



METAGENOMICA: DETECCIÓN DE MICROORGANISMOS BIOCONTROLADORES EN MUESTRAS DE SUELO NO ANTROPIZADO DE ITAPÚA (PARAGUAY)



RECALDE, Érica^a; GONZALEZ CORIA, Johana^c; CASTRILLO, Lorena^{a,b}; BICH, Gustavo^{a,b}

a)Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones. Laboratorio de Biotecnología Molecular.

b)Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

c)Universidad de Barcelona. Facultad de Farmacia y Ciencias de la Alimentación.

Introducción

La biodiversidad microbiana del suelo juega un papel crucial en la sostenibilidad de los ecosistemas, incluyendo la regulación de plagas agrícolas a través de mecanismos naturales de biocontrol. Conocer la diversidad de microorganismos del suelo en remanentes selváticos o no antropizados puede ofrecer recursos biotecnológicos valiosos para el desarrollo de estrategias de manejo sostenible y la conservación de la biodiversidad. Existen parcelas de remanentes de selva paranaense en Paraguay cuya riqueza microbiana desconocida podría ser clave para encontrar nuevas soluciones biotecnológicas. La metagenómica permite estudiar la diversidad microbiana directamente a partir de muestras ambientales, sin necesidad de cultivo previo, proporcionando una visión holística de los microorganismos.

Objetivo

Detectar grupos de microorganismos con potencial biocontrolador de plagas en muestras de suelos no antropizados de Itapúa, Paraguay, utilizando técnicas metagenómicas.

Metodología

Se tomaron muestras de suelo de un remanente de selva paranaense en Itapúa. El ADN total fue extraído de las muestras de suelo utilizando protocolos estándar de extracción de ADN ambiental. Las muestras de ADN fueron enviadas a secuenciar utilizando plataformas de secuenciación de última generación de tipo TruSeq Nano DNA en Macrogen (Korea). Los reads obtenidos fueron evaluados en cuanto a calidad y ensamblados en secuencias de mayor longitud mediante el uso de software bioinformático especializado (MetaSpades). A partir de estos contigs, se predijeron y anotaron los genes microbianos presentes, lo que permitió una caracterización detallada de la comunidad microbiana del suelo.

Resultados y Discusión

La búsqueda y minado de taxones a través de datos metagenómicos permitió detectar diversos grupos microbianos en las muestras de suelo (Fig 1.), siendo las familias más predominantes Bradyrhizobiaceae (8,56%), Solibacteraceae (6,99%), Planctomycetaceae (3,57%), Streptomycetaceae (3,53%) y Burkholderiaceae (3,51%). Entre los grupos de microorganismos detectados de interés en planes de Biocontrol se puede comentar al género *Streptomyces*, como productor de una variedad de antibióticos y enzimas que degradan las paredes celulares de hongos patógenos, que son conocidos por su capacidad de biocontrol contra enfermedades de plantas. Miembros de la familia Burkholderiaceae están indicadas como supresoras de marchitez bacteriana y protectoras de semillas frente a hongos fitopatógenos, así como promotoras del crecimiento vegetal. No se detectaron secuencias metagenómicas pertenecientes a familias fúngicas indicadas como biocontroladoras. Por otra parte, merece la pena remarcar, que la presencia de elevada abundancia de algunos miembros de la familia Bradyrhizobiaceae está sugerido como bioindicador de posibilidad de desarrollo de enfermedades fúngicas en cultivos. Sin embargo, las implicancias de la mayoría de las familias microbiana detectadas en el desarrollo de enfermedades está aun poco explicada, y muchas de las interacciones del microbioma del suelo requieren investigaciones continuas y posteriores (Fig. 2). Estos microorganismos representan un valioso recurso biotecnológico para el desarrollo de productos de biocontrol que podrían ser utilizados en la agricultura de Paraguay y otras regiones similares. La metagenómica del suelo ha demostrado ser una herramienta poderosa para descubrir y caracterizar estos microorganismos, proporcionando una base científica sólida para futuras aplicaciones biotecnológicas.

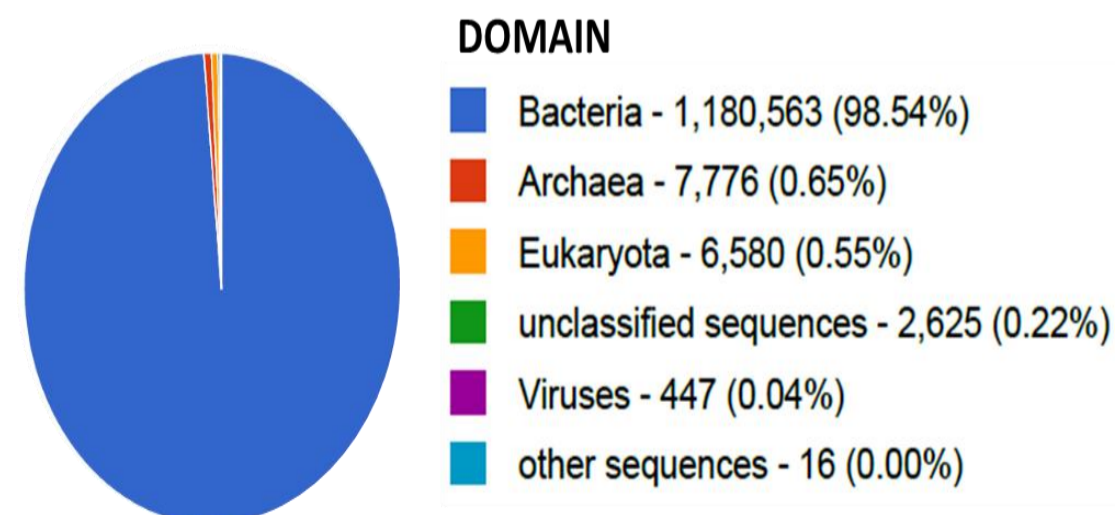


Fig 1. Dominios de los perfiles taxonómicos derivados del metagenoma del suelo no antropizado.

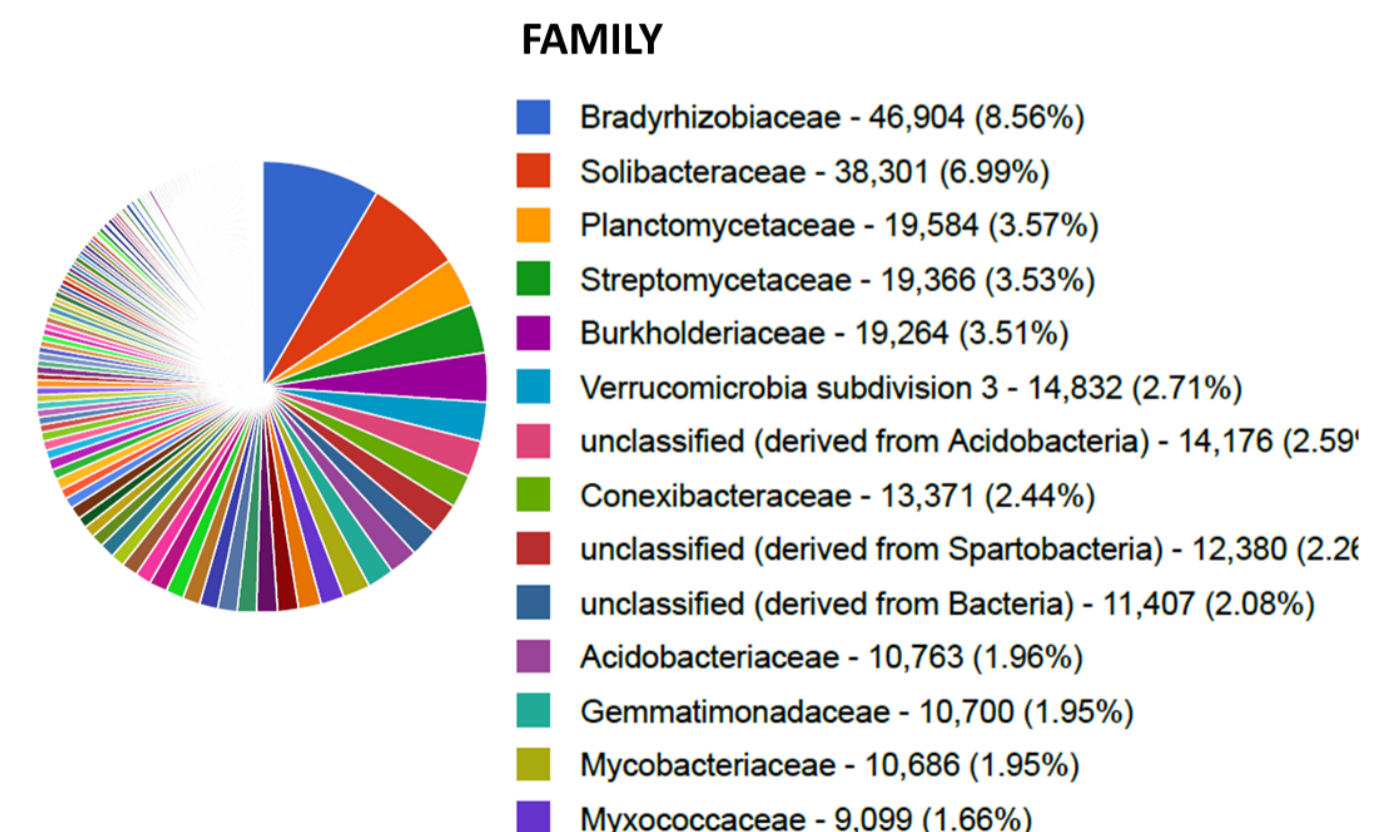


Fig 2. Familias de los perfiles taxonómicos derivados del metagenoma del suelo no antropizado.