



Explorando los microorganismos antárticos: genes clave en la desnitrificación en ambientes fríos

Carteles / Pósters

AT1: Ecología Microbiana Ambiental - AT1: Environmental Microbial Ecology , AT1 4 Ecología Microbiana de Antártida / Microbial Ecology of Antarctica

Micaela González Steffano¹, Patricia Bovio-Winkler¹, Angela Cabezas², Javier Menes³, Claudia Etchebehere¹.

(1) Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Bioquímica y Genómica Microbianas, Laboratorio de Ecología Microbiana, Avenida Italia 3318, Montevideo, Uruguay.

(2) Universidad Tecnológica del Uruguay, Unidad Tecnológica de Recursos Naturales, Laboratorio Microbiología Ambiental y Biotecnología, Francisco Antonio Maciel s/n / 97000, Durazno, Uruguay.

(3) Universidad de la República, Facultad de Química, Laboratorio de Ecología Microbiana Medioambiental, Avenida General Flores 2124, Montevideo, Uruguay.

mgsteffano16@gmail.com

En un estudio previo en nuestro laboratorio, se aislaron 199 bacterias desnitrificantes de diversos ecosistemas antárticos en Isla Rey Jorge, capaces de reducir nitrato a 4°C. La actividad desnitrificante fue evaluada mediante la técnica de bloqueo con acetileno, que inhibe la conversión de N₂O a N₂ al bloquear la óxido nitroso-reductasa. La mayoría de las cepas demostraron actividad desnitrificante, aunque en los genomas de especies cercanas no se identificaron los genes responsables.

El objetivo de este trabajo fue caracterizar los genes implicados en la desnitrificación en estos aislamientos. Para ello, se secuenciaron y analizaron genomas de 11 cepas pertenecientes a los géneros *Pseudomonas*, *Janthinobacterium* y *Flavobacterium*, utilizando las bases de datos KEGG y NCycDB, con énfasis en genes del ciclo de nitrógeno.

Los resultados mostraron que las cepas del género *Pseudomonas* presentaron la vía de desnitrificación completa, mientras que en las cepas del género *Janthinobacterium* no se detectó el gen *nosZ*, indicando desnitrificación incompleta. En las cepas del género *Flavobacterium*, usando la base KEGG se identificaron pocos genes relacionados, pero utilizando NCycDB se detectó un mayor número de estos. La

mayoría de las cepas poseen los genes necesarios para la desnitrificación, excepto el correspondiente a la primera enzima del proceso, lo que plantea interrogantes sobre la conversión inicial de nitrato a nitrito en estos microorganismos.

Estos hallazgos resaltan la diversidad y complejidad de los mecanismos de desnitrificación en bacterias antárticas, abriendo nuevas perspectivas para comprender su papel en los ciclos biogeoquímicos y su potencial biotecnológico en ambientes extremos.

Palabras Clave

(1) desnitrificación, (2) Antártida, (3) ciclo del nitrógeno, (4) análisis genómico.

Financiamiento:

ANII-FCE_1_2023_1_176290

POS_FCE_2023_1_1011996

Agradecimientos:

Instituto Antártico Uruguayo