



IX JORNADAS NACIONALES
DE CIENCIAS DEL MAR

Comunidades microbianas de sedimentos costeros crónicamente contaminados con hidrocarburos en regiones polares y subpolares de ambos hemisferios

Espínola F (1), Dionisi H (1), Lozada M (1)

(1) Laboratorio de Microbiología Ambiental, Centro para el Estudio de Sistemas Marinos, Centro Nacional Patagónico (CESIMAR-CENPAT-CONICET), Puerto Madryn, Argentina. espinola@cenpat-conicet.gob.ar

A pesar de la gran importancia de los microorganismos ambientales para la provisión de servicios ecosistémicos, su estructura y función permanecen aún poco comprendidas debido a su complejidad y bajo porcentaje de miembros cultivables en laboratorio. El objetivo de este trabajo fue estudiar la estructura y potencial metabólico de las comunidades microbianas de ambientes marino-costeros crónicamente contaminados con hidrocarburos en regiones polares y subpolares. Se analizaron 23 muestras de sedimento en cuatro regiones de ambos hemisferios (Archipiélago Svalbard, Noruega; Mar Báltico, Suecia; Bahía Ushuaia, Argentina y Caleta Potter, Antártida). La estructura de la comunidad se analizó mediante la secuenciación en gran escala del gen ARN ribosomal 16S. Se obtuvieron más de 10^5 secuencias por muestra (cobertura= $99,06 \pm 0,25\%$), las cuales fueron analizadas en la plataforma QIIME. Para el análisis de la función, se realizó una secuenciación al azar del metagenoma usando la plataforma Illumina HiSeq 2000, generando un total de $2,86 \pm 0,98 \times 10^8$ lecturas por muestra. Las mismas fueron ensambladas, anotadas, y analizadas en la plataforma IMG/M (<http://img.jgi.doe.gov/m/>). Se encontró una enorme diversidad de microorganismos en estos sedimentos, especialmente en el mar Báltico y Bahía Ushuaia (Shannon= $8,73 \pm 0,04$ y $7,97 \pm 0,18$, respectivamente). La estructura de las comunidades resultó diferente entre los sitios, observándose una correlación significativa con variables ambientales clave como la salinidad, la temperatura y la contaminación por hidrocarburos. Se observó una correlación significativa entre los niveles de hidrocarburos y la abundancia de deltaproteobacterias sulfato reductoras, las cuales llegaban a abundancias de más del 10% en las muestras más contaminadas. Esto último indicaría la relevancia de procesos anaeróbicos de biodegradación. Los análisis del potencial metabólico mostraron una gran proporción de capacidades funcionales compartidas entre las comunidades de distintos sitios. En conjunto, estos resultados sugieren que las comunidades microbianas a pesar de ser filogenéticamente distintas, habrían desarrollado los mismos mecanismos adaptativos frente a condiciones ambientales similares.