

CIANOBACTERIAS Y BACTERIAS ASOCIADAS COMO RESERVORIOS DE GENES DE RESISTENCIA A ANTIMICROBIANOS

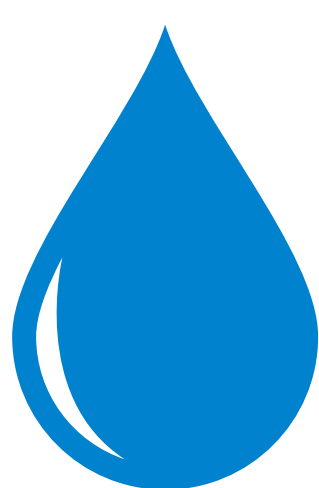
STOELBEN, Tiziana M. ^a; MIÑO, María L. ^{a,b}; KOLMAN, María A. ^{a,b}

^a Universidad Nacional de Misiones. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Instituto de Biotecnología Misiones “Dra. María Ebe Reca”. Laboratorio de Biotecnología Molecular.
^b Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

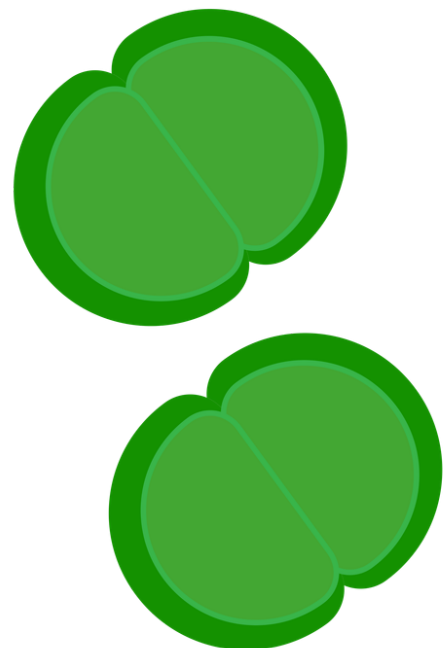
INTRODUCCIÓN



La resistencia a antimicrobianos (RAM) es una de las principales amenazas para la salud pública global



Los ambientes acuáticos actúan como reservorios de genes de resistencia, conformando el resistoma ambiental.

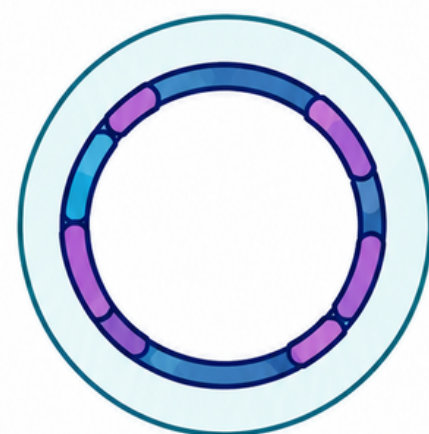


Las cianobacterias y las comunidades bacterianas asociadas a su ficósfera podrían participar en la persistencia y diseminación de estos genes.

HIPÓTESIS

Las cianobacterias y las bacterias de su ficósfera actúan como reservorios ambientales de genes de resistencia con potencial de transferencia horizontal

CONCLUSIONES



El gen *qacH* se detectó en el ADN plasmídico de ambas cianobacterias (CMI049 y CMI052) y en una bacteria asociada (*Ectopseudomonas oleovorans* CBI01)



La detección de *tetB* pone en evidencia la presencia de múltiples determinantes de resistencia

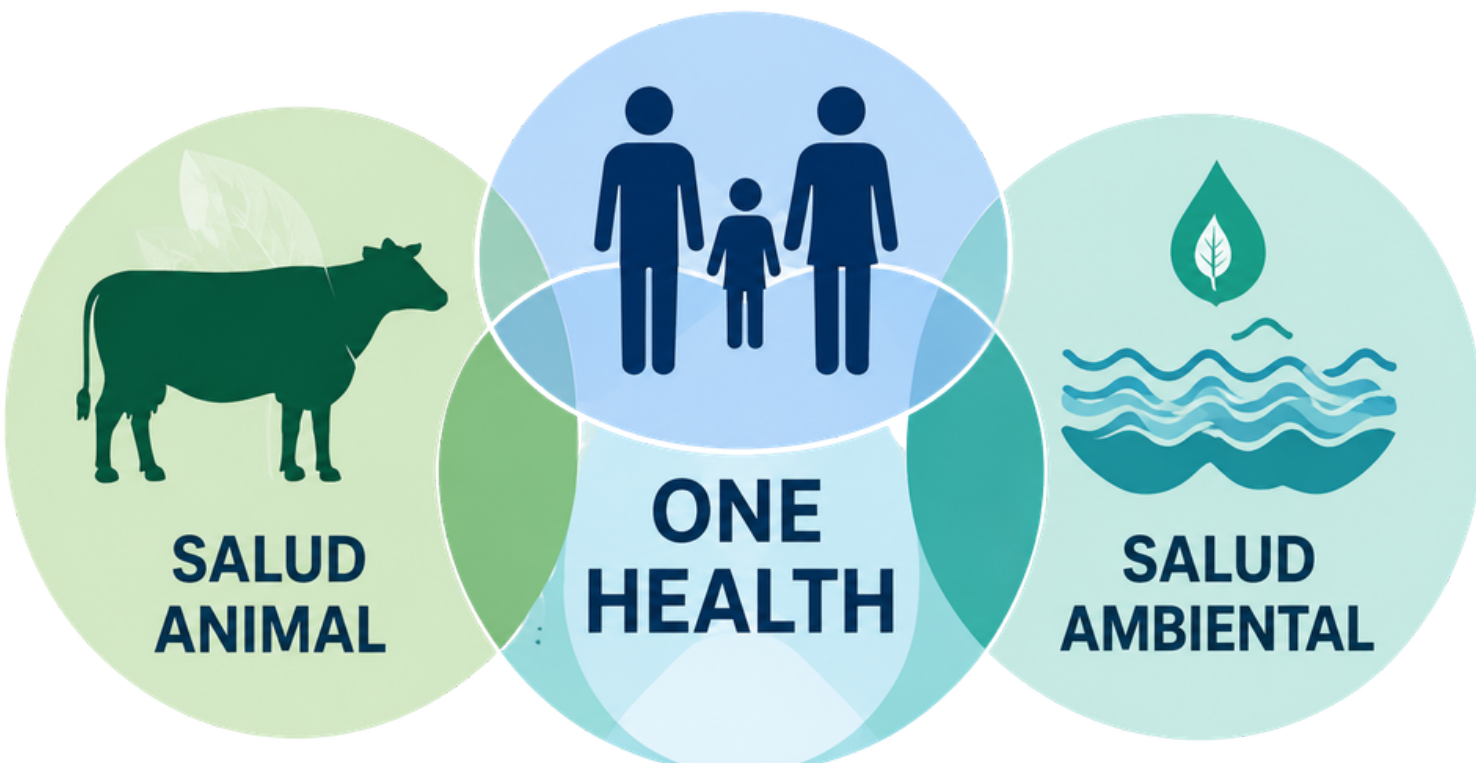


La localización plasmídica de *qacH* sugiere un elevado potencial de transferencia horizontal entre microorganismos coexistentes



Las cianobacterias y su microbioma asociado constituyen reservorios ambientales en la dinámica del resistoma ambiental

RELEVANCIA

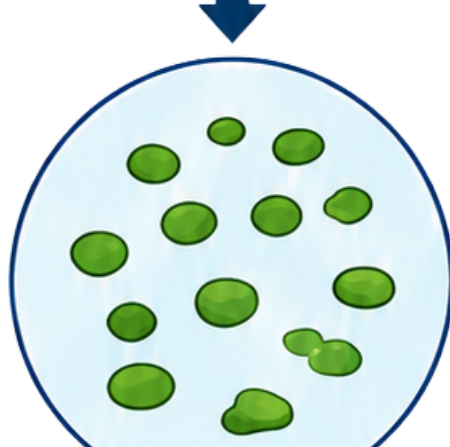


Comprender la dinámica de los reservorios ambientales de genes de resistencia y sus mecanismos de diseminación es clave para diseñar estrategias de monitoreo y mitigación que protejan la salud humana, animal y ambiental desde una perspectiva One Health.

METODOLOGÍA



Muestreo en arroyos de Misiones



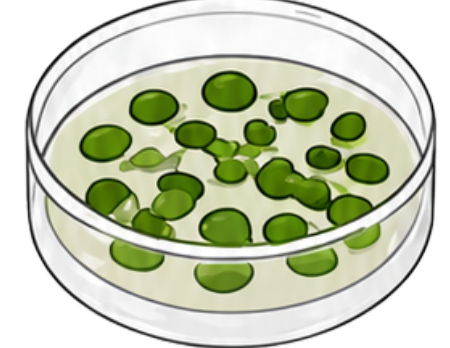
Cultivo de cianobacterias *Microcystis* sp. (CMI049) y *Synechocystis* sp. (CMI052)



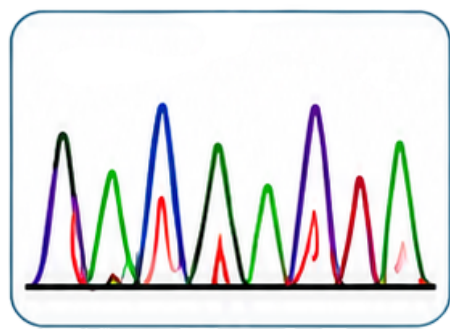
Extracción de ADN genómico y plasmídico



Detección del gen *qacH* por PCR



Aislamiento de bacterias de la ficósfera de *Microcystis* sp. CMI049



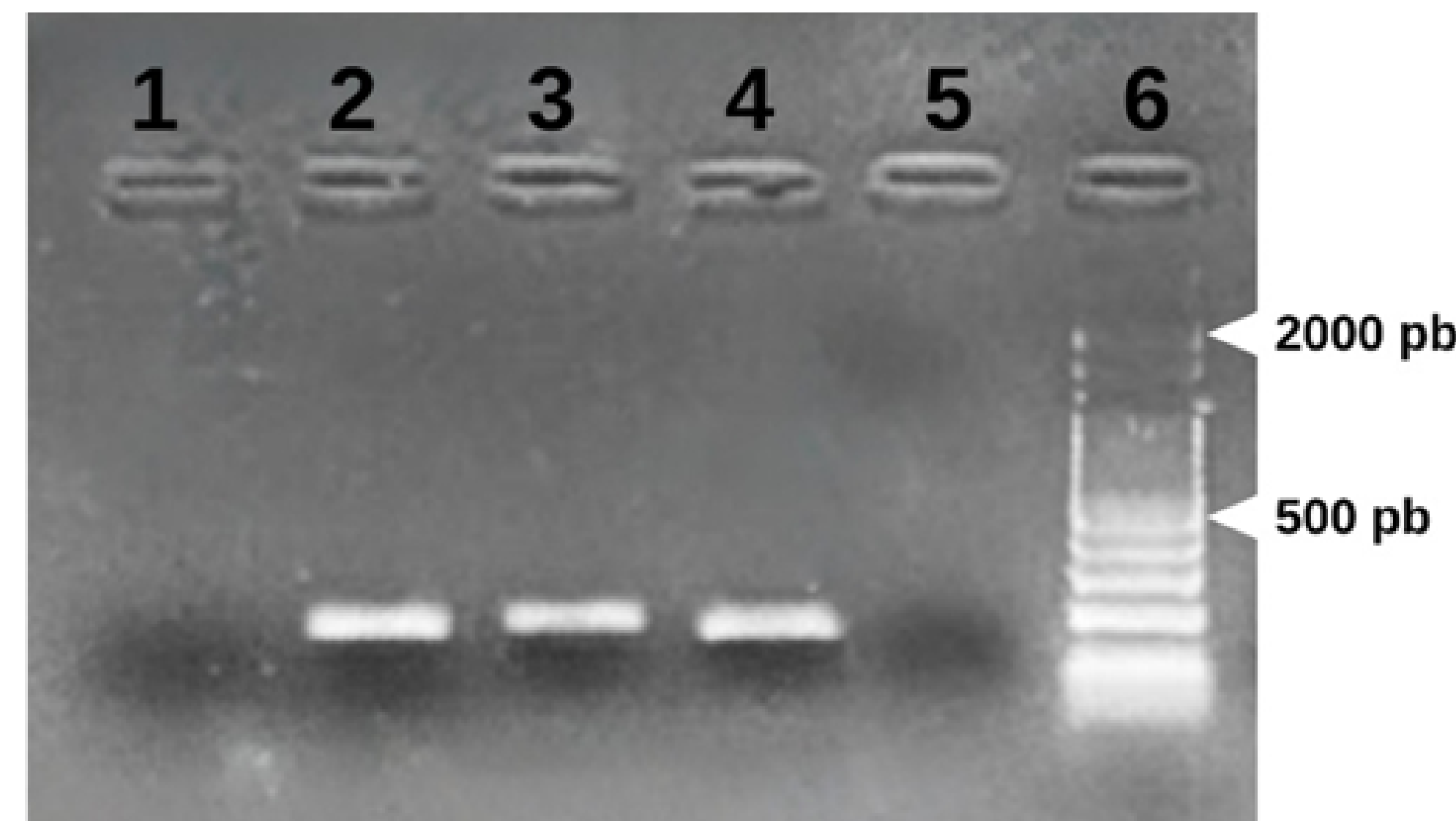
Identificación bacteriana ARNr 16S



Detección de genes de resistencia en aislamientos bacterianos

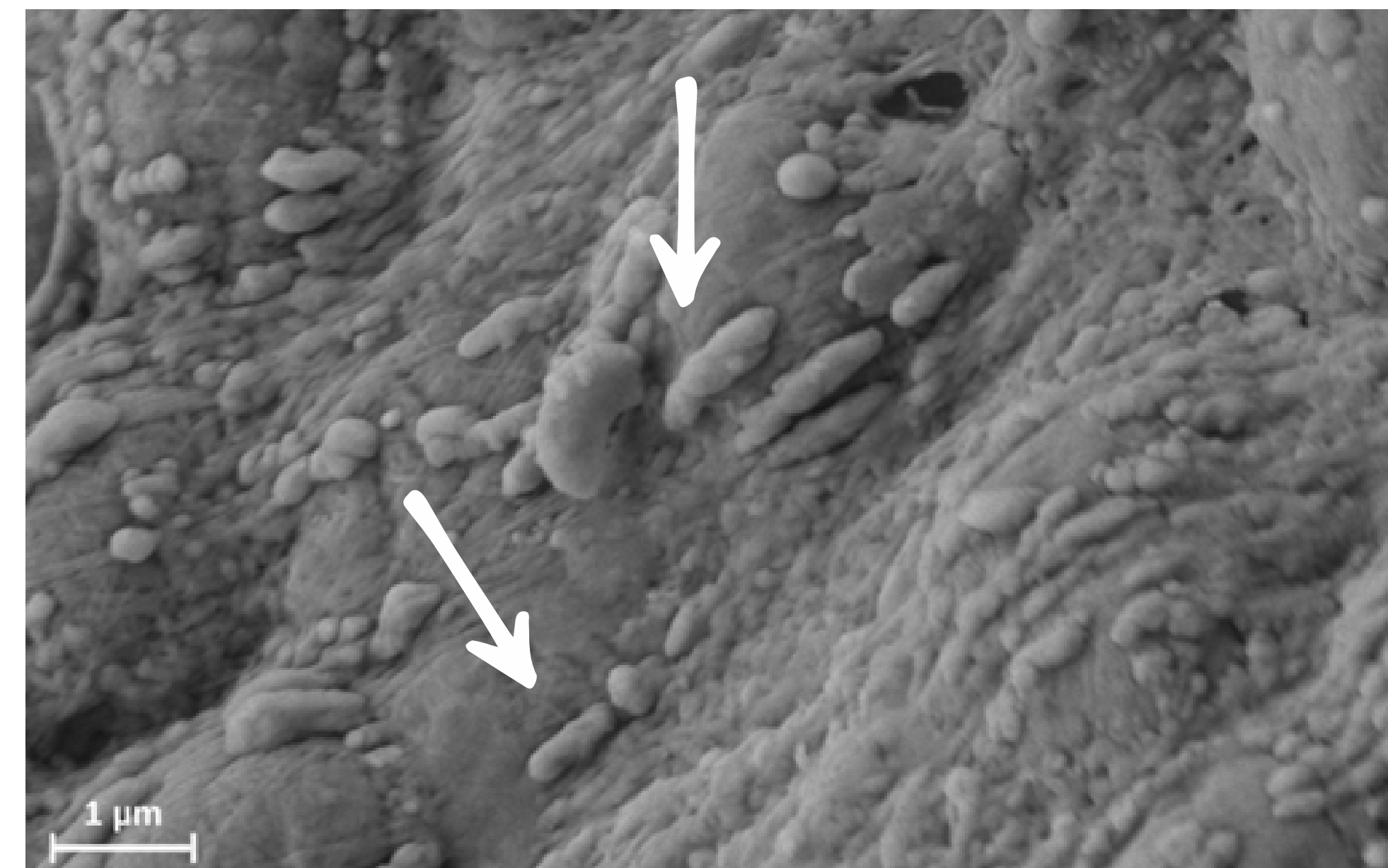
RESULTADOS

1. Detección del gen *qacH*



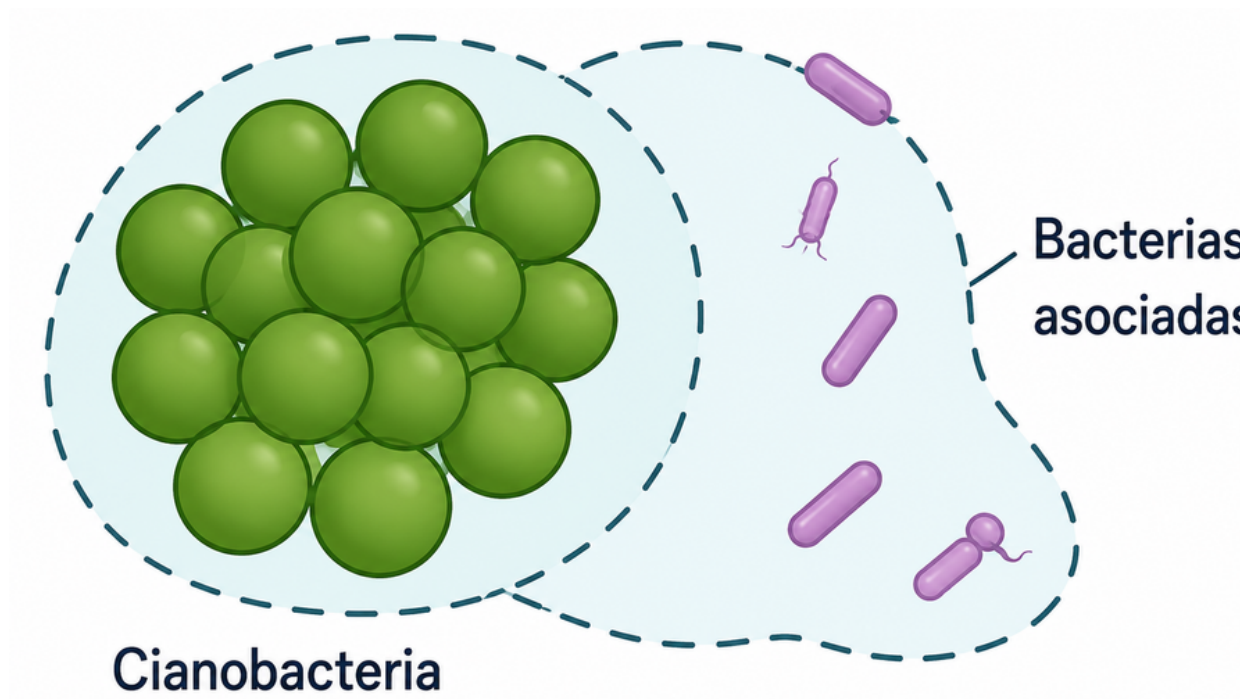
Calle 1: ADN genómico de la cepa CMI049;
Calle 2: ADN genómico de la cepa CMI052;
Calle 3: ADN plasmídico de la cepa CMI049;
Calle 4: ADN plasmídico de la cepa CMI052;
Calle 5: Control negativo de PCR;
Calle 6: Marcador de peso molecular.

2. Asociación observada



Bacterias heterótrofas presentes en la ficósfera de CMI049

Ficósfera

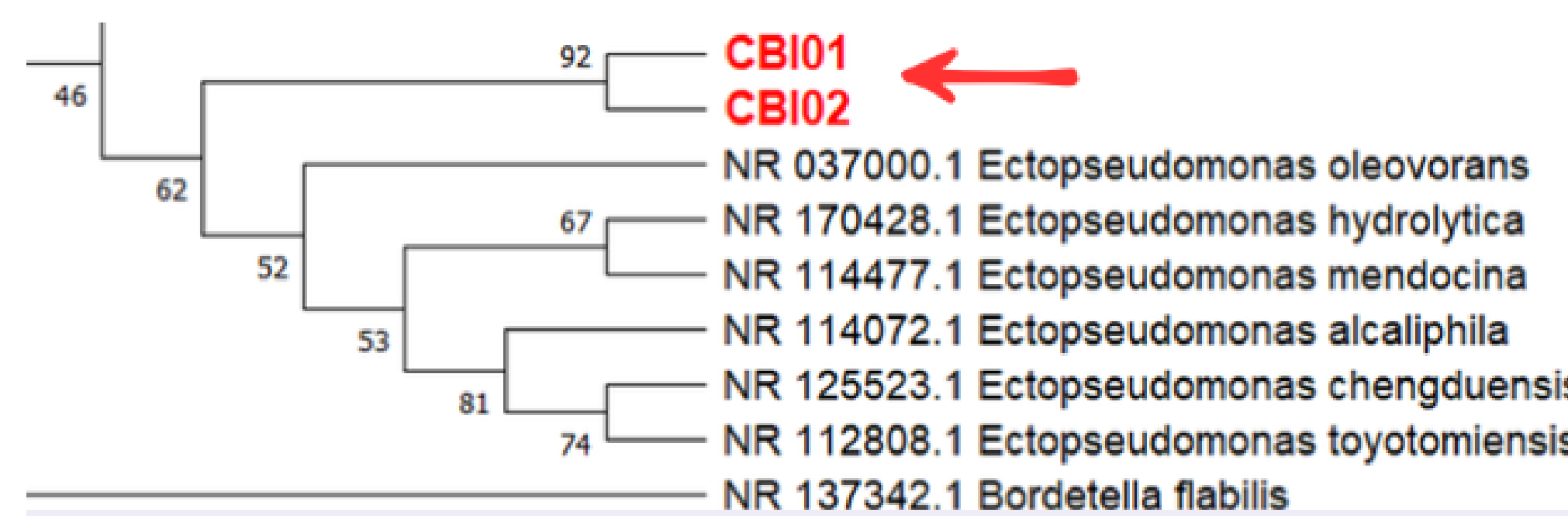


Microambiente que rodea a las células cianobacterianas donde ocurre intenso intercambio de nutrientes, metabolitos y señales moleculares

3. Identificación bacteriana

Aislamiento	Resultado BLAST	N° de acceso	Cobertura	E-value	% de identidad
BC	<i>Ectopseudomonas oleovorans</i>	NR_037000.1	100%	0.0	99.07%
BT	<i>Ectopseudomonas oleovorans</i>	NR_037000.1	100%	0.0	99.20%

Árbol filogenético ARNr 16S



4. Genes de resistencia detectados (PCR)

Aislamiento	Gen detectado	Clase de resistencia
CMI052	<i>qacH</i>	Resistencia a QAC
CMI049	<i>qacH</i>	Resistencia a QAC
CBI01	<i>qacH</i>	Resistencia a QAC
CBI02	<i>tetB</i>	Resistencia a tetraciclinas