



# Análisis metagenómico de la microbiota intestinal y genes resistentes a los antibióticos en muestras fecales de *Bubulcus ibis* provenientes de ciénagas y zonas ganaderas de Puerto Berrío, Antioquia.

Pino, Ana <sup>1</sup>; Rengifo, Valeria<sup>1</sup>; Ruiz, Juan Alejandro<sup>1</sup>; Ospina, Maicol<sup>1</sup>; Segura Juan<sup>1</sup>

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

**Abstract:** La microbiota intestinal es un conjunto de microorganismos (bacterias, arqueas, virus y eucariotas) fundamentales para la salud del hospedador, ya que contribuyen a la nutrición, inmunidad y adaptación a nuevos nichos ecológicos. En aves, esta microbiota cumple funciones similares y, en especies migratorias como *Bubulcus ibis*, puede facilitar la dispersión de patógenos y genes de resistencia a antibióticos (ARG), lo que representa un riesgo creciente para la salud pública y animal.

Este estudio tiene como objetivo analizar la microbiota y el resistoma en muestras fecales de *B. ibis* provenientes de ciénagas y zonas ganaderas en Puerto Berrío (Antioquia), así como compararlos con el microbioma de *Bos indicus*. Se plantean tres grupos: garzas asociadas a ganado, garzas de humedal sin contacto con ganado y bovinos. Las muestras fecales serán recolectadas bajo protocolos de bioseguridad, conservadas en frío y procesadas para la extracción de ADN.

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





El análisis se realizará mediante secuenciación metagenómica tipo shotgun (WGS), seguido de control de calidad, eliminación de contaminantes del hospedador y clasificación taxonómica con bases de datos de referencia. Se evaluarán la diversidad microbiana (alfa y beta) y las diferencias entre grupos mediante análisis estadísticos multivariados. Paralelamente, el resistoma será caracterizado identificando ARGs y su asociación con elementos genéticos móviles (MGEs), lo que permitirá inferir su potencial de transferencia horizontal.

Se espera encontrar una microbiota dominada por Proteobacteria, incluyendo bacterias de importancia clínica como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Salmonella enterica*, así como una alta prevalencia de genes de resistencia (por ejemplo, *blaCTX-M* y *mcr*). La posible coincidencia de estos genes entre aves y ganado evidenciaría la transferencia de resistencia en ambientes compartidos.

Este estudio aportará evidencia clave sobre la dinámica de diseminación de ARGs en la interfaz fauna silvestre–ganadería, contribuyendo a estrategias de vigilancia y control bajo el enfoque de Una Sola Salud.

Palabras clave: microbiota intestinal, resistoma, *Bubulcus ibis*, *Bos indicus*, metagenómica shotgun, genes de resistencia a antibióticos (ARG), elementos genéticos móviles (MGEs), transferencia horizontal.

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

