



Caracterización del resistoma asociado a la microbiota bacteriana intestinal de indígenas Yanomami del Amazonas brasileiro.

Ruiz-León, Ana María¹; Martínez, José Gregorio¹; Rada-Bravo, Ana Mercedes¹; Benítez-Páez, Alfonso²

¹Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Carrera 78 # 65 - 46, Medellín, Colombia.

²Instituto de Agroquímica y Tecnología de los Alimentos (IATA-CSIC), C/Catedrático Agustín Escardino Benlloch, 7 46980, Valencia, España

Abstract: La microbiota intestinal humana es un reservorio natural de genes de resistencia a antibióticos. Estudiar poblaciones tradicionales como los Yanomami, con mínima exposición a antibióticos, permite entender la diversidad y evolución natural del resistoma. Se analizaron 21 muestras fecales de indígenas Yanomami habitantes de la zona XXX de Brasil, estratificadas en tres grupos de edad: lactantes, jóvenes y adultos. La secuenciación metagenómica se realizó vía plataforma NovaSeq (Illumina). Los genes de resistencia se identificaron mediante mapeo contra la base de datos CARD. Los análisis de diversidad y estructura comunitaria se realizaron con herramientas bioinformáticas estándar y tests estadísticos como PERMANOVA.

La composición taxonómica de la microbiota Yanomami mostró un perfil tradicional. La diversidad alfa aumentó significativamente con la edad. El análisis del resistoma reveló que la edad estructuró significativamente el resistoma para los Yanomami, con genes como vanG y tet(Q) enriquecidos en adultos. Se detectaron betalactamasas clínicamente relevantes (TEM-1, CTX-

Facultad de Ciencias de la Salud – 12 de noviembre – Medellín – Antioquia –





M-14, OXA-347, OXA-193). El análisis genómico reveló que TEM-1 y CTX-M-14 se encuentran en contextos móviles, asociados a transposones (Tn3, IS903B) y potencialmente ubicados en plásmidos. OXA-347 y OXA-193, previamente reportados en plásmidos de multidrogoresistencia, también fueron identificados; adicionalmente se determinó que los principales mecanismos de resistencia asociados a los Yanomamis fueron alteración del blanco del antibiótico, bombas de eflujo y protección de la diana del antibiótico.

Los resultados confirman que la microbiota Yanomami conserva un perfil tradicional, sin evidencia clara de occidentalización. La presencia de un resistoma diverso y estructurado por la edad, la detección de betalactamasas en contextos genéticos móviles incluso con exposición mínima a antibióticos, sugiere un reservorio natural de genes de resistencia y una capacidad intrínseca para la dispersión de resistencia. Este estudio subraya el valor de investigar poblaciones aisladas para comprender la ecología natural de la resistencia antimicrobiana.

Palabras claves: Microbioma, Resistencia a antibióticos, Población tradicional

