



ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD TERMÓFILA DEL GÉISER DE TECOZAUTLA PARA LA IDENTIFICACIÓN DE MICROORGANISMOS CON POSIBLE APLICACIÓN BIOTECNOLÓGICA

Jesús Alberto Segovia-Cruz¹, Alejandro Téllez-Jurado¹, Valeria Souza-Saldivar², Miguel Ángel Anducho-Reyes¹, Yuridia Mercado-Flores¹, Genaro Vargas-Hernández¹, Eneas Aguirre von Wobeser³, ¹Universidad Politécnica de Pachuca, Departamento de Biotecnología, Zempoala, Hidalgo, 43830, ²Universidad Nacional Autónoma de México, Instituto de Ecología, CDMX, 04510, Centro de investigación y Desarrollo en Agrobiotecnología Alimentaria. San Agustín Tlaxiaca, 42162, albertzedd@gmail.com.

Palabras clave: Extremófilos, Termófilos, Metagenómica.

Introducción. Los organismos extremófilos habitan ambientes hostiles o incluso letales para otras formas de vida. De estos se derivan los termófilos los cuales sobreviven en condiciones elevadas de temperatura de entre 60 y 80 °C, mientras tanto para los hipertermófilos la temperatura de crecimiento es superior a los 80 °C. Estos microorganismos presentan propiedades macromoleculares, que los hacen poseedores de un acelerado metabolismo, enzimas fisicoquímicamente estables y en algunos casos pueden ser generadores de antibióticos, metabolitos y pigmentos con rendimientos que son similares a las especies mesofílicas (1). En México existen ecosistemas extremófilos donde la diversidad microbiana de estos aún no ha sido investigada completamente, tal es el caso del géiser de Tecozautla del cual emana agua alcalina y azufrada con temperaturas de 95 °C lo cual le confiere las condiciones para el desarrollo de este tipo de microorganismos. Es por esta razón que el objetivo de este trabajo es conocer la diversidad microbiana procarionta termófila del géiser de Tecozautla mediante metagenómica para la identificación de bacterias con posible aplicación en procesos biotecnológicos.

Metodología. Se tomaron cuatro muestras provenientes de depósitos de sales (Gr1), tapetes microbianos (Gr2), biopolímeros (Gr3) y sedimentos (Gr4) del géiser de Tecozautla (20°34'40.8"N 99°41'35.0"W) ubicado en Hidalgo, México. Consecutivamente se extrajo el DNA metagenómico del cual se secuenció la región V3-V6 del gen 16S rRNA mediante la plataforma MiSeq Illumina. El análisis de las lecturas inicio con tagcleaner para la eliminación de los cebadores. Se continuo con Trimmomatic para el filtrado de calidad bajo los parámetros phred33 con puntajes de calidad q20 (2). Las secuencias obtenidas se ingresaron a Quatitative Insights Into Microbial Ecology (QIIME2-2019.1) donde se eliminaron las quimeras y se agruparon las secuencias de *novu* en unidades taxonómicas operativas (OTUs) a 97% de umbral de similitud usando Vserch para ambos casos (3). La asignación taxonómica fue realizada con las bases de datos Green Genes y el análisis de diversidad α y β se realizó con el complemento q2-diversity. Además, se realizó la predicción de funciones metabólicas con estados no observados en la plataforma web Galaxy-PICRUSt usando de referencia las bases de datos de KEGG (4).

Resultados. Se identificaron un total de 2 reinos, 32 *phyla*, 72 clases, 74 ordenes, 74 familias y 42 géneros. En la Figura 1, se muestran la distribución a nivel de *phyla* para las cuatro muestras, donde se observa que *armatimonadetes*, *chloroflexi*, *cyanobacteria*, *bacteroidetes* y *protobacteria* fueron los más abundantes.

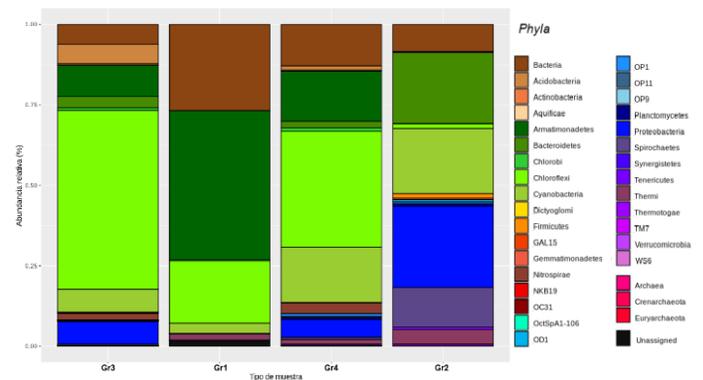


Figura 1. Abundancia relativa a nivel de *phyla* en 4 muestras del géiser de Tecozautla.

En cuanto a la diversidad α (Tabla1), la Good's coverage indica que el esfuerzo de muestreo fue apropiado para obtener las OTU's más abundantes. El índice de Shannon predijo que las muestras son altas en diversidad en todos los casos. La métrica de Chao1 estimó la diversidad de microorganismos presentes en cada una de las muestras y el índice de Simpson calculó la probabilidad de dominancia de algún grupo microbiano en particular, lo cual es diferente en cada muestra.

Tabla 1. Índices de riqueza y diversidad.

| Muestra | Good's coverage (%) | Shannon | Chao1 | Simpson |
|---------|---------------------|---------|-------|---------|
| Gr1 | 100 | 3.31 | 434 | 0.74 |
| Gr2 | 100 | 5.39 | 75 | 0.96 |
| Gr3 | 100 | 3.27 | 130 | 0.71 |
| Gr4 | 100 | 4.55 | 648 | 0.88 |

Conclusiones. Se identificaron diferentes grupos taxonómicos de bacterias y arqueas, lo cual nos permite comprobar la riqueza y diversidad microbiana en el géiser. Por lo tanto, se puede iniciar con la búsqueda de bacterias de interés biotecnológico.

Agradecimientos. Mis sinceros agradecimientos al CONACyT por la beca de maestría otorgada para esta investigación.

Bibliografía. Mehta R *et al.* (2016) *Biotech*, 6:1-9. Bolger, Lohse M & Usadel B (2014) *Bioinformatics*. 3:2114-2120. Hall M & Beiko R G (2018) 16S rRNA Gene Analysis with QIIME2. En: *Microbiome Analysis. Methods in Molecular Biology. Vol. 1849*. Beiko R, Hsiao W & Parkinson J (eds), Humana Press, New York, NY. pp 113-129. Afgan A *et al.* (2018) *Nucleic Acids Res.* 1-9.

