

**GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN UN LAGO HIPEREUTRÓFICO SUBTROPICAL DE JALISCO**

Díaz-Torres, O., Verduzco-Garibay, M., Senés-Guerrero, C., Gradilla-Hernández, M.S.  
Tecnológico de Monterrey, Escuela de Ingeniería y Ciencias, Zapopan 45201  
[osiris.diaz@tec.mx](mailto:osiris.diaz@tec.mx)

Palabras clave: Metagenómica Shotgun, Antibióticos, Lago Hipereutrófico.

**Introducción.** El Lago Cajititlán está altamente contaminado por descargas de aguas residuales y de residuos de la agricultura y ganadería, lo que ha provocado eutrofización (1). Esta contaminación puede tener graves implicaciones para la salud de la población local debido al consumo de peces contaminados con antibióticos, los cuales tienden a bioacumularse en los peces y pueden causar toxicidad, alergias y resistencia a los antibióticos en las personas (2). Además, estos compuestos no están incluidos en los programas de monitoreo de rutina de los reguladores mexicanos, lo que genera una falta de información sobre su distribución en los sistemas acuáticos, aumentando el riesgo para la salud de la población. El objetivo del estudio es investigar los genes de resistencia a antibióticos (ARGs) en el lago y entender los riesgos ambientales asociados con la contaminación.

**Metodología.** Se realizó un análisis metagenómico shotgun en muestras de agua del Lago de Cajititlán. Se extrajo el ADN microbiano de las muestras y se secuenciaron mediante la plataforma Illumina Novaseq6000. Luego, se procesaron las lecturas utilizando el software bioinformático OmicsBox y se analizaron los contigs para identificar ARGs utilizando el software Abricate. Finalmente, los resultados se representaron gráficamente utilizando RStudio.

**Resultados.**

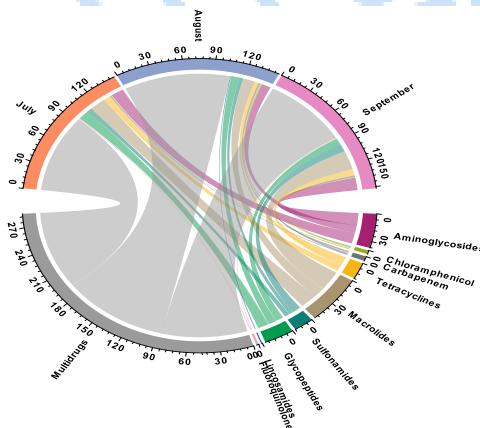


Fig. 1. Distribución de diferentes clases de antibióticos por meses de muestreo.

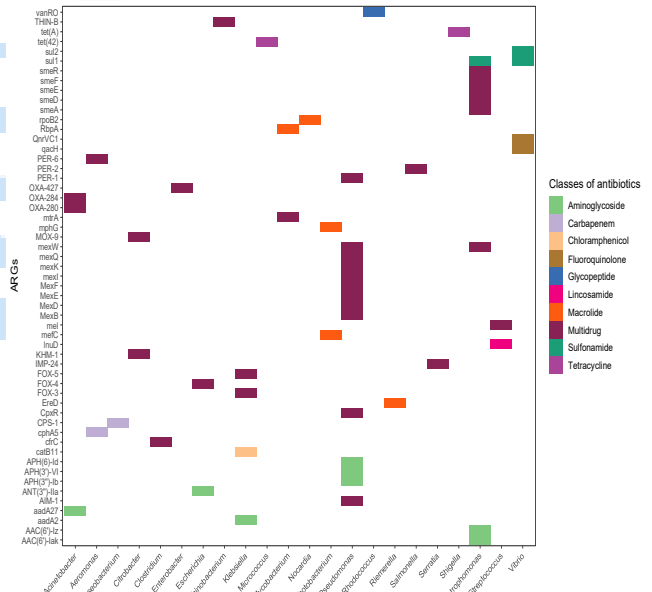


Fig. 2. Distribución de los ARGs y clases de antibióticos en géneros bacterianos.

**Conclusiones.** En el Lago de Cajititlán se identificaron como las más abundantes tres clases de antibióticos (macrólidos, aminoglucósidos, glicopéptidos) y genes de resistencia multidroga como los productos de los ARGs detectados. Los géneros bacterianos *Pseudomonas* y *Stenotrophomonas* presentaron la mayor cantidad de genes de resistencia, lo que podría estar relacionado con su papel en infecciones en humanos y animales, así como con el uso de antibióticos en la agricultura y la ganadería. Se debe tomar medidas para reducir la contaminación del agua y fomentar prácticas sostenibles y responsables en la agricultura y la ganadería para proteger la salud humana y la biodiversidad acuática.

**Agradecimiento.** Gracias al Tecnológico de Monterrey por financiar la secuenciación de muestras a través del Fondo de Semillas Tec-BASE de Genómica 2022.

**Bibliografía.**

- Díaz-Torres O, Lugo-Melchor OY, de Anda J, Orozco-Nunnelly DA, Gradilla-Hernández MS y Senés-Guerrero C. (2022). Front. Microbiol. 13:1037626.
- Arguello-Pérez MÁ, Ramírez-Ayala E, Mendoza-Pérez JA, Monroy-Mendieta MM, Vázquez-Guevara M, Lezama-Cervantes C, ...Tintos-Gómez A. (2020). Water. 12(10): 2721.