



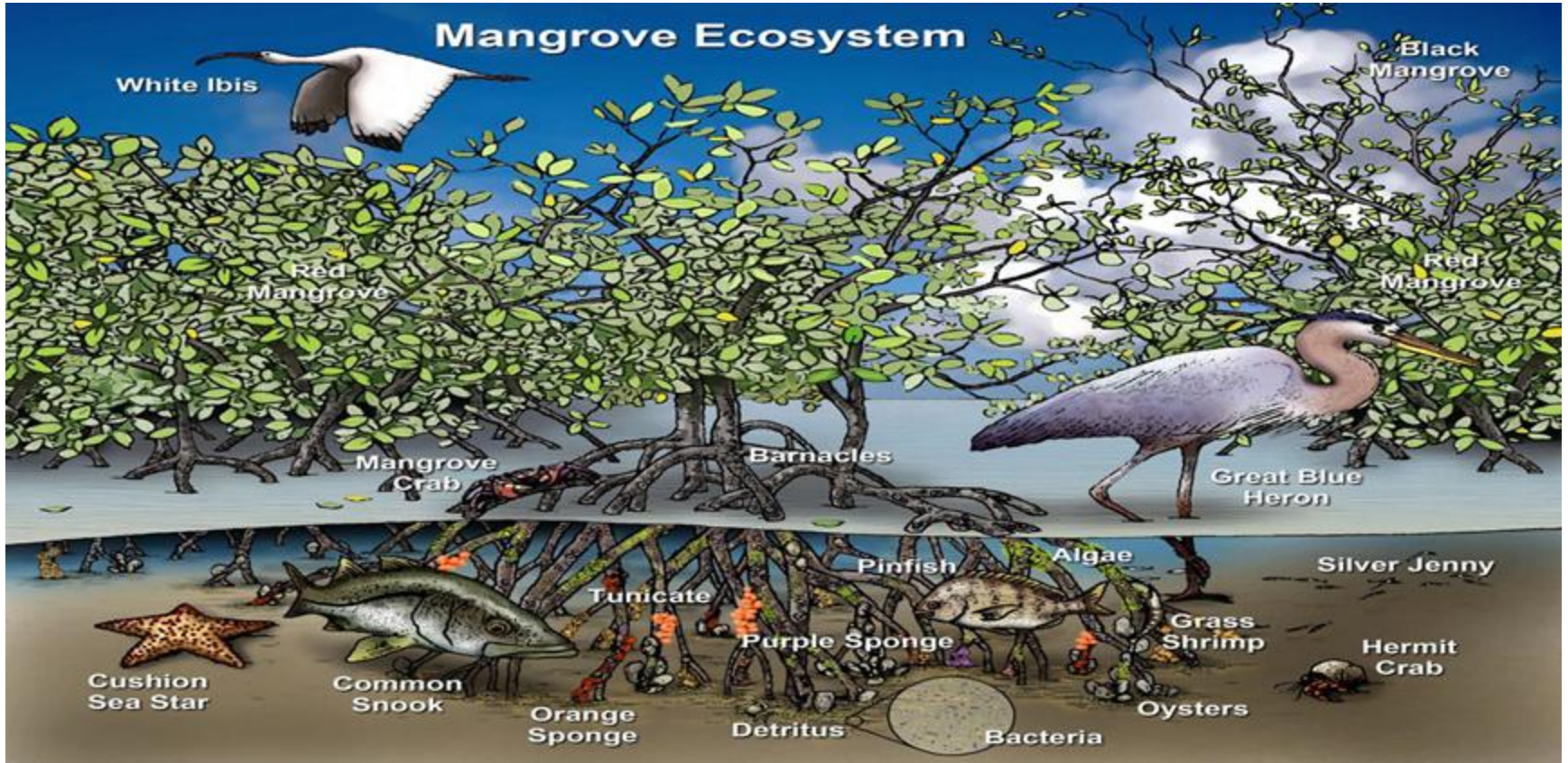
Efecto de la salinidad sobre genes asociados a ciclos biogeoquímicos del manglar de la desembocadura del Río Ranchería, La Guajira.

*Angie Vanessa Sandoval
Maria Camila Rodelo Bernal*

ASESORES

*PhD. MSc. Javier Vanegas Guerrero
PhD. Martha Lucía Posada Buitrago*

Introducción





© 2007 National Geographic Magazine



Porcentaje de
pérdida de manglar

57%

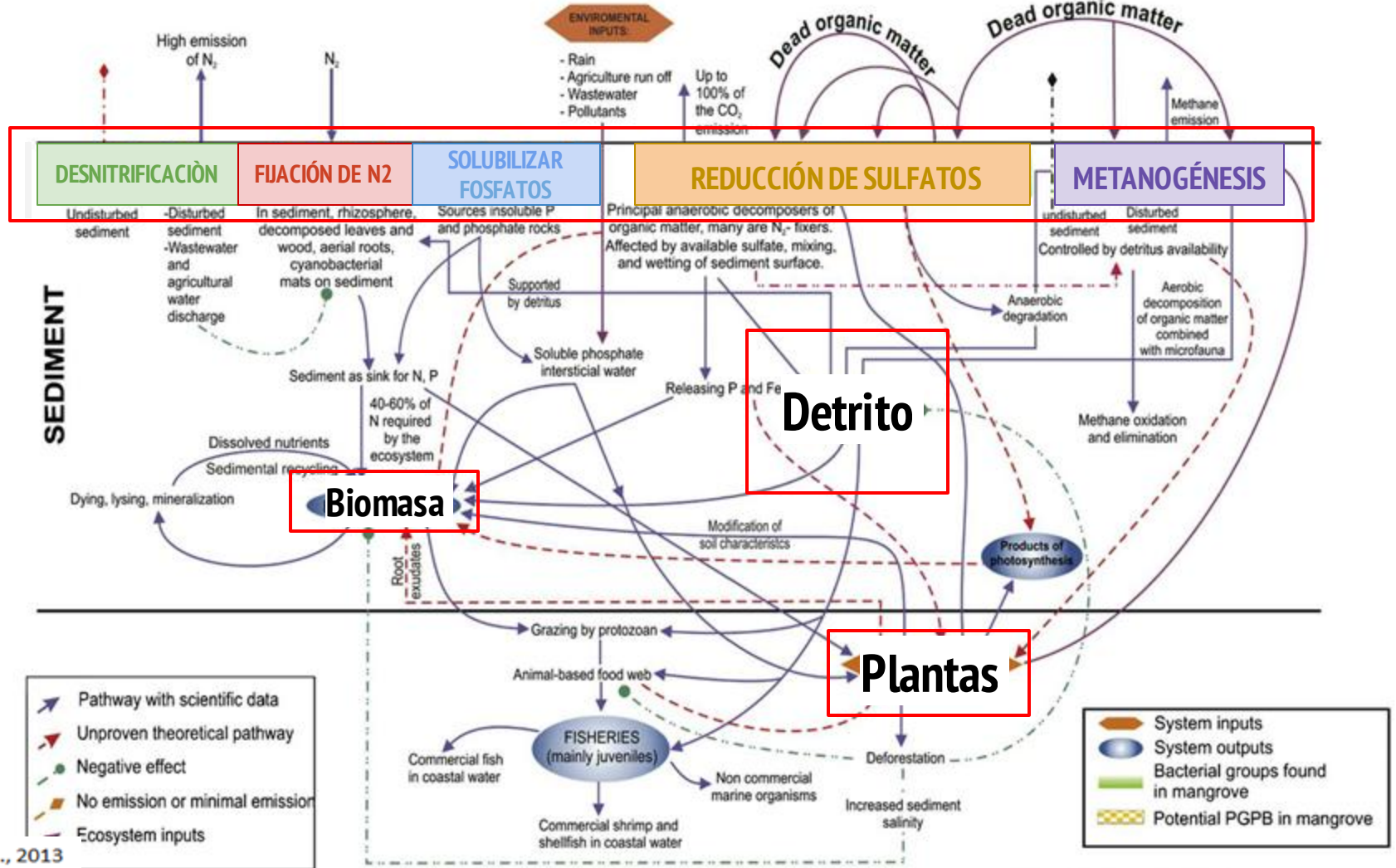
Hectáreas en
1960
501.300



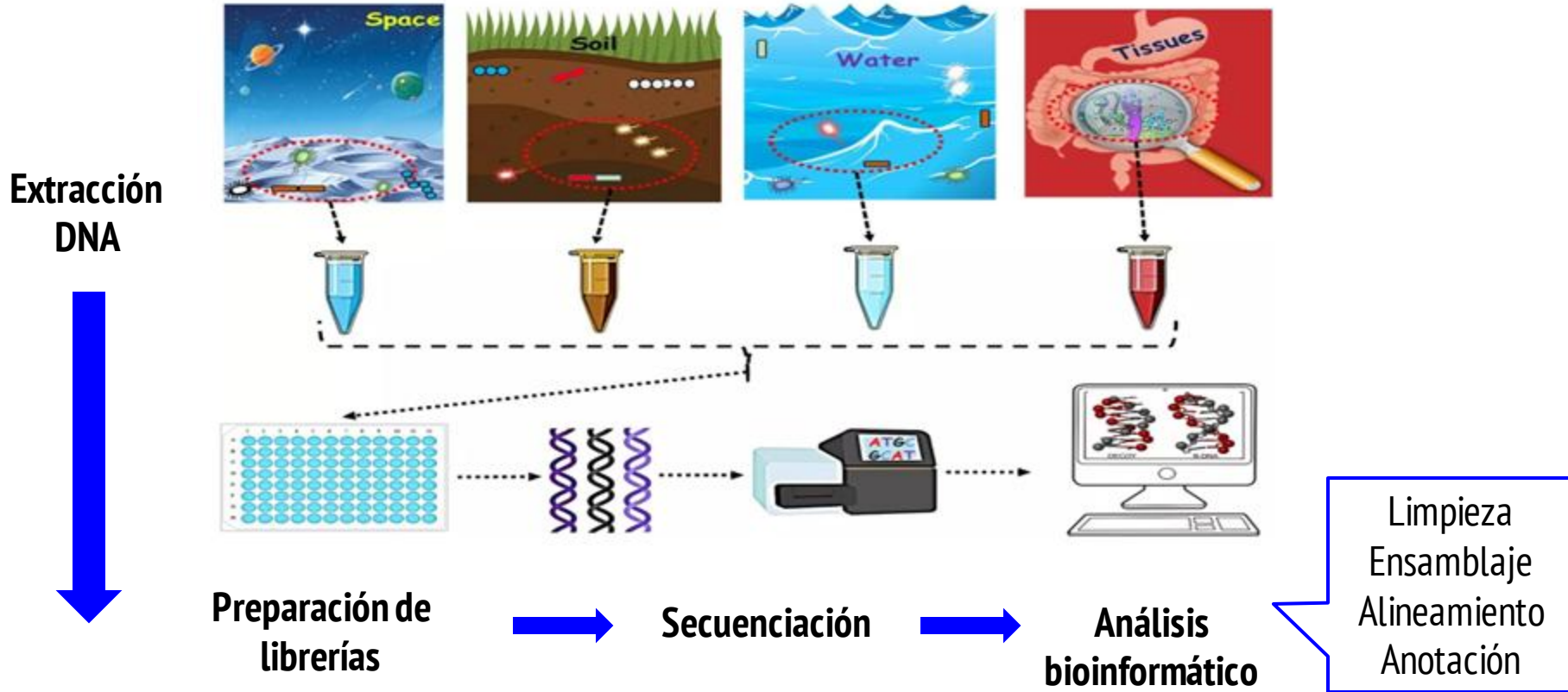
Hectáreas en
2011
213.000



Hipersalinización



Metagenómica



Antecedentes

Metagenómica en manglar

Nogueira., et al 2010

Diversidad taxonómica y funcional / contaminado y no contaminado / Brazil

Cabral., et al 2014

Contaminado y no contaminado / Brasil.

Imchen., et al 2018

Diversidad taxonómica y funcional / India-Brasil-Arabia Saudita.

Antecedentes

Ciclos biogeoquímicos en manglar

Rampadarath., et al 2010

Diversidad taxonómica y funcional / África

Andreote., et al 2012

Contaminado y no contaminado / Brasil.

Thompson., et al 2013

Contaminado y no contaminado / Brasil.

Lin., et al 2018

Diversidad taxonómica y funcional / China.

Antecedentes

Salinidad en manglar

Figueroa., et al 2015

Secuenciación 16S / Diversidad Taxonómica /
Genes Salinidad

Salinidad

Kimbrel., et al 2018

Secuenciación 16S / Resistencia de microorganismos /
Variabilidad de abundancias.

Lozupene., et al 2007

Secuenciación 16S / Salinidad relaciona comunidades
bacterianas.

Objetivos

GENERAL

Determinar el efecto de la salinidad sobre genes asociados a ciclos biogeoquímicos del Nitrógeno, Azufre y Metano del manglar de la desembocadura del Río Ranchería, La Guajira; mediante un análisis metagenómico.

ESPECÍFICOS

```
graph TD; A[ESPECÍFICOS] --> B[1. Determinar los genes más abundantes asociados a ciclos biogeoquímicos.]; A --> C[2. Detectar las abundancias diferencialmente de los genes asociados a ciclos biogeoquímicos.]; A --> D[3. Proponer genes marcadores de salinidad en cada ciclo biogeoquímico.];
```

1. Determinar los genes más abundantes asociados a ciclos biogeoquímicos.

2. Detectar las abundancias diferencialmente de los genes asociados a ciclos biogeoquímicos.

3. Proponer genes marcadores de salinidad en cada ciclo biogeoquímico.

Metodología



Muestras de suelo rizosférico de *Avicennia germinans*
en tres puntos contrastantes de salinidad

Baja 2,8 ‰

Media 14,61 ‰

Alta 61,52 ‰



Extracción de ADN Total

Kit PowerLyzer® PowerSoil® DNA Isolation



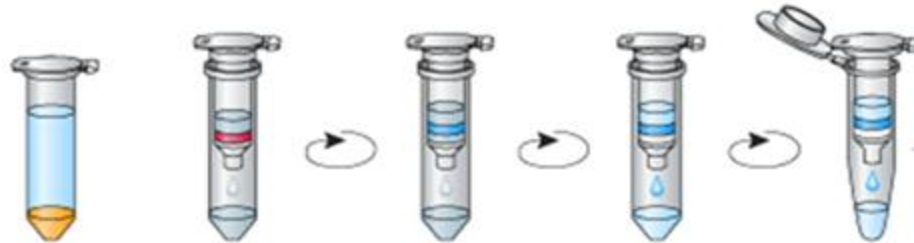
Lisis celular

homog.

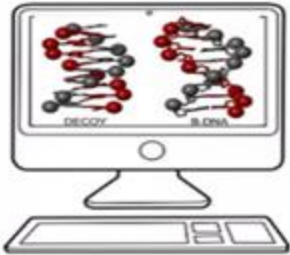
Unión

Lavado

Elución



Análisis Bioinformático



Secuenciación Shotgun / Illumina HiSeq 2500

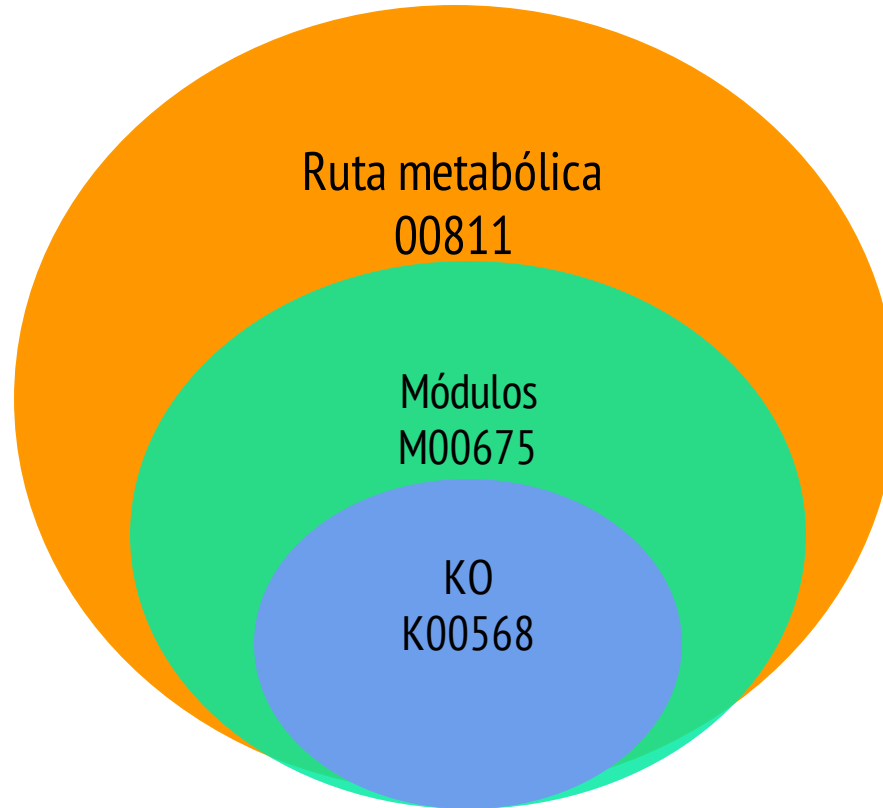
Evaluación de la calidad / Fast QC v. 0.11.2

Limpieza / Trimmomatic v.0.36

Alineamiento / **DIAMOND**
(bases de datos de proteínas NR de NCBI)

Anotación / **MEGAN 5.0** (KEGG)

Base de datos KEGG



KO	gl_4A_R1_8i	gl_4A_R2_8i	gl_4B_R1_8i	gl_4B_R2_8i	gl_4C_R1_8i	gl_4C_R2_8i	gl_2A_R1_8i	gl_2A_R2_8i	gl_2B_R1_8i	gl_2B_R2_8i	gl_2C_R1_8i	gl_2C_R2_8i	gl_3A_R1_8i	gl_3A_R2_8i	gl_3B_R1_8i	gl_3B_R2_8i	gl_3C_R1_8i	gl_3C_R2_8i
K16157	0	0	1	1	3	2	1	3	3	3	1	1	0	1	1	2	3	3
K10944	1	1	1	2	2	1	0	0	2	1	1	2	0	3	0	3	1	0
K10945	0	1	2	2	1	3	1	1	0	1	1	0	1	1	2	0	2	1
K10946	0	1	0	0	1	1	0	0	1	2	1	0	1	0	1	0	2	2
K14028	13	21	30	26	14	15	15	6	17	30	23	22	12	14	16	6	19	14
K16254	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	2
K16255	0	0	0	0	0	0	1	3	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0
K14029	0	0	0	0	0	0	1	1	0	3	0	2	0	1	0	0	0	0
K16257	0	0	1	2	2	2	1	0	2	1	0	0	0	0	0	0	1	2
K16258	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
K16259	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1
K16260	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
K00148	19	32	36	38	55	54	27	20	66	57	40	37	36	61	64	64	50	43
K17067	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	2	5	1	4	1	1	4	2
K03396	9	13	18	13	12	7	10	5	15	18	22	19	9	13	16	13	19	21
K00121	331	735	751	689	732	707	391	343	720	660	764	712	538	930	883	865	973	848
K01070	28	60	78	65	73	84	33	42	52	61	92	82	51	119	111	125	75	102
K00122	144	254	280	273	291	275	165	172	323	320	363	378	178	366	313	317	336	377
K00123	913	1801	1770	1714	1903	1818	886	876	1965	1967	2179	2123	1371	2554	2577	2458	2503	2520
K00124	243	407	436	455	446	436	228	228	492	487	546	505	376	719	718	698	714	669
K00127	8	20	21	13	20	14	7	10	17	16	15	16	10	21	22	28	15	24
K00126	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
K00125	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	0
K05299	8	9	10	7	5	10	5	4	4	3	11	4	0	3	3	6	9	8
K15022	6	13	4	10	4	4	3	4	6	3	4	8	11	21	34	31	14	11
K00192	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
K00197	12	21	15	5	4	10	8	7	10	8	24	17	8	18	6	5	22	26
K00194	1	2	1	0	0	2	1	1	1	0	1	0	2	2	0	0	2	4
K00198	36	66	34	43	60	42	25	24	33	33	77	73	18	37	28	14	85	79

1. Objetivo

Abundancia

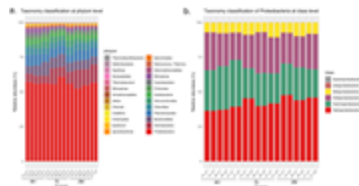
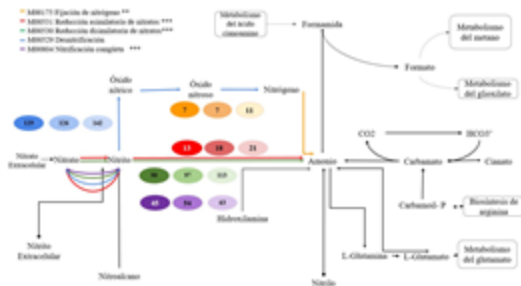
Microbiome Analyst

NORMALIZACIÓN

Reconstrucción de rutas metabólicas

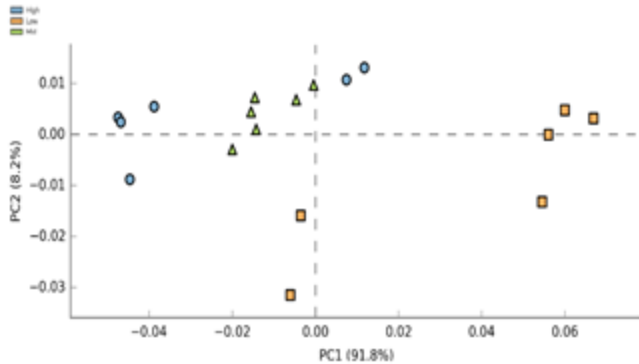
Abundancias taxonómicas

Asociación taxonomía con cada proceso ciclo biogeoquímico



2. Objetivo

Diferencias entre salinidades



Microbiome Analyst

NORMALIZACIÓN

Análisis estadístico de las abundancias **STAMP v2.1.3**

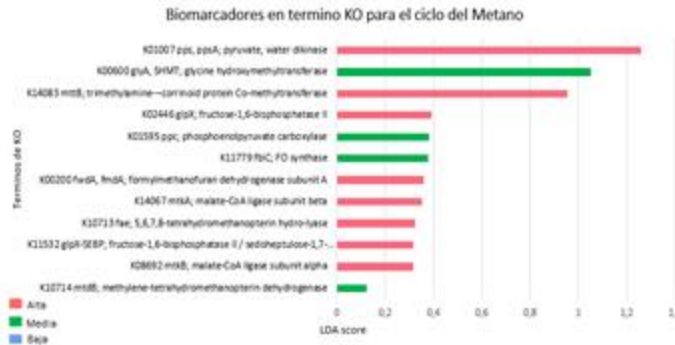
3. Objetivo

Biomarcadores

MicrobiomeAnalyst

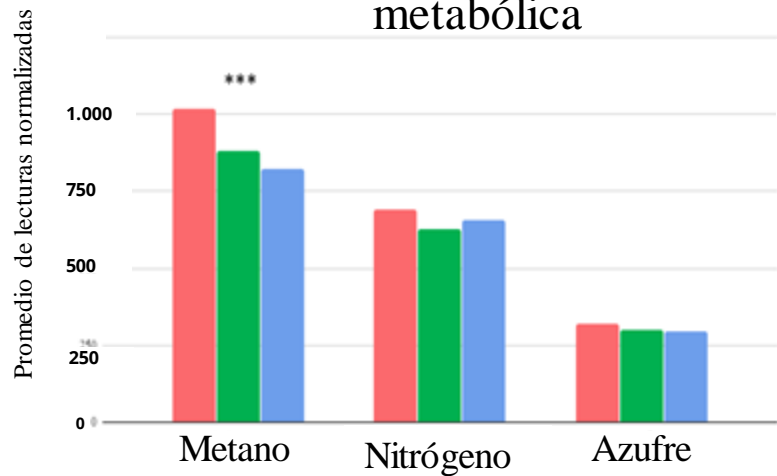
NORMALIZACIÓN

Términos KEGG con potencial marcador por Ciclo Biogeoquímico con LefSeq.



Resultados

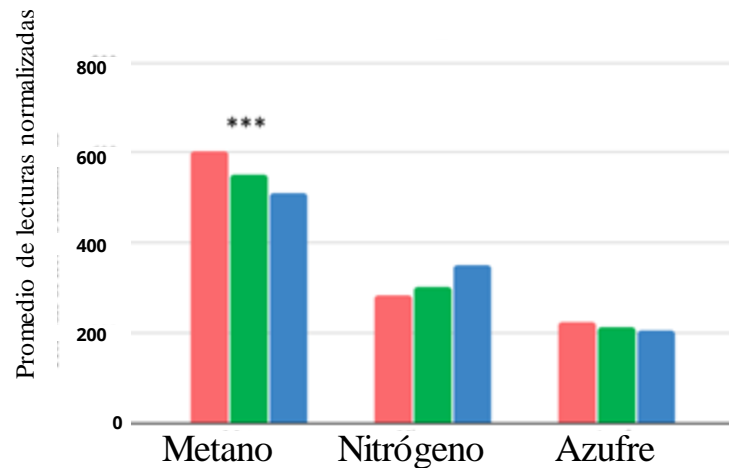
A. Promedio de lecturas por ruta metabólica



Rutas Metabolicas



B. Promedio de lecturas módulos

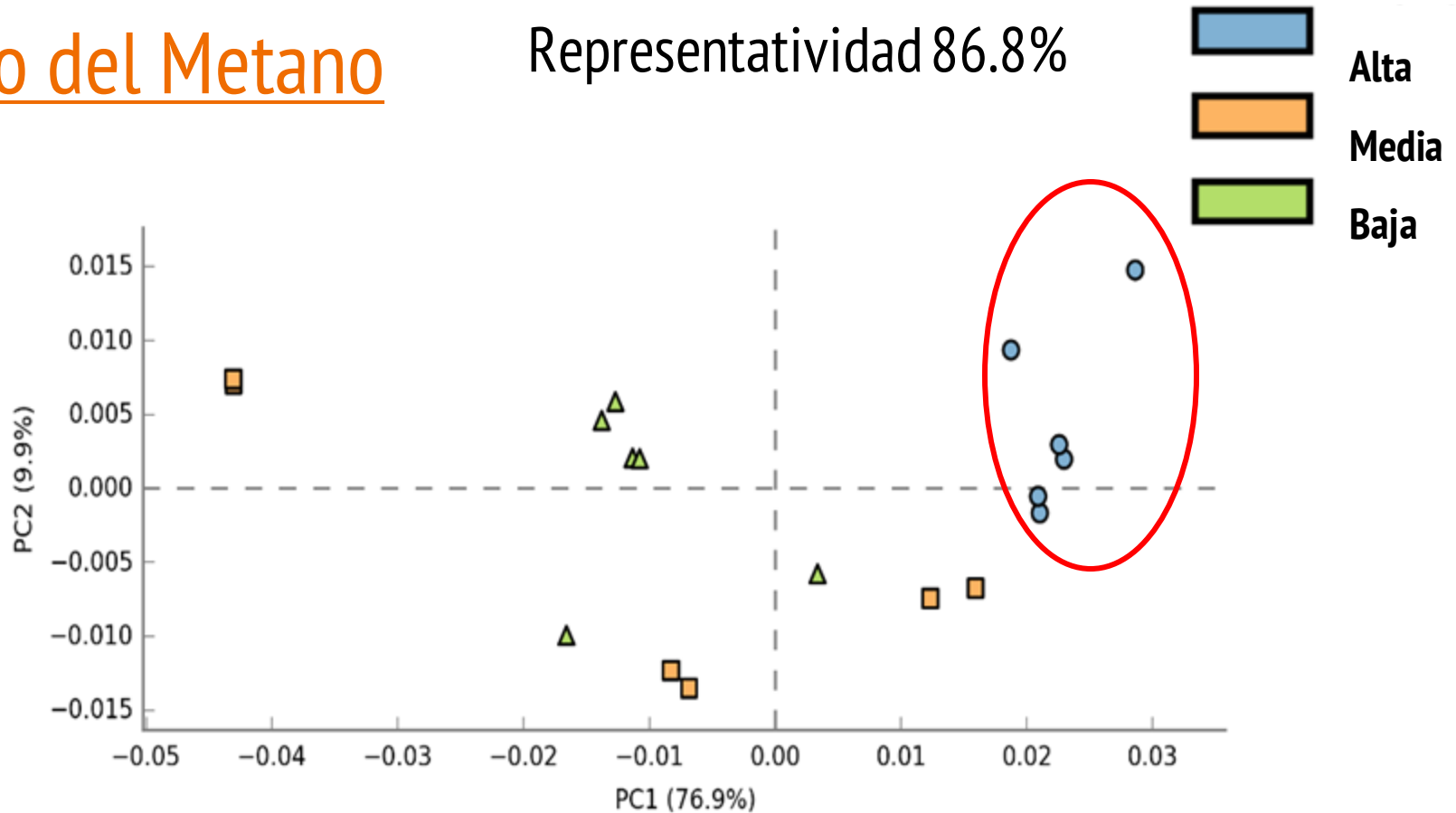


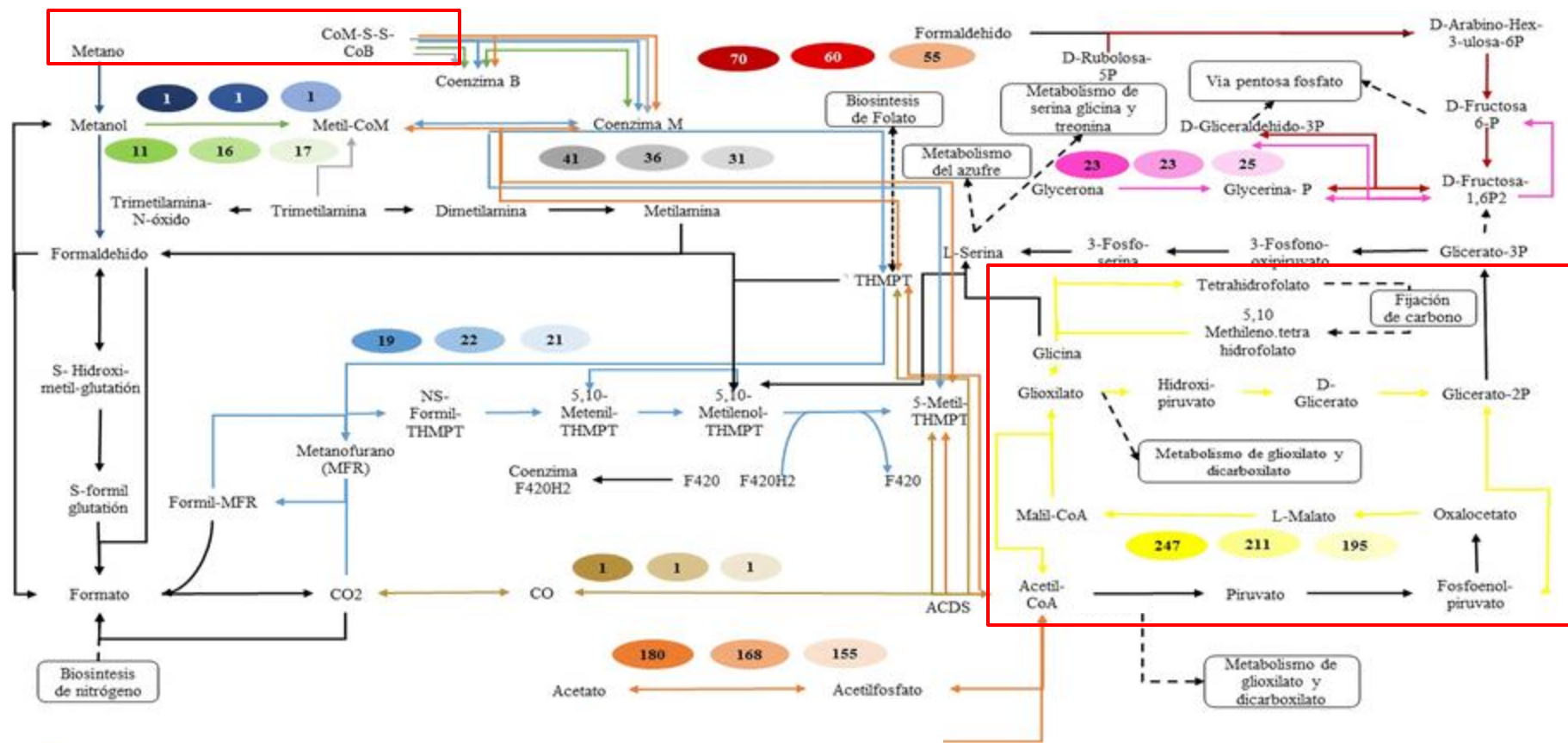
Rutas Metabolicas

*** < 0.05 P. value

Ciclo del Metano

Representatividad 86.8%





M00357 Metanogénesis acetato=metano **

M00567 Metanogénesis CO₂=metano

M00356 Metanogénesis metanol=metano

M00563 Metanogénesis metilamina/dimetilamina/trimetilamina=metano ***

M00358 Biosíntesis Coenzima M biosynthesis

M00174 Oxidación del metano. metanotrofo. metano=formaldehido **

M00346 Asimilación formaldehido, via serina ***

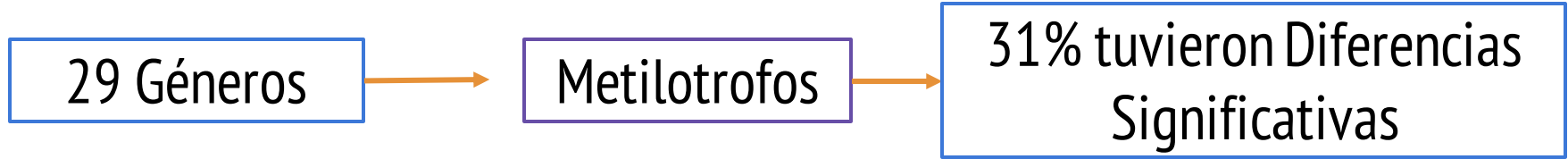
M00345 Asimilación formaldehido, via ribulosa monofosfato***

M00344 Asimilación formaldehido, via xilulosa monofosfato **

M00378 Biosíntesis F420

M00422 Ruta Acetil CoA

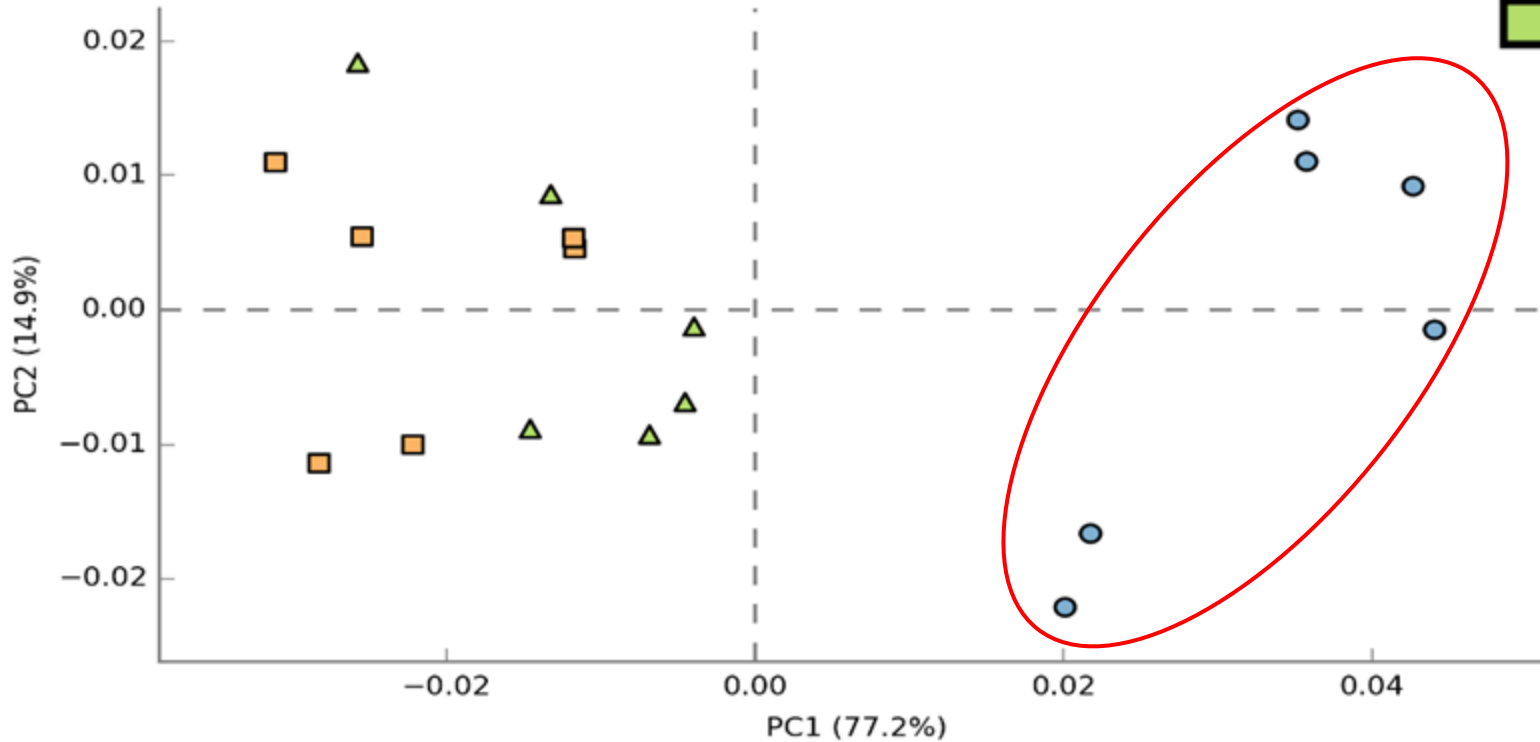
Géneros asociados al Ciclo del Metano



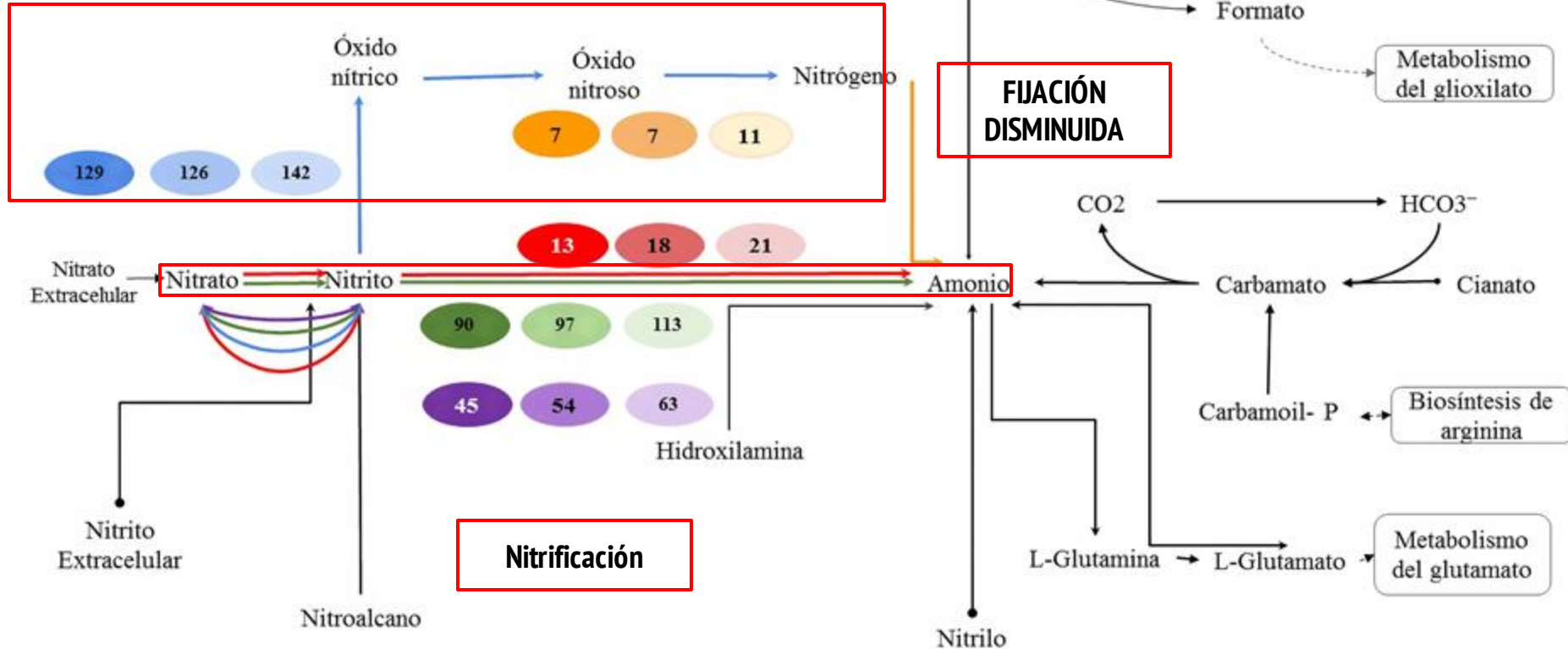
<i>Género</i>	<i>Salinidad</i>
<i>Methylocystis</i>	Baja
<i>Methyloversatilis</i>	Baja
<i>Methylibium</i>	Baja

Ciclo del Nitrógeno

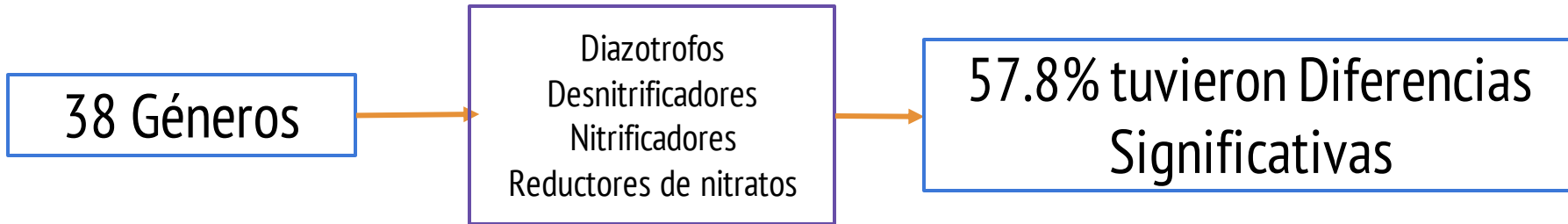
Representatividad 92.1%



- M00175 Fijación de nitrógeno **
- M00531 Reducción asimilatoria de nitratos ***
- M00530 Reducción disimilatoria de nitratos***
- M00529 Desnitrificación
- M00804 Nitrificación completa ***



Géneros asociados al Ciclo del Nitrógeno

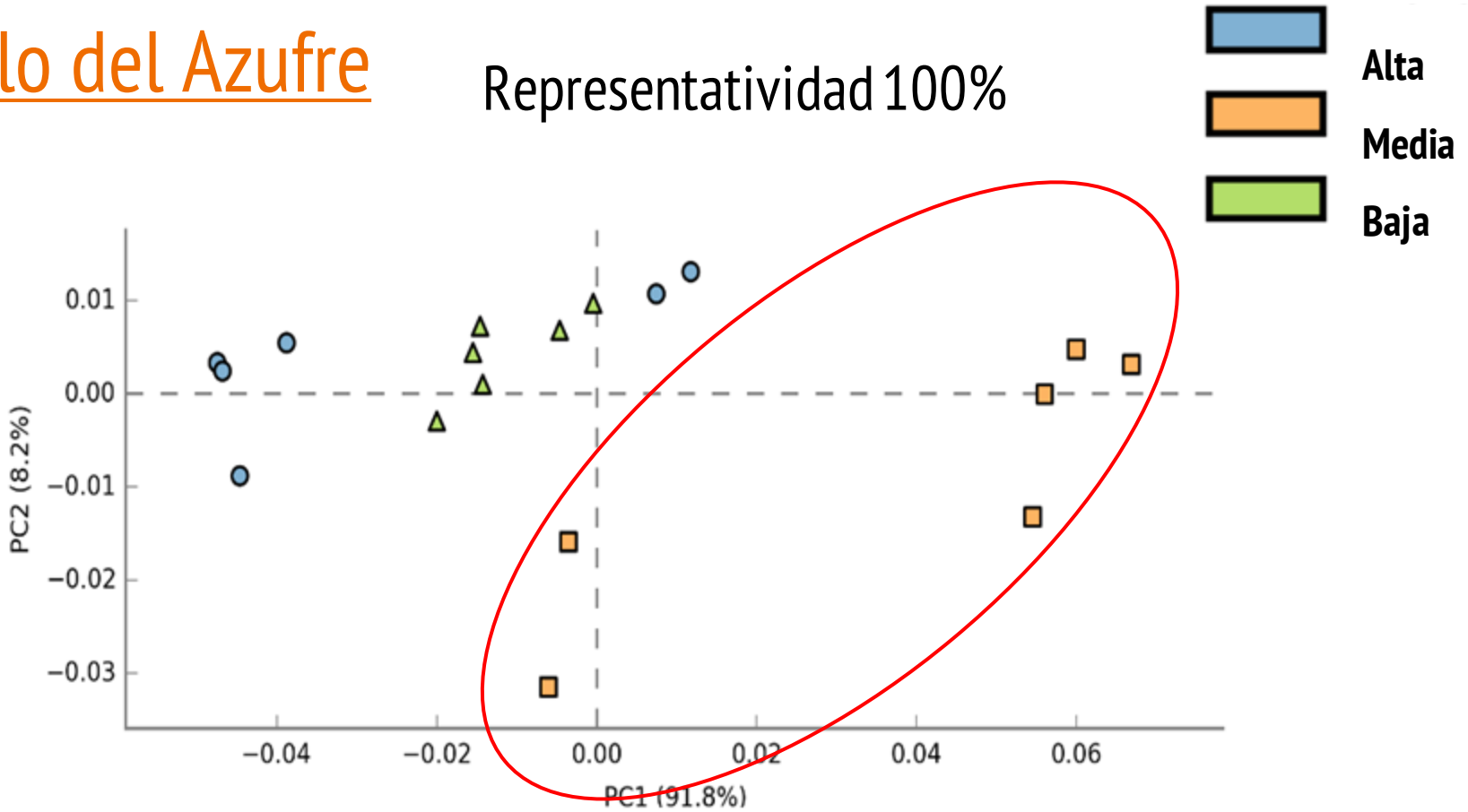


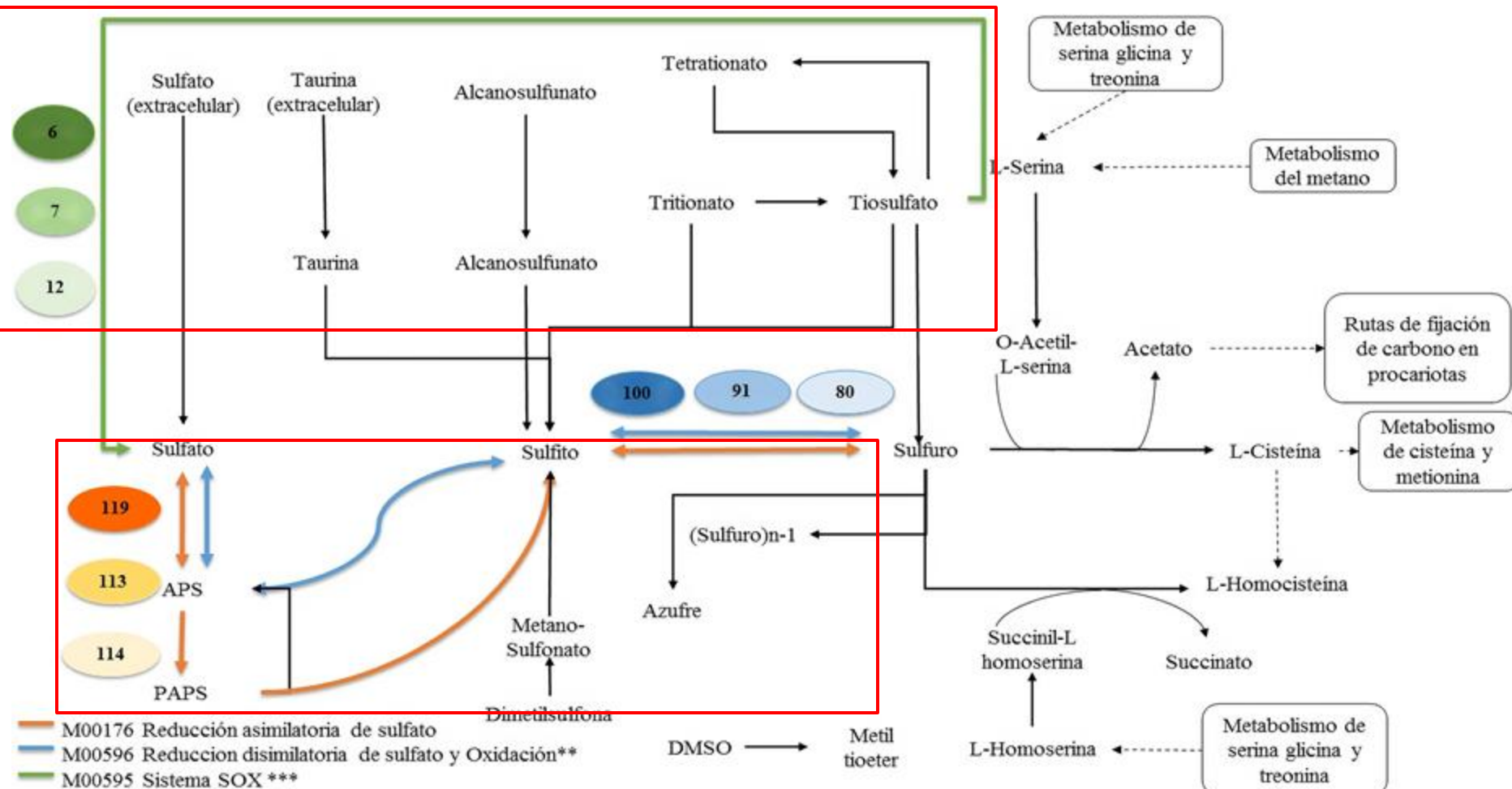
<i>Géneros Diazotrofos</i>	<i>Salinidad</i>
<i>Azospirillum</i>	Alta
<i>Rhodospirillum</i>	Alta
<i>Pseudomonas</i>	Alta

<i>Géneros Desnitrificadores</i>	<i>Salinidad</i>
<i>Nitrospira</i>	Alta
<i>Nitrosococcus</i>	Alta
<i>Nitrospina</i>	Alta

Ciclo del Azufre

Representatividad 100%





Géneros asociados al Ciclo del Azufre



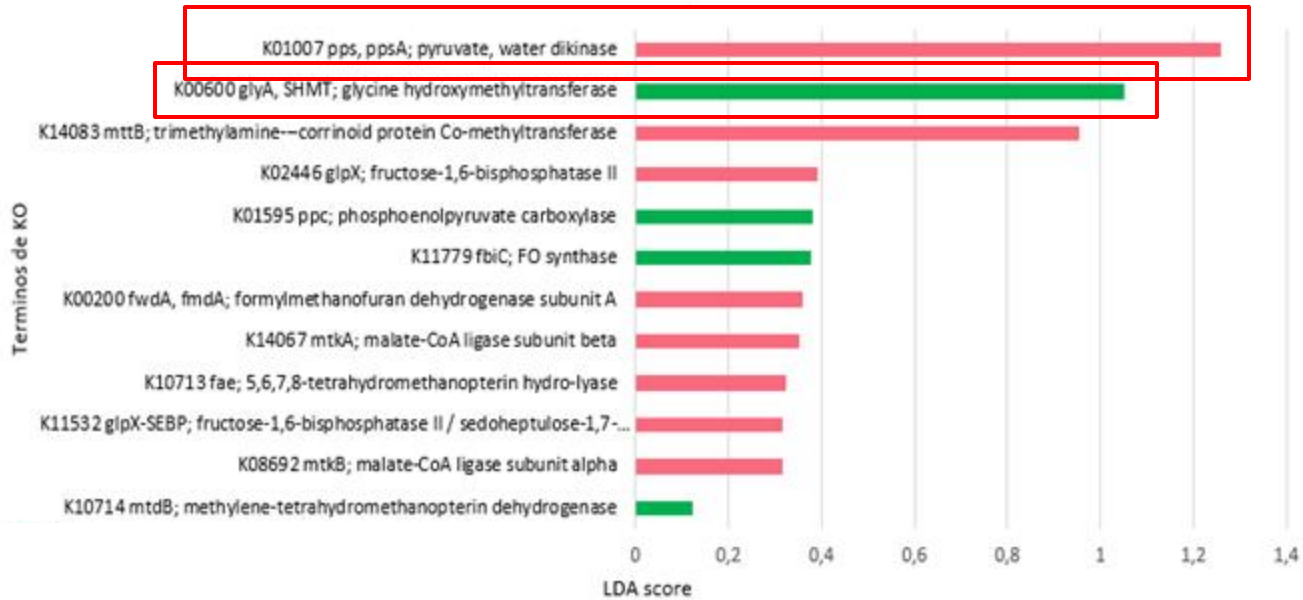
<i>Reductores de sulfato</i>	<i>Salinidad</i>
<i>Desulfobulbus</i>	Alta
<i>Desulfosarcina</i>	Alta
<i>Desulfatiglans</i>	Alta

<i>Oxidantes azufre</i>	<i>Salinidad</i>
<i>Thioalkalivibrio</i>	Alta
<i>Thioploca</i>	Alta
<i>Thermithiobacillus</i>	Alta

Biomarcadores

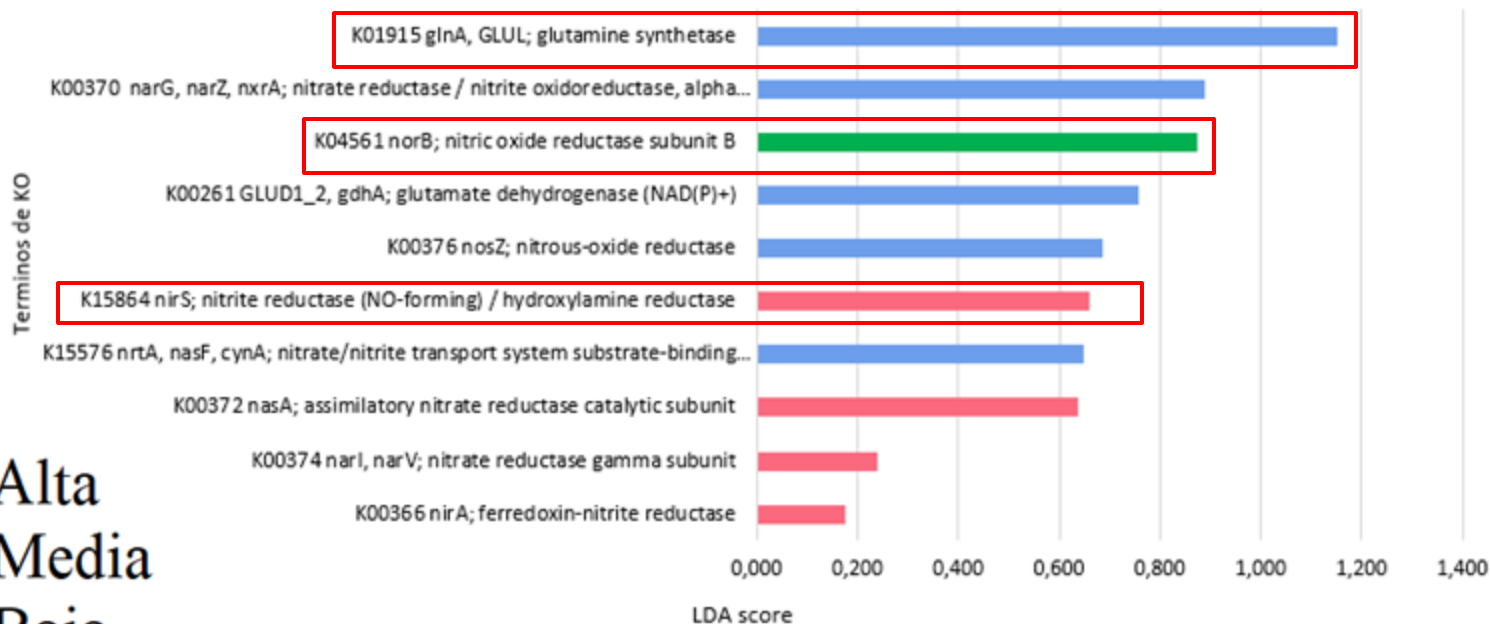
Salinidad Alta	Salinidad Media	Salinidad Baja
17	6	11

Biomarcadores en termino KO para el ciclo del Metano



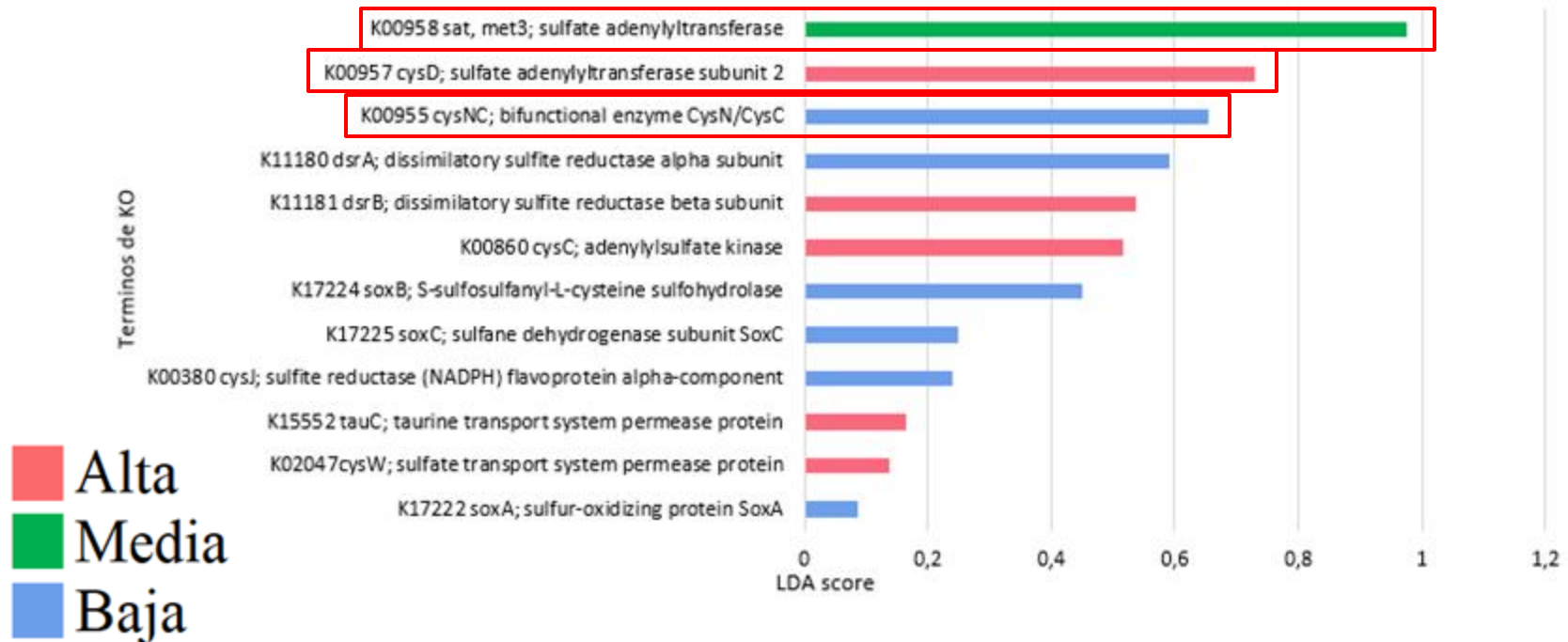
■ Alta
■ Media
■ Baja

Biomarcadores en terminos de KO para el ciclo del N



Alta
Media
Baja

Biomarcadores en terminos KO para el ciclo del Azufre



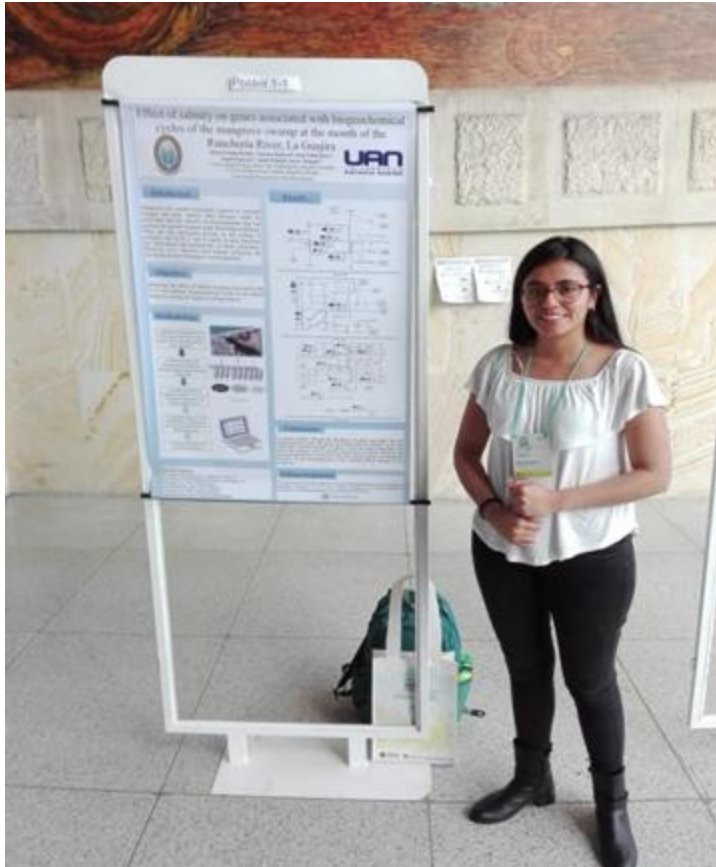
Conclusiones

- En el manglar predominó el ciclo del metano y predominaron las bacterias metanotrofas.
- Para el ciclo del N abundó la desnitrificación y la inhibición de la fijación de N.
- En el ciclo del S prevalecieron los procesos de reducción, representados por las Desulfobacteriales.

El metabolismo del metano fue el único que tuvo un efecto significativo en abundancia entre las tres salinidades. Sin embargo, la salinidad no afectó las categorías funcionales de ningún ciclo, lo que indica la tolerancia de este ecosistema.

Se encontraron 34 genes marcadores, que se vieron representados mayoritariamente en salinidad alta.

Participaciones



World Journal of Microbiology and Biotechnology

Effect of salinity on the bacterial community and functional potential in a semi-arid mangrove using metagenomics

--Manuscript Draft--

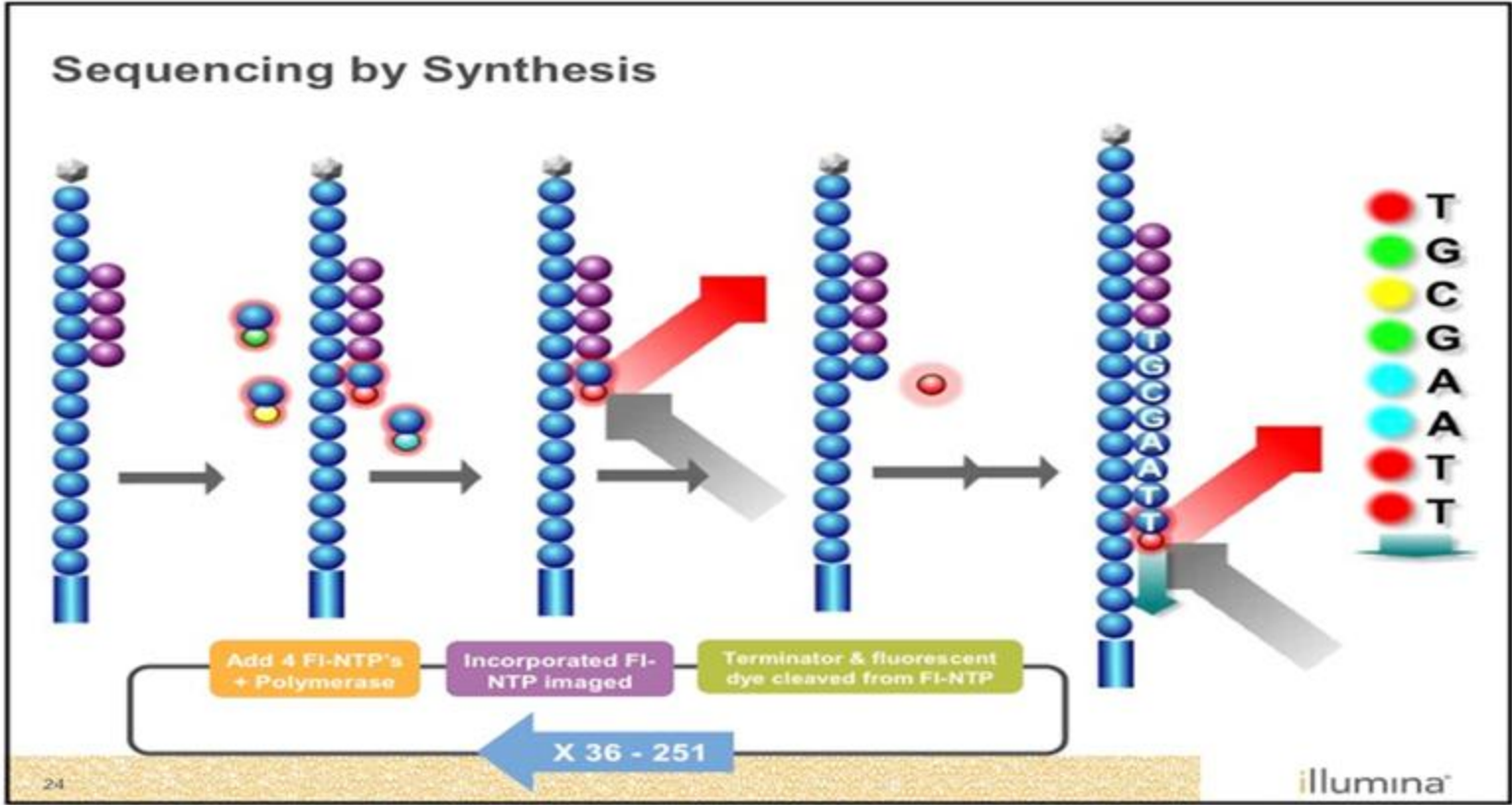
Manuscript Number:	
Full Title:	Effect of salinity on the bacterial community and functional potential in a semi-arid mangrove using metagenomics
Article Type:	Original Article
Keywords:	Salinity, Mangrove, Metagenome, Biogeochemical cycles.
Corresponding Author:	Javier Vanegas Universidad Antonio Narino Bogotá, COLOMBIA
Corresponding Author Secondary Information:	
Corresponding Author's Institution:	Universidad Antonio Narino
Corresponding Author's Secondary Institution:	
First Author:	Javier Vanegas
First Author Secondary Information:	
Order of Authors:	Javier Vanegas Juan Pablo Isaza, Ph.D. Orson Mestanza Angie Vanessa Sandoval-Figueroa Maria Camila Rodelo Ingrid Figueroa-Galvis Luis Fernando Niño Jaime Polanía

Agradecimientos



Financiamiento “Diversidad funcional de microorganismos asociados al ciclaje de C, N y P en el manglar la Ranchería (La Guajira) mediante un acercamiento de metatranscriptómica” Cod. 1233-659-44129 CT.529/14.

Illumina HiSeq





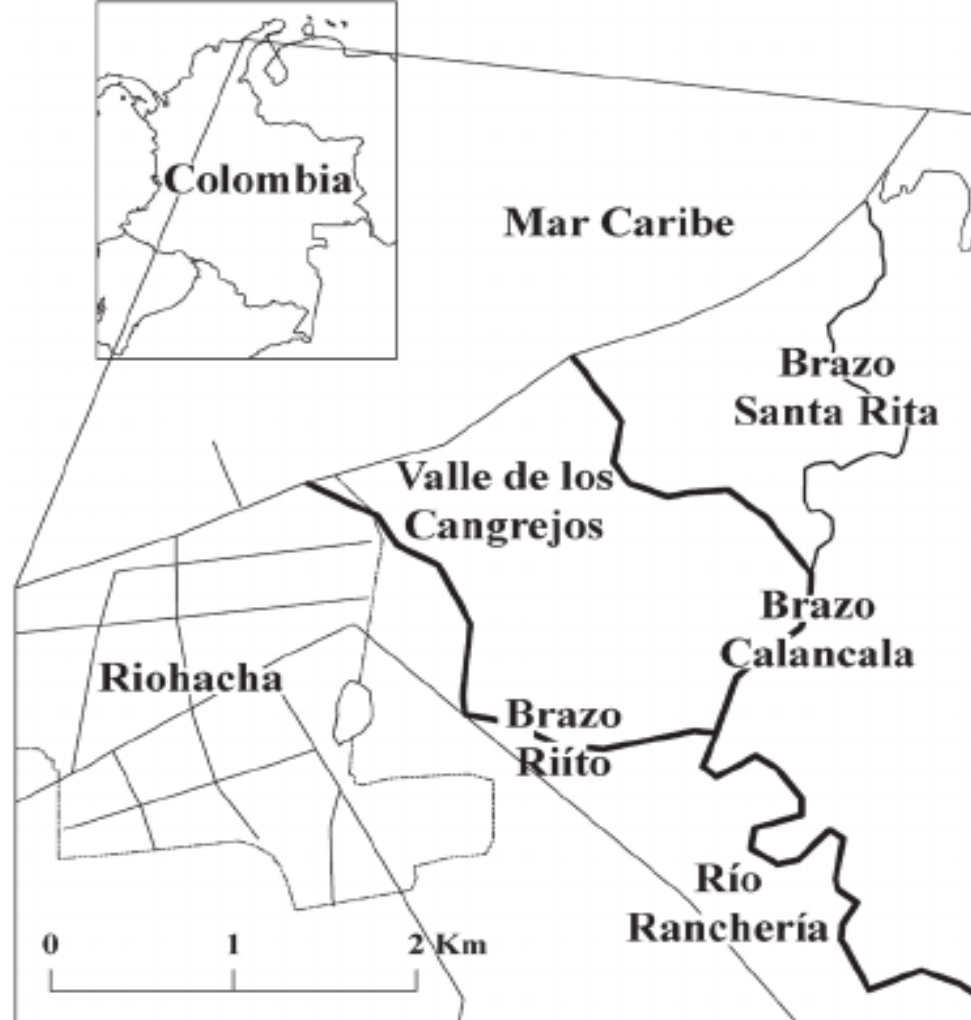
Mangrove

Rhizophora mangle

Laguncularia racemosa

Avicennia germinans

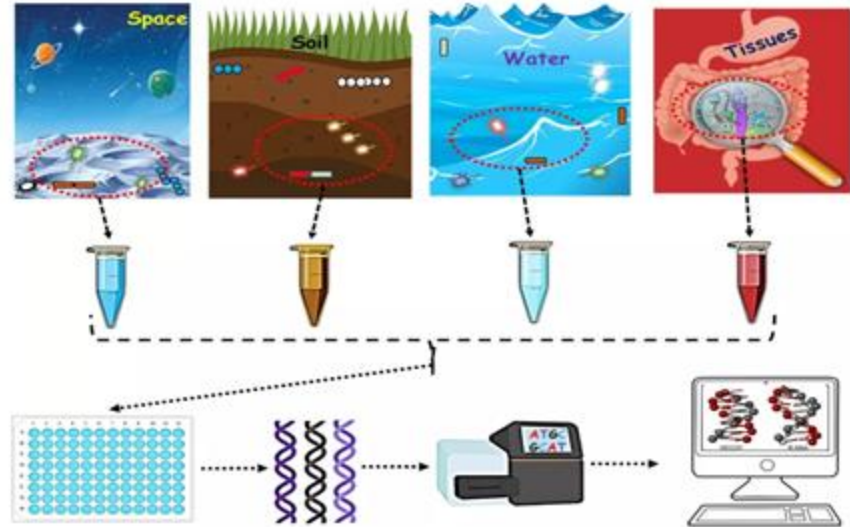
Conocarpus erectus



Metagenómica

Ventajas

- Independencia de cultivo
- Mayor precisión y menor tiempo
- Menor sesgo taxonómico
- Análisis simultáneo



Ministerio del Medio Ambiente

Colombia actualmente el número de hectáreas del ecosistema manglar en colombia es

285.049

