

Estudio genómico de microorganismos antárticos productores del gas de efecto invernadero óxido nitroso en condiciones de bajas temperaturas

Micaela González Steffano (1), Patricia Bovio-Winkler (1), Angela Cabezas (2), Claudia Etchebehere (1)

- (1) Laboratorio de Ecología Microbiana, Departamento de Bioquímica y Genómica Microbiana, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay
- (2) Laboratorio de Microbiología Ambiental y Biotecnología, Unidad Tecnológica de Recursos Naturales, ITRCS, Universidad Tecnológica del Uruguay, Durazno, Uruguay.

El óxido nitroso (N_2O) es un gas de efecto invernadero (GEI) de alta potencia, con un potencial de calentamiento global 300 veces superior al del dióxido de carbono (CO_2). La producción de N_2O en ambientes naturales es llevada a cabo por microorganismos mediante procesos como la desnitrificación, la nitrificación y la reducción desasimilativa de nitrato a amonio. Las emisiones de N_2O medidas en suelos antárticos afectados por animales marinos presentan valores comparables a aquellos reportados en ambientes críticos, como suelos fertilizados y sistemas ganaderos. Además, se ha observado un aumento en la abundancia de genes asociados a las tres vías de producción de N_2O en estos suelos impactados. Sin embargo, los microorganismos responsables de las emisiones de N_2O en estos ecosistemas han sido escasamente explorados.

En un estudio previo, se aislaron 199 bacterias desnitrificantes provenientes de diversos ecosistemas antárticos en Isla Rey Jorge, capaces de desnitrificar a $4^{\circ}C$. La mayoría de estas cepas mostraron actividad, 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 los genomas de 11 cepas pertenecientes a los géneros *Pseudomonas*, *Janthinobacterium* y *Flavobacterium*, utilizando las bases de datos KEGG y NCycDB.

Los resultados indicaron que las cepas del género *Pseudomonas* poseen la vía de desnitrificación completa, mientras que en las cepas de *Janthinobacterium* no se detectó el gen *nosZ*, lo que sugiere una desnitrificación incompleta. En las cepas de *Flavobacterium*, presentaron los genes necesarios para la desnitrificación, excepto aquellos que codifican para la primera enzima del proceso.

Estos hallazgos resaltan la complejidad de los mecanismos de desnitrificación en bacterias antárticas, abriendo nuevas perspectivas para comprender su papel en los ciclos biogeoquímicos y su rol en la producción de GEI.