mays	0.0%	0.1%

Contrario a lo esperado, se evidenciaron las especies ***Gossypium arboreum* (algodón)** y ***Zea mays* (maíz)**, en sedimento marino, este fue un hallazgo completamente inesperado, nunca habían sido encontrados en la Antártida.



<https://files.google.com/sktrrecofsmariadipera/suborder-nematocep/psychodidae-moth-files/psychodidae-alternata-complex>

Emerson et al. Microbiome (2017) 5:86
DOI 10.1186/s40168-017-0285-3

Microbiome

REVIEW

Open Access



Schrödinger's microbes: Tools for distinguishing the living from the dead in microbial ecosystems

Joanne B. Emerson^{1,19}, Rachel I. Adams², Clarisse M. Betancourt Román^{3,4}, Brandon Brooks^{2,5}, David A. Coif⁶, Katherine Dahlhausen⁶, Holly H. Ganz⁶, Erica M. Hartmann^{3,7}, Tiffany Hsu^{8,9}, Nicholas B. Justice¹⁰, Ivan G. Paulino-Lima¹¹, Julia C. Luongo¹², Despoina S. Lymperopoulou⁷, Cinta Gomez-Silvan^{10,13}, Brooke Rothschild-Mancinelli¹⁴, Melike Balk¹⁵, Curtis Huttenhower^{8,9}, Andreas Nocker¹⁶, Parag Vaishampayan¹⁷ and Lynn J. Rothschild¹⁸

El uso del ARN como objetivo molecular para microbios vivos tiene sentido desde el punto de vista biológico, ya que la transcripción se encuentra entre los primeros niveles de respuesta celular a los estímulos

		Mx AGUA	Mx SEDIENTO
Legend	Taxonomy	%	%
	D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;D_10_Malvales;D_11_Gossypium;D_12_Gossypium arboreum	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;D_5_Pyramimonadales;D_6_Pyramimonas;Other	0.0%	0.3%
	D_0_Eukaryota;D_1_Archaeplastida;D_2_Chloroplastida;D_3_Charophyta;D_11_Poales;D_12_Zea;D_13_Zea mays	0.0%	0.1%

Biodiversity and ecology

Ecological, physiological, and biomolecular surveys on microalgae from Ross Sea (Antarctica)

Carlo Andreoli, Isabella Moro, Nicoletta La Rocca, Luisa Dalla Valle, Luciano Masiero, Nicoletta Rascio & ...show all

Pages 147-156 | Published online: 28 Jan 2009



<https://www.sciencephoto.com/media/726754/view/pyramimonas-green-algae-lm>

De todas estas especies esperadas, se encontró el alga del género *Pyramimonas*, reportada previamente.

SUPERGRUPO SAR

5% en la muestra de agua y
3.4% en la muestra de
sedimento marino

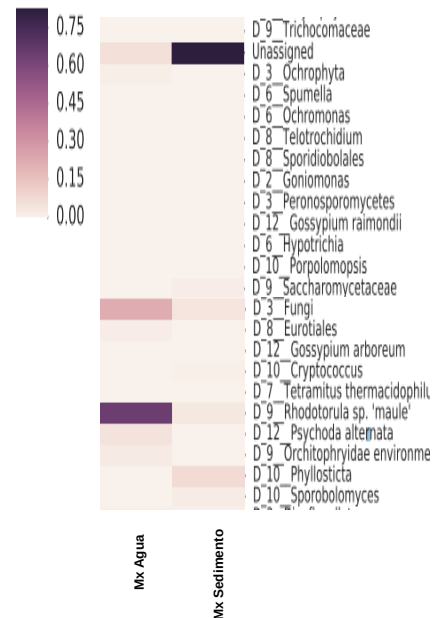
Stramenopiles, Alveolates y Rhizaria.

Comprende organismos muy diversos, desde depredadores, parásitos, incluyendo ciliados, flagelados y ameboides

		Mx AGUA	Mx SEDIMENTO
Legend	Taxonomy	%	%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Ciliophora;D_6_Oligotrichia;D_7_Strombidium;D_8_uncultured eukaryote	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Ciliophora;D_7_Colpoda;D_8_Colpoda;D_9_Orchitophryidae environmental sample	2.2%	0.0%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Dinoflagellata;D_6_Kareniceae;Other;Other	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Dinoflagellata;Other;Other;Other	0.8%	0.9%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Protalveolata;D_4_Syndiniales;D_5_Syndiniales Group I;D_6_uncultured eukaryote	0.0%	1.2%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Protalveolata;D_4_Syndiniales;D_5_Syndiniales Group III;Other	0.0%	0.1%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;D_3_Protalveolata;D_4_Syndiniales;Other;Other	0.0%	0.2%
	D_0_Eukaryota;D_1_SAR;D_2_Alveolata;Other;Other;Other;Other	0.8%	0.0%

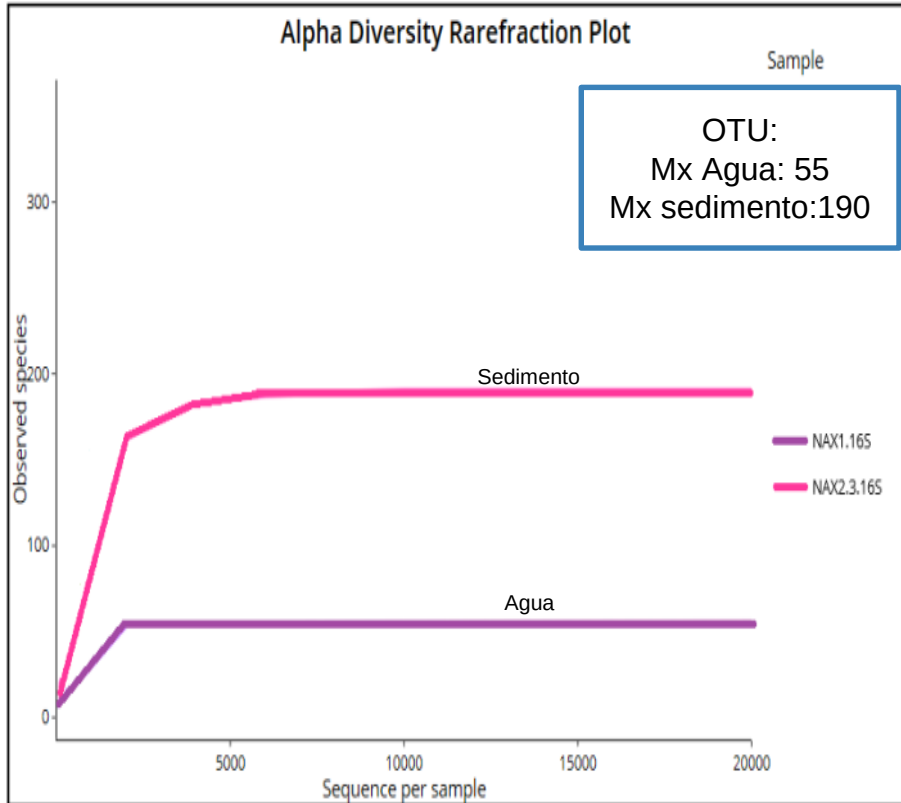
Son secuencias de genomas que se empezaron a identificar y reconocer gracias al auge de la metagenómica. Su principal función parece ser la fijación de CO₂ en los océanos.

WORDEN Z et al.

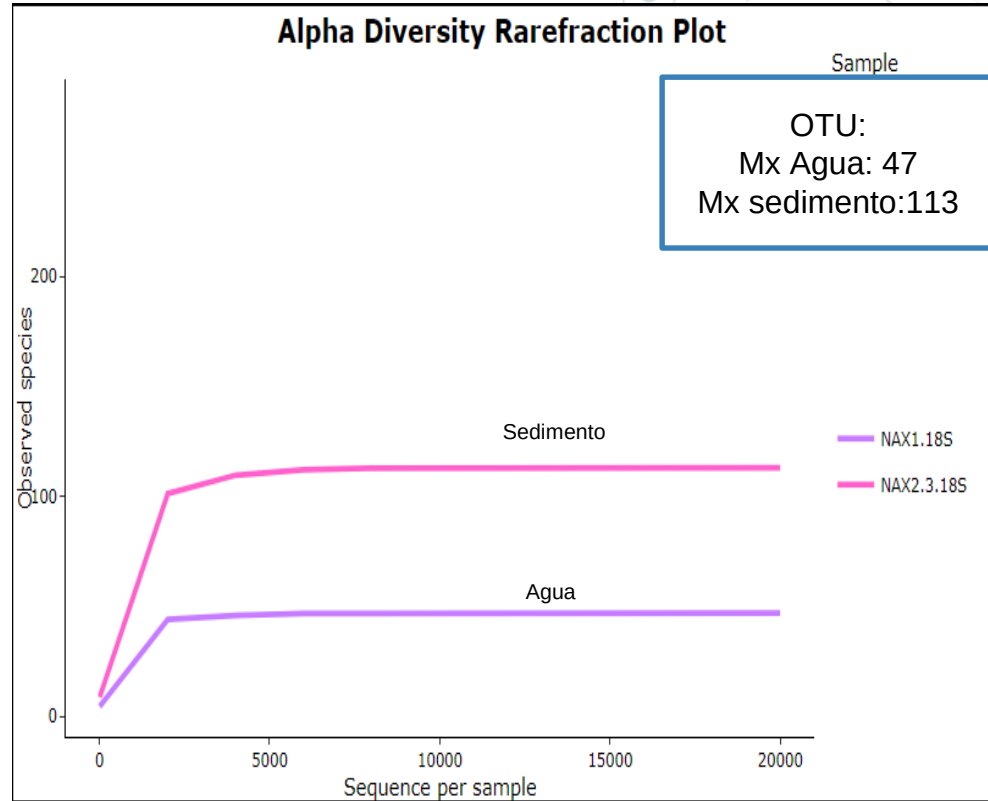


CURVAS DE RAREFACCIÓN, REPRESENTAN LA DIVERSIDAD ALFA

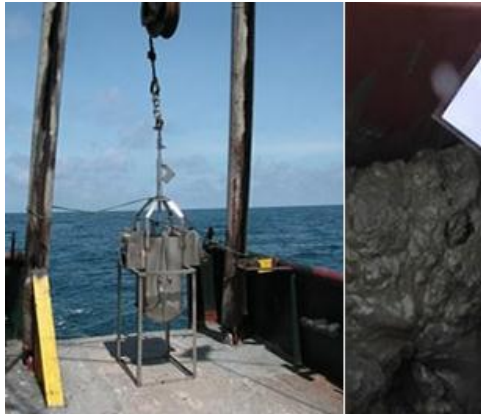
ANÁLISIS DEL ARNr 16S



ANÁLISIS DEL ARNr 18S



Según **Valdes J**, el material que sedimenta en el ambiente marino puede tener su origen en el continente o en el océano. Este material puede ser de naturaleza inorgánica (p. ej., minerales) u orgánica (restos y/o desechos de organismos).



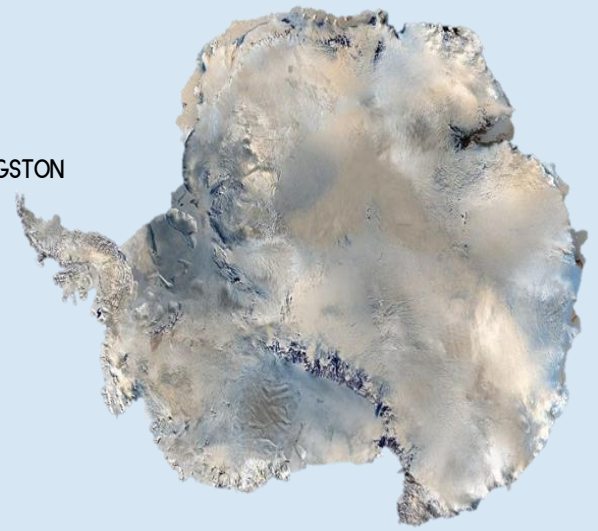
<https://www.sciencephoto.com/media/726754/view/pyramimonas-green-algae-lm>

Volumen de las muestras de agua que se estudiaron era muy bajo de tan solo 40 ml

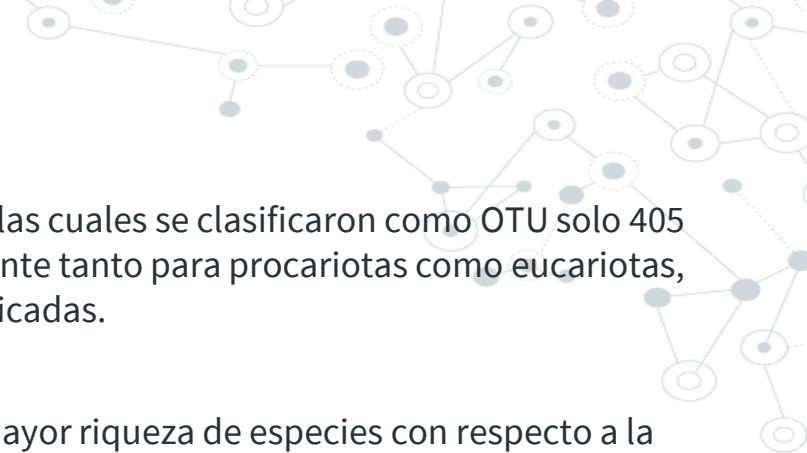
Puentes A. Caracterización metagenómica de las termas de Choconta, Cundinamarca. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca.

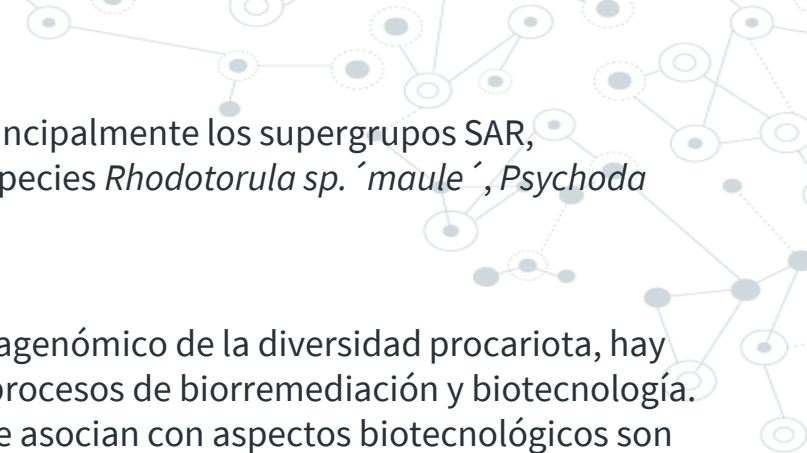
Los volúmenes de agua filtradas alcanzaba los **2000ml**, las secuencias OTUs que se encontraron fueron **654**

ISLA LIVINGSTON

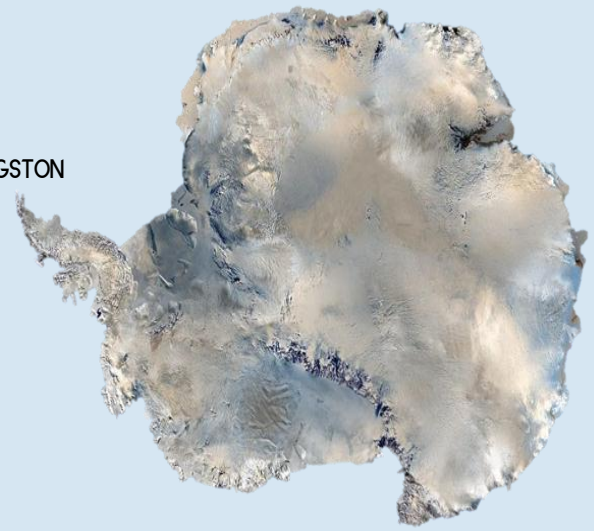


CONCLUSIONES

- 
- 
- En el análisis se obtuvieron 244390 secuencias crudas, de las cuales se clasificaron como OTU solo 405 secuencias. El 41% de estas se clasificaron taxonómicamente tanto para procariotas como eucariotas, y el 59% restante correspondieron a secuencias no identificadas.
 - En la muestra de sedimento marino tipo lodo se obtuvo mayor riqueza de especies con respecto a la muestra de agua marina.
 - El análisis del gen ARNr 16S permitió identificar en las muestras estudiadas principalmente los phylum Proteobacteria, Actinobacteria, y Firmicutes, las familias Oxalobacteraceae y Pseudomonadacea, así también dentro de estos los géneros *Pseudomonas* y *Novosphingobium* y las especies *Polaribacter irgensii*, *Anoxybacillus kestanbolensis*, *Bacillus firmus*, *Bacillus flexus*, *Paenibacillus lautus*, *Carnobacterium viridan*, *Vagococcus salmoninarum*, *Veillonella dispar*, *Bosea genosp*, *Sphingomonas wittichii*, *Methylobacter mobilis*, y *Haemophilus parainfluenzae*.

- 
- 
- En el análisis del gen ARNr 18 se pudieron identificar, principalmente los supergrupos SAR, Opisthokonta, y Archaeplastida; y dentro de estos las especies *Rhodotorula sp. 'maule'*, *Psychoda alternata*, *Zea Mays* y *Gossypium arboreum*.
 - De los microorganismos identificados en el estudio metagenómico de la diversidad procariota, hay microorganismos que se relacionan en su mayoría con procesos de biorremediación y biotecnología. Para el caso de los eucariotas los organismos que más se asocian con aspectos biotecnológicos son los hongos.
 - Los integrantes del filo proteobacteria se han encontrado asociados en la degradación de hidrocarburos y xenobióticos. De la diversidad encontrada resaltan de este grupo, la familia Oxalobacteraceae y los géneros *Pseudomonas* y *Sphingomonas*. En el filo Actinobacteria, se encontró la familia Micromonosporaceae que se ha relacionado con la industria farmacéutica, de alimentos y de biocombustibles. En el filo Firmicutes, las especies del género *Bacillus*, se conocen como degradadoras de hidrocarburos mediante la formación de consorcios bacterianos. Los hongos de los géneros *Aspegillus* y *Rhizopus* encontrados, se han asociado también a procesos de biorremediación. Las levaduras del género *Rhodotorula* se han relacionado con la producción de biodiesel.

ISLA LIVINGSTON



SUGERENCIAS Y PERSPECTIVAS

Sugerencias

- Es pertinente comparar con más bases de datos como la European Nucleotide Archive (ENA), y bases de datos específicamente de metagenomas como la Metagenomic Rapid Annotations (MG-RAST) o Taxonomer, lo cual permitiría asegurar los resultados.
- Para trabajos de este tipo, es necesario tomar los datos físico-químicos.

Perspectivas

- Continuar con estudios dentro de las ciencias “ómicas” como transcriptómica, proteómica, metabolómica, que permitan el descubrimiento de nuevas enzimas, de metabolitos y la caracterización de las reacciones patogénicas entre microorganismos y plantas o animales, así como la creación de nuevos medicamentos.
- Las OTU obtenidas serán subidas a la base de datos del Genbank siguiendo el protocolo establecido.

PARTICIPACIONES

EXPLORA UN
MUNDO DE
CONOCIMIENTOS
SOSTENIBILIDAD



21-22
NOVIEMBRE

Auditorio Fundadores
Universidad EAN
Sede Nogal

CONGRESO ISUSTAINABILITY 2017

Inscríbete
aquí

 **UNIVERSIDAD EAN**
Ingeniería, Management y Humanidades

Semilleros:
Ingeniería y Humanidades
Gerencia de Investigaciones
Facultad de Administración,
Finanzas, Ciencias Económicas

 **UNIVERSIDAD LIBRE**
Ingeniería

Centro de Investigaciones
Seccional Bogotá
Facultad de Ingeniería

universidadean.edu.co

José Roberto Cely
jrcely@universidadean.edu.co
| Centro de estudios en Bogotá: +57(1) 993 8888 - Ext. 3388
| El Nogal: Calle 79 N° 11-43 Bogotá, D.C. // Colombia, Suramérica

**XVI ENCUENTRO REGIONAL DE SEMILLEROS DE
INVESTIGACIÓN REDCOLSI - NODO BOGOTÁ
CUNDINAMARCA**

Nodo Bogotá Cund.



“SEMILLEROS EN CONCIENCIA”

 **III**
**Congreso Colombiano de
Bioquímica y Biología Molecular**

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, por habernos prestado sus instalaciones y ser ese escenario de tantas experiencias que nunca olvidaremos.

A nuestras familias y amigos por el apoyo en todos los momentos de alegría y desesperación.

A la profesora Martha Lucía Posada, por introducirnos en el proyecto y depositar su confianza en nosotras, por estar siempre presente a pesar de las circunstancias, y ser quien nos impulsa a luchar por nuestros sueños.

A la profesora Ligia Consuelo Sánchez y el profesor Edison Tello, por hacernos partícipes de este increíble proyecto.