



XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD DEL FITOPLANCTON DE ECOSISTEMAS ARRECIFALES COSTEROS MEDIANTE MÉTODOS NO CONVENCIONALES.

Alejandra Torres Ariño^{1,2}, Delia I. Rojas Posadas¹ y Norma Y. Hernández Saavedra¹

¹Laboratorio de Genética Molecular, Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR). Mar Bermejo No. 195, Col. Playa Palo de Santa Rita Apdo. Postal 128; La Paz, BCS 23090, México. nhernan04@cibnor.mx

²Laboratorio de Biotecnología de Microalgas, Universidad del Mar (UMAR), Cd. Universitaria s/n, Puerto Angel, Oaxaca 70902.

Palabras clave: biodiversidad, fitoplancton, herramientas moleculares.

Introducción. Los océanos constituyen el hábitat más grande y probablemente el más diverso en términos de especies. Aún así, existe mucho desconocimiento de las comunidades microbianas planctónicas. La recuperación mínima de cepas mediante las técnicas tradicionales, ha hecho necesaria el empleo de herramientas moleculares que no dependen del cultivo de los microorganismos⁽¹⁾. La secuenciación de bibliotecas de clonas a partir del ADN ribosomal amplificadas del DNA ambiental está revolucionando nuestro entendimiento de la diversidad y ecología del fitoplancton⁽²⁾. El trabajo busca observar la biodiversidad del fitoplancton de dos ecosistemas costeros, así como las variaciones espacio-temporales durante los periodos frío y cálido (2009-2010).

Metodología. La temporalidad del muestreo se determinó mediante el registro de temperatura (superficie, media agua y fondo) con una sonda YSI58. A partir de muestras ambientales de Bahía La Paz (BLP) y Bahía Tortugas (BT), B.C.S., México, recolectadas verticalmente (0-15m) con una red de plancton (20µm). Se obtuvo el ADN ambiental empleado para la construcción de bibliotecas de clonas ambientales (BC) mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) multiprimer⁽²⁾ (Fig. 1). El análisis de secuencia (aprox. 500 clonas) se está llevando a cabo para determinar la representatividad de grupos taxonómicos; mientras que muestras de diferente profundidad (1.5 L) fueron colectadas en membranas de Nitrocelulosa (0.47µm) mediante vacío para la obtención de huellas digitales como el Polimorfismo de cadena sencilla (SSCP) y así determinar el perfil de la comunidad⁽³⁾.

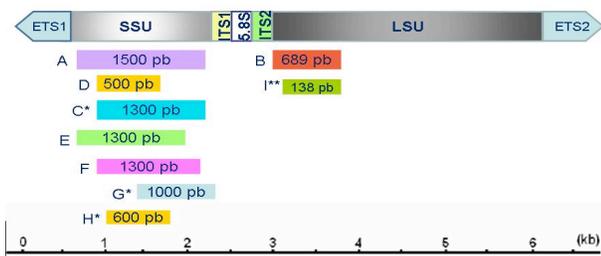


Fig. 1. Representación de los productos de PCR obtenidos a partir de varias parejas de cebadores para la construcción de las BC y el SSCP**. 18ADNr (ABDEFI), 16SADNr(*)

Resultados. Se reconocieron tres periodos con base en la temperatura superficial: frío, intermedio y cálido correspondientes a los meses de marzo (21.8 °C), noviembre (25.7 °C) y agosto (29.7 °C) para BLP y julio (13.6 °C), marzo (15.6 °C) y noviembre (22 °C) para BT, respectivamente. Se presentaron patrones específicos (1 sólo amplicón) y compuestos (más de un amplicón) siendo los grupos derivados: Bacterias, Eucariotas, Cianoprokariotas y Fitoplancton (Fig. 2). De las 8 bibliotecas clonales obtenidas, 3 son de BLP y 5 de BT; estas bibliotecas se encuentran en proceso de secuenciación, así como los análisis SSCP.

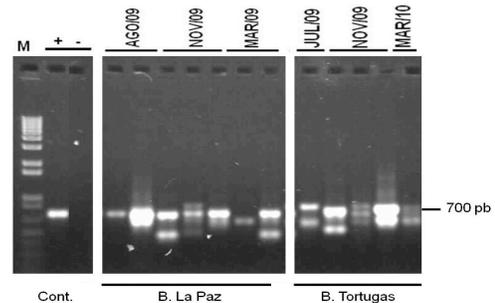


Fig. 2. Amplicones para la fracción del fitoplancton a partir de ADN genómico ambiental de BLP y BT en las temporadas cálida, intermedia y fría. ADN amplificado con el primer LSU(DIR)F/ LSU(D2C)R. Gel de agarosa TBE al 1%. Técnica de tinción: EtBr.

Conclusiones. Los métodos moleculares para el análisis de comunidades del fitoplancton hacen posible complementar y/o corroborar los métodos tradicionales, de manera expedita, para obtener información sobre aspectos ecológicos como: diversidad, estructura y función.

Agradecimientos. CONACYT: beca 96260; Lab. Genética Molecular (CIBNOR); Proyectos: Biodiversidad y vulnerabilidad en ecosistemas marinos costeros (CONACYT, 083339) y Variabilidad y vulnerabilidad de ecosistemas marinos del noroeste mexicano (CIBNOR, EP3).

Bibliografía.

- Baldauf SL. 2003. *Science*. 300:1703-1706.
- Stoeck T, Hayward B, Taylor GT, Varela R, Epstein SS. 2006. *Protist*. 157:31-43.
- Valentine K, Mehl H, Medlin LK. 2005. *J. Plankton Res.* 27(11):1149-1154.