Caracterización metagenómica de genes de resistencia a antibióticos en microbiota intestinal de comunidades tradicionales

P10

Juan Alejandro Ruiz Gutierrez[1], Ana María Ruiz Leon[2], Hayler Ibarra[2]; José Gregorio Martínez[3]
1. Estudiante de biotecnología, I.U. Colegio Mayor de Antioquia. 2. Estudiante maestría en Biotecnología y bioeconomía I.U. Colegio Mayor de Antioquia. 3. Docente Facultad Ciencias de la Salud I.U. Colegio Mayor de Antioquia.
Autor de Correspondencia: jose.martinez@colmayor.edu.co

INTRODUCCIÓN

Los indígenas Yanomami constituyen uno de los pueblos indígenas más numerosos de Suramérica (1) y el de mayor diversidad en microbiota intestinal en el mundo.

Dicha microbiota cuenta con una gran cantidad de genes de resistencia a antibióticos (ARG), la mayoría propios, y desconocidos para la ciencia. Los ARG han causado más de 700.000 muertes en sociedades occidentales (2).

La composición de la microbiota y genes de resistencia presentes en ella pueden variar según múltiples parámetros demográficos (3).

OBJETIVOS

General

Caracterizar los genes de resistencia a antibióticos de la microbiota intestinal de poblaciones con estilo de vida tradicional.

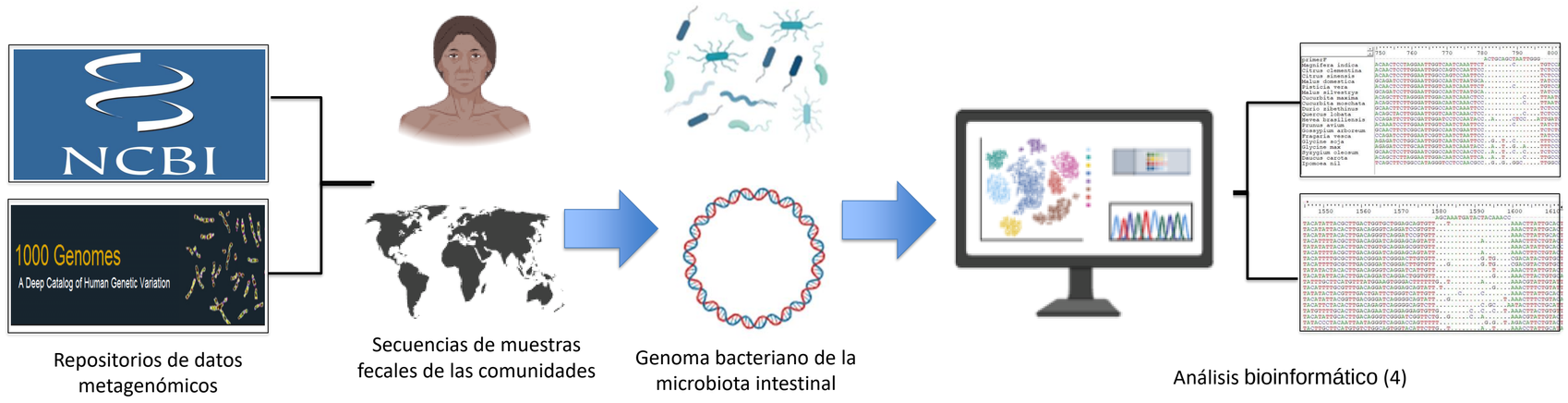
Específicos

1. Identificar la estructura taxonómica de la microbiota intestinal de poblaciones con estilo de vida tradicional.

2. Determinar los genes de resistencia a antibióticos presentes en la microbiota intestinal de poblaciones con estilo de vida tradicional.

MÉTODOS

Recolección de datos y análisis de secuencias (4)



Repositorios de datos metagenómicos

Secuencias de muestras fecales de las comunidades

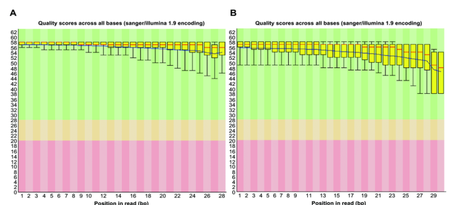
Genoma bacteriano de la microbiota intestinal

Análisis bioinformático (4)

Análisis de calidad, Clasificación de taxones e Identificación de ARG (4, 5)

Caracterización metagenómica sobre genes de resistencia

Clasificación taxonómica y apreciación en la abundancia de microorganismos



Análisis de calidad de los datos por FastQC

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

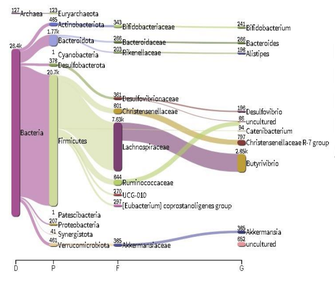


Figura 1A
Microbiota intestinal de Papúa Nueva Guinea.
Presenta más abundancia de *Lachnospiraceae*

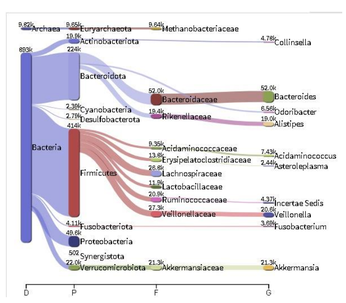


Figura 1B
Microbiota intestinal de los Yanomami. Presentando nuevas familias del filo *Firmicutes*: *Lactobacillaceae y Ruminococcaceae*

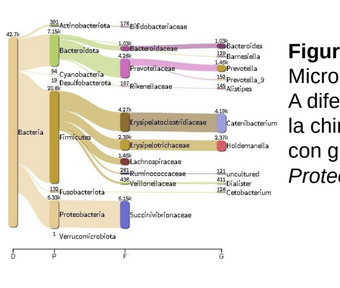


Figura 1C
Microbiota intestinal de China.
A diferencia de las demás culturas, la china cuenta con un nuevo filo con gran abundancia *Proteobacterias*

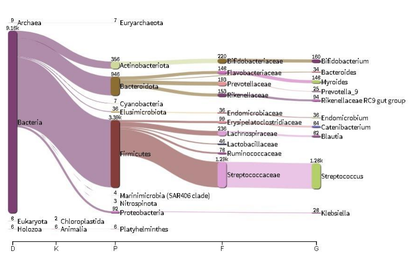


Figura 1D
Microbiota intestinal de Italia.
Representa sociedades occidentales, cuentan con una gran abundancia de *Streptococcus*

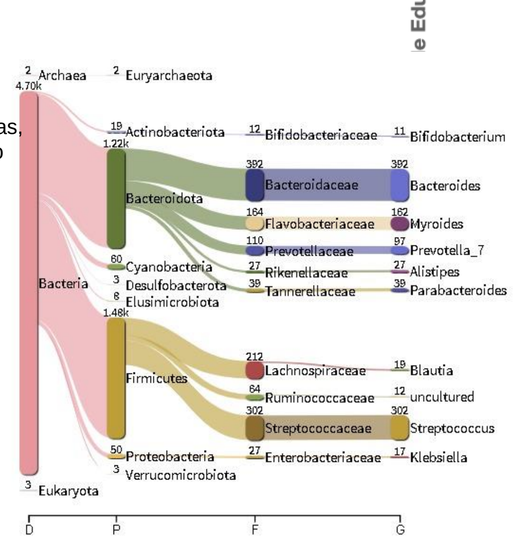


Figura 1E
Microbiota intestinal de **Colombia**.
Representa sociedades occidentales, carecen de *Fusobacterium, Lactobacillus* y *Ruminococcaceae*

AISLAMIENTOS OBTENIDOS			
COMUNIDAD	**GEN DE RESISTENCIA**	**ANTIBIOTICO**	**MICROORGANISMO**
Yanomami	No hubo coincidencia	No hubo coincidencia	No hubo coincidencia
COLOMBIA	dfrF, cblA, tet(W), sat4, mef(En2), lnu(AN2)	Trimetoprima, Cefalosporinas, Tetraciclinas, Estroptotricina, Macrolidos, Lincosamidas	E.Coli,Streptococcus , Staphylococcus, Enterobacteriaceae
EUROPA	blaOXA-347, cfxA5, dfrF, tet(W), erm(F)	Beta lactamicos, Beta lactamicos, Trimetoprima, Tetricilinas, Macrolidos	Actinobacteriota, Enterobacteriaceae,Firmicutes
CHINA	tet(38), blaI_of_Z, fosB-Saur, dfrG, erm(C)	Tetraciclina, Beta lactamicos, Fosfomicina, Trimetoprima, Macrolidos	E.Coli,Klebsiella,Streptoccocus,Staphylococcus
Nueva Guinea	No hubo coincidencia	No hubo coincidencia	No hubo coincidencia

Tabla 1. Genes de resistencia asociados a la microbiota intestinal de cada comunidad analizada

CONCLUSIONES

1. Los patrones de microorganismos en la microbiota intestinal de los Yanomami denotan mayor riqueza de *Lactobacillus y Ruminococcus,* demostrando así diferencias notables en su alimentación basada en fibra, rica en frutas y vegetales, baja en grasa y sin exposición a alimentos ultraprocesados respecto a culturas occidentalizadas.
2. Las poblaciones más occidentalizadas cuentan con una gran abundancia en genes de resistencia exclusivos como: **betalactámicos(blaOXA)**, **tetraciclinas(tetQ)** y **macrólidos(erm(B)).** No obstante, para poblaciones tradicionales de Nueva Guinea y Yanomami, no fue posible detectar genes de resistencia de acuerdo al algoritmo usado, probablemente debido a que estos son variantes únicas e inéditas, difiriendo mutacionalmente respecto a aquellos depositados en los bancos de datos de referencia actuales utilizados en este ejercicio.

Bibliografía

1. Clemente JC, Pehrsson EC, Blaser MJ, Sandhu K, Gao Z, Wang B, et al. The microbiome of uncontacted Amerindians. Sci Adv. 2015 Apr 1;1(3).
2. Diebold PJ, Rhee MW, Shi Q, Trung NV, Umrani F, Ahmed S, Kulkarni V, Deshpande P, Alexander M, Thi Hoa N, Christakis NA, Iqbal NT, Ali SA, Mathad JS, Brito IL. Clinically relevant antibiotic resistance genes are linked to a limited set of taxa within gut microbiome worldwide. Nat Commun. 2023 Nov 14;14(1):7366.
3. Brito IL, Gurry T, Zhao S, Huang K, Young SK, Shea TP, et al. Transmission of human-associated microbiota along family and social networks. Vol. 4, Nature Microbiology. Nature Publishing Group; 2019. p. 964–71.
4. Rampelli S, Schnorr SL, Consolandi C, Turroni S, Severgnini M, Peano C, Brigidi P, Crittenden AN, Henry AG, Candela M. Metagenome Sequencing of the Hadza Hunter-Gatherer Gut Microbiota. Curr Biol. 2015 Jun 29;25(13):1682-93.
5. Alencar RM, Martínez JG, Machado VN, Alzate JF, Ortiz-Ojeda CP, Matias RR, et al. Preliminary profile of the gut microbiota from amerindians in the Brazilian amazon experiencing a process of transition to urbanization. Brazilian Journal of Microbiology. 2024 Sep 1.

WWW.COLMAYOR.EDU.CO

INSTITUCIÓN UNIVERSITARIA COLEGIO MAYOR DE ANTIOQUIA®
Acreditados en ALTA CALIDAD
Alcaldía de Medellín
Distrito de
Ciencia, Tecnología e Innovación