

**DETERMINACIÓN DE LA DIVERSIDAD TAXONÓMICA DE HONGOS ASOCIADOS A ISLAS DE FERTILIDAD Y GENES RELACIONADOS A LA DEGRADACIÓN DE MATERIA ORGÁNICA EN UN AMBIENTE SEMIÁRIDO DE LA GUAJIRA.**

**LEANDRA CAMILA JAIME CASTELLANOS**

UNIVERSIDAD COLEGIO MAYOR DE CUNDINAMARCA

FACULTAD CIENCIAS DE LA SALUD

PROGRAMA BACTERIOLOGÍA Y LABORATORIO CLÍNICO

BOGOTÁ, MAYO 2022

ASESOR INTERNO

MARTHA LUCÍA POSADA BUITRAGO

ASESOR EXTERNO

LAURA INÉS CUERVO SOTO



2

# INTRODUCCIÓN

# REGIONES ÁRIDAS Y SEMIÁRIDAS.

Predominan condiciones de sequía extrema y cobertura vegetal reducida o casi ausente y contienen el 36% del C almacenado en los ecosistemas terrestres.



Presentan períodos secos muy prolongados, lluvias irregulares con promedios bastante bajos, con una media anual de precipitación en desiertos de 150 mm y temperaturas 40 - 50°C

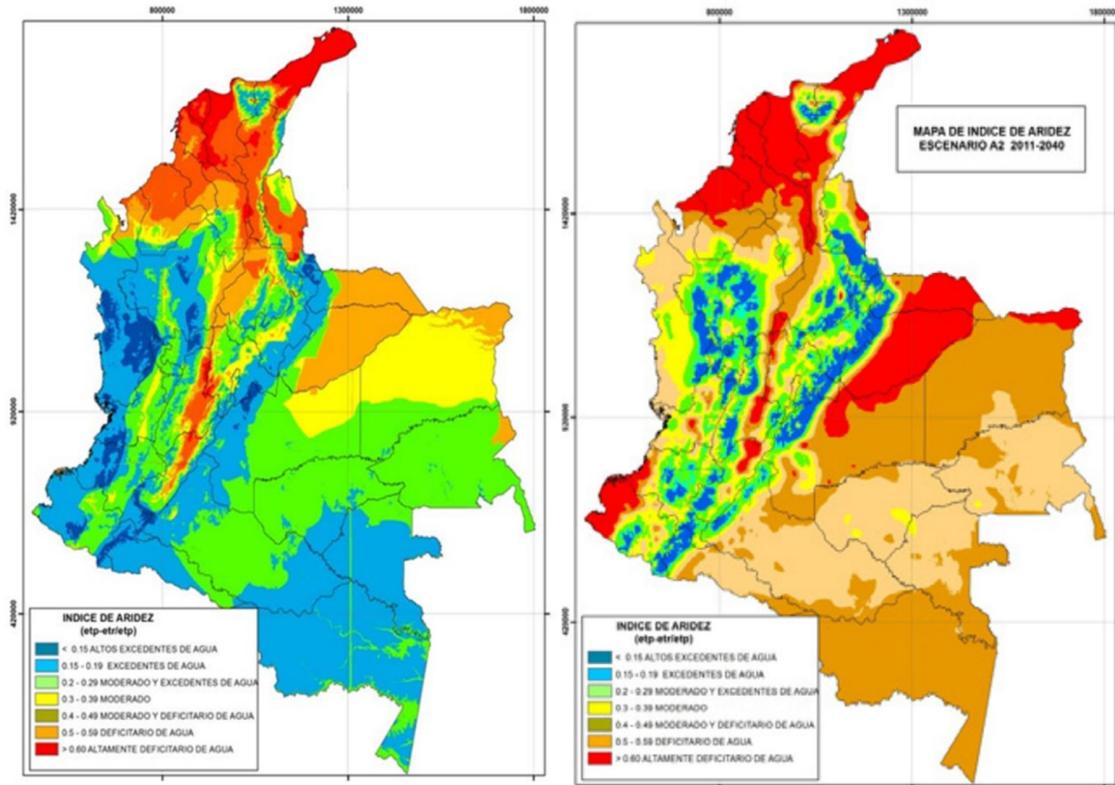


[sequia-696x464.jpg](#)



[0-2-1280x720.jpg](#)

# REGIONES ÁRIDAS Y SEMIÁRIDAS EN COLOMBIA.



En Colombia podemos encontrar zonas áridas en la parte de la Guajira, el litoral caribe, en el Cesar, en algunos sectores reducidos de Bolívar y el Atlántico, Santa Marta, Ocaña, Cúcuta y en el Magdalena alto, el desierto de la Tatacoa

Figura 1. Distribución de las zonas áridas y semiáridas en Colombia, según estimaciones de Alarcón-Hincapié (2016) con el clima 1971–2000 (Izquierda). Índice de aridez en el escenario A2 para 2011-2040 (derecha) (Pabón-Alarcón 2016).

# ISLAS DE FERTILIDAD

Intensidad biogeoquímica, y montículos fitogenéticos.



<https://pdfs.semanticscholar.org/93bf/ac37185707e749ba714f5bd30b794134921a.pdf>

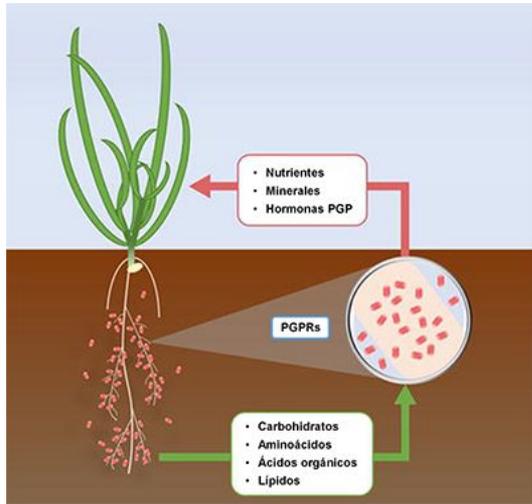
Aporte potencial de nitrógeno de los arbustos cuando mueren, a la hojarasca y materia orgánica acumulada bajo el arbusto, y al nitrógeno disponible en la capa superficial del suelo.

- Inducen bajo las plantas la acumulación y el enriquecimiento de recursos.
- Controlando así funciones a nivel micro y macro ecológico.

- Disminuyen el estrés hídrico y permiten la transformación de materia y energía regulando la cantidad de carbono, nitrógeno y fósforo que se almacena y mineraliza en el suelo.

# POBLACIONES MICROBIANAS Y SU PAPEL EN EL SUELO

La presencia de comunidades microbianas en las islas de recursos facilita la asimilación de nutrientes, fijan nitrógeno, suprimen patógenos y permiten la dispersión de minerales.



[bacte1.jpg](#)

Por su parte, los hongos del suelo se encuentran entre los grupos taxonómicos más abundantes y diversos de la tierra, se estima unas 100.000 especies descritas.

Algunos de los géneros más aislados de suelos y rizósfera de ambientes áridos, incluyen: *Aspergillus*, *Ceratobasidium*, *Fusarium*, *Penicillium*, *Mucor*, entre otros. Y diversas especies de levaduras.

# ENZIMAS: INVOLUCRADAS EN LA DEGRADACIÓN DE MATERIA ORGÁNICA

La actividad y diversidad de hongos en ecosistemas áridos y semiáridos están muy influenciados por la exposición a la temperatura óptima y la frecuencia e intensidad de las precipitaciones.

Enzimas extracelulares

Glicosil-hidrolasas

Fosfatasas

Quitinasas



# PREGUNTA PROBLEMA Y JUSTIFICACIÓN

¿La presencia de comunidades de hongos contribuye al ciclaje del carbono en islas de recursos y a su estabilidad en ambientes semiáridos de la Guajira?

La presente investigación está encaminada a realizar una recopilación de datos que permitan establecer la diversidad taxonómica de hongos a través de metagenómica y la abundancia de genes relacionados con la degradación de materia orgánica, y cómo las estaciones de lluvia y sequía influyen en estos parámetros, lo que permitirá entender la dinámica de los microorganismos en estos ecosistemas.

# OBJETIVOS

## OBJETIVO GENERAL

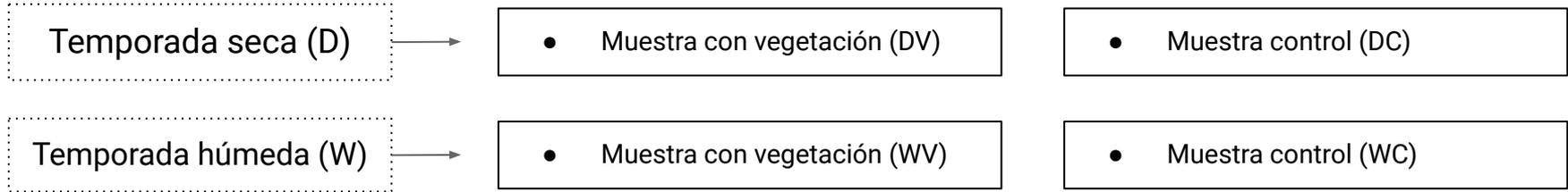
Determinar la diversidad taxonómica y funcional de hongos a través de metagenómica en islas de recursos y su influencia en la degradación de materia orgánica en ambiente semiárido de la Guajira.

## OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Identificar la diversidad taxonómica de hongos en Islas de recursos influenciados por temporada seca y húmeda en un ambiente semiárido de la Guajira.
2. Determinar la presencia y abundancia de genes degradadores de materia orgánica en Islas de recursos influenciados por temporada seca y húmeda en un ambiente semiárido de la Guajira.
3. Relacionar la presencia de la diversidad de hongos y genes asociados a degradación de materia orgánica en islas de recursos en un ambiente semiárido de la Guajira.

# METODOLOGÍA

# POBLACIÓN Y TOMA DE MUESTRA



- ✓ *Phitecellobium dulce* (Torin)
- ✓ *Prosopis juliflora* (Trupillo)
- ✓ *Haematoxylum brasiletto* (Brasil)

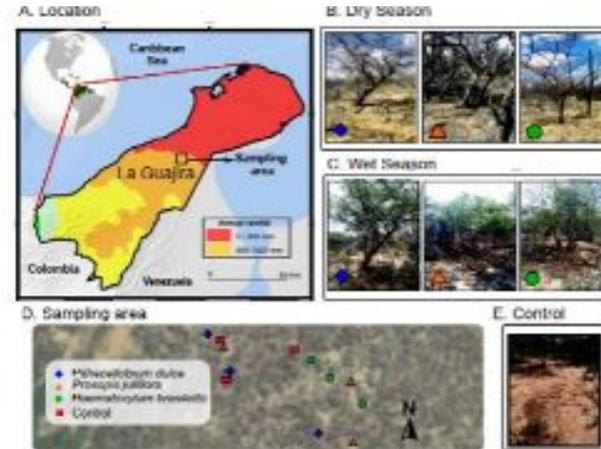


Figura 2. Mapa de ubicación de los sitios de recolección de suelo en islas de recursos y controles.

Se censaron todos los árboles nodriza de las islas de recursos que estaban ubicadas en un recorrido de 300m en zigzag

En el municipio de **Uribia** de La Guajira, principalmente en la Fundación Cerrejón.

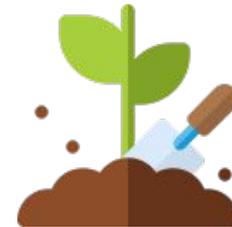
## Metagenómica.

- ✓ 50 g de suelo en cada isla de fertilidad, realizando la toma aproximadamente a 1 cm de profundidad.
  - ✓ Cada una de las muestras fue homogenizada.
- BGI en USA



## Caracterización fisicoquímica de los suelos.

- ✓ 1000 g de suelo en cada isla de fertilidad, cada una se realizó entre 2 a 5 cm de profundidad
- ✓ De cada una de las islas se buscó obtener una muestra que fuera integral para cada isla de fertilidad.



# DIVERSIDAD TAXONÓMICA

La **diversidad taxonómica** fue determinada reconstruyendo integralmente los genes 18S rRNA, usando el software Phyloflash

SILVA v138 y cuantificando su frecuencia usando el software BMap



En los recuentos OTU se realizó la normalización mediante el método de escala de suma total.

STAMP v.2.1.3.



# IDENTIFICACIÓN GENES

METAGENOMA



BuscarV

Genes degradadores de materia orgánica

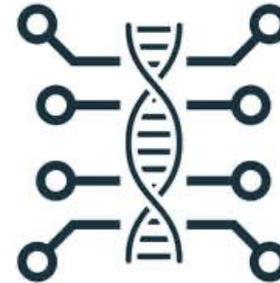
Abundancia de estos genes en cada una de las muestras de las islas de fertilidad.

```
=BUSCARV(  
BUSCARV(valor_buscado; matriz_tabla; indicador_columnas; [rango])
```

Los códigos KO se exportaron y se procedieron a analizar con los softwares STAMP Y Microbiome Analyst

Luego de este análisis se lograron identificar los genes que estaban asociados a la degradación de materia orgánica

Teniendo en cuenta las rutas metabólicas (pathways) y ortología en KEGG.



# RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## DIVISIÓN Y COMPOSICIÓN TAXONÓMICA DE HONGOS

El análisis metagenómico mostró que

El 95.35% del microbioma de las islas de fertilidad fue representado por bacterias

El 2.11% del microbioma de las islas de fertilidad fue representado por EUCARIOTAS.

El 0.54% del microbioma de las islas de fertilidad fue representado por arqueobacterias

## Nivel de Filo

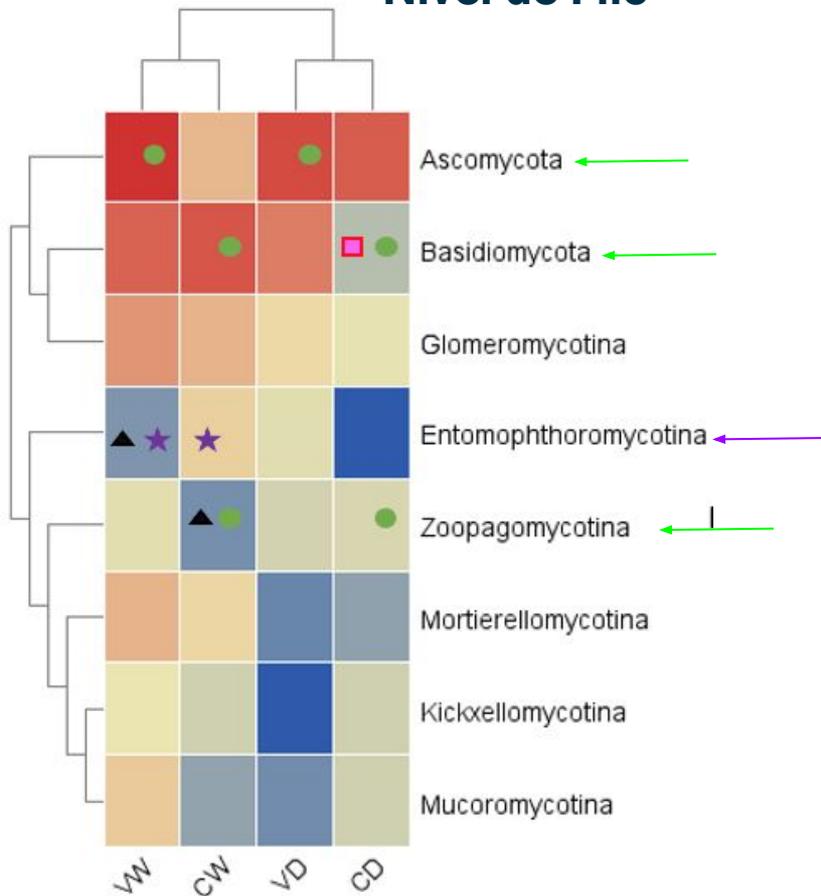
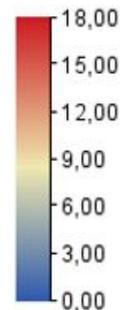


Figura 3. Abundancia relativa a nivel de Filo en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.



### DIFERENCIAS SIGNIFICATIVAS P<0,05

- ★ Comparación D-W
- Comparación V-C
- Dry V-C
- ▲ Wet V-C

# Nivel de clase

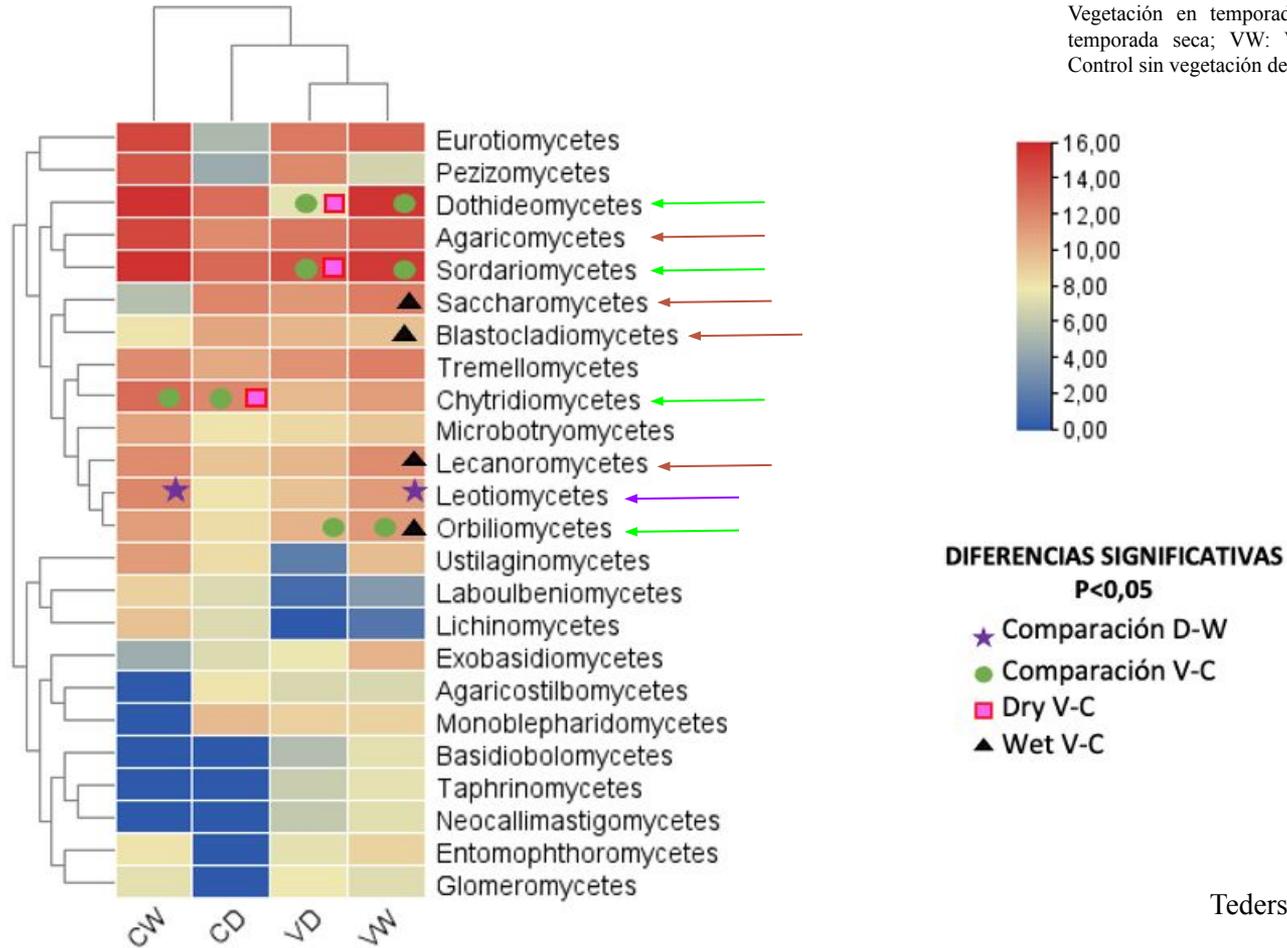
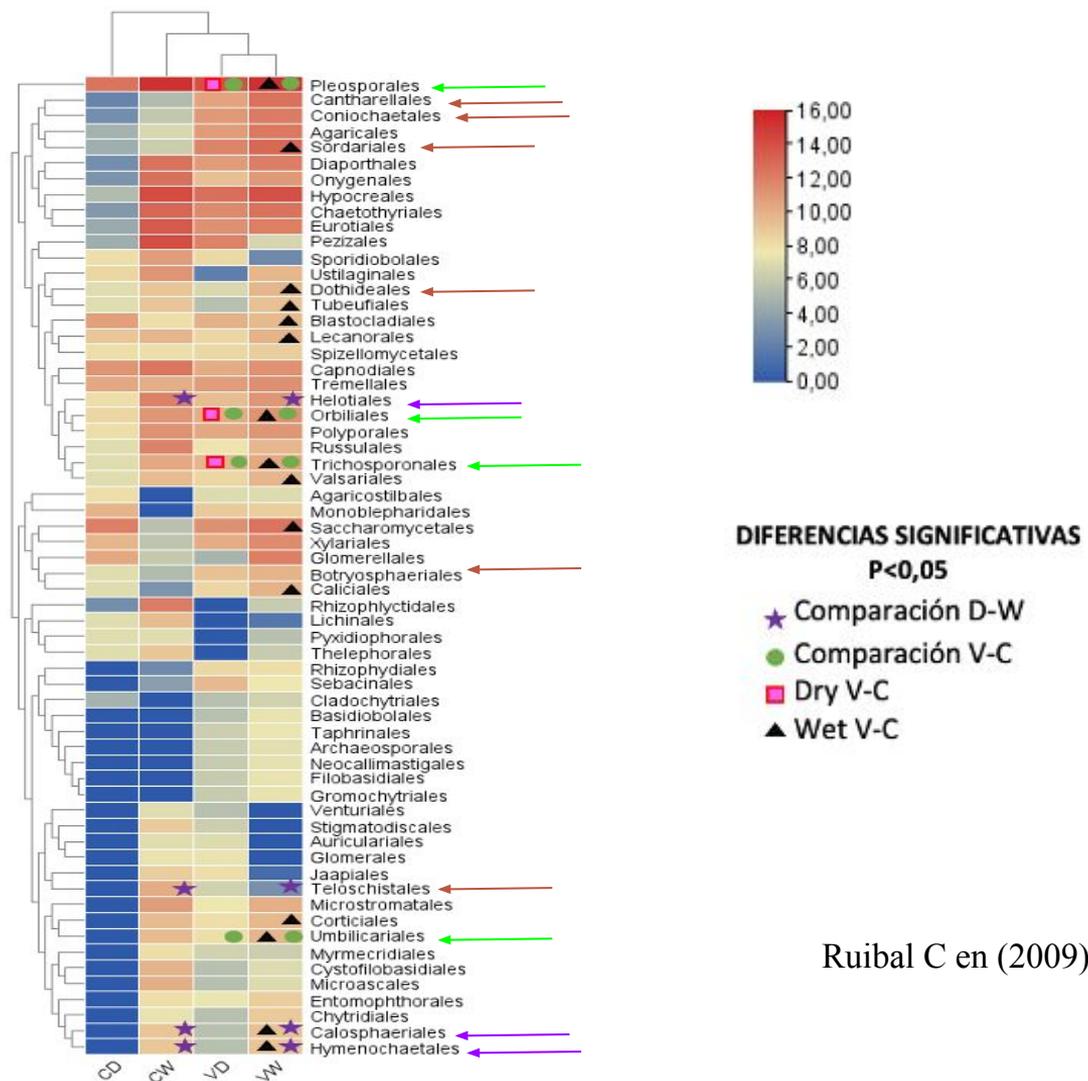


Figura 4. Abundancia relativa a nivel de clase en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

## Nivel de orden.

Figura 5. Abundancia relativa a nivel de orden en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.



# Nivel de familia

Lang Yona et al. (2018).

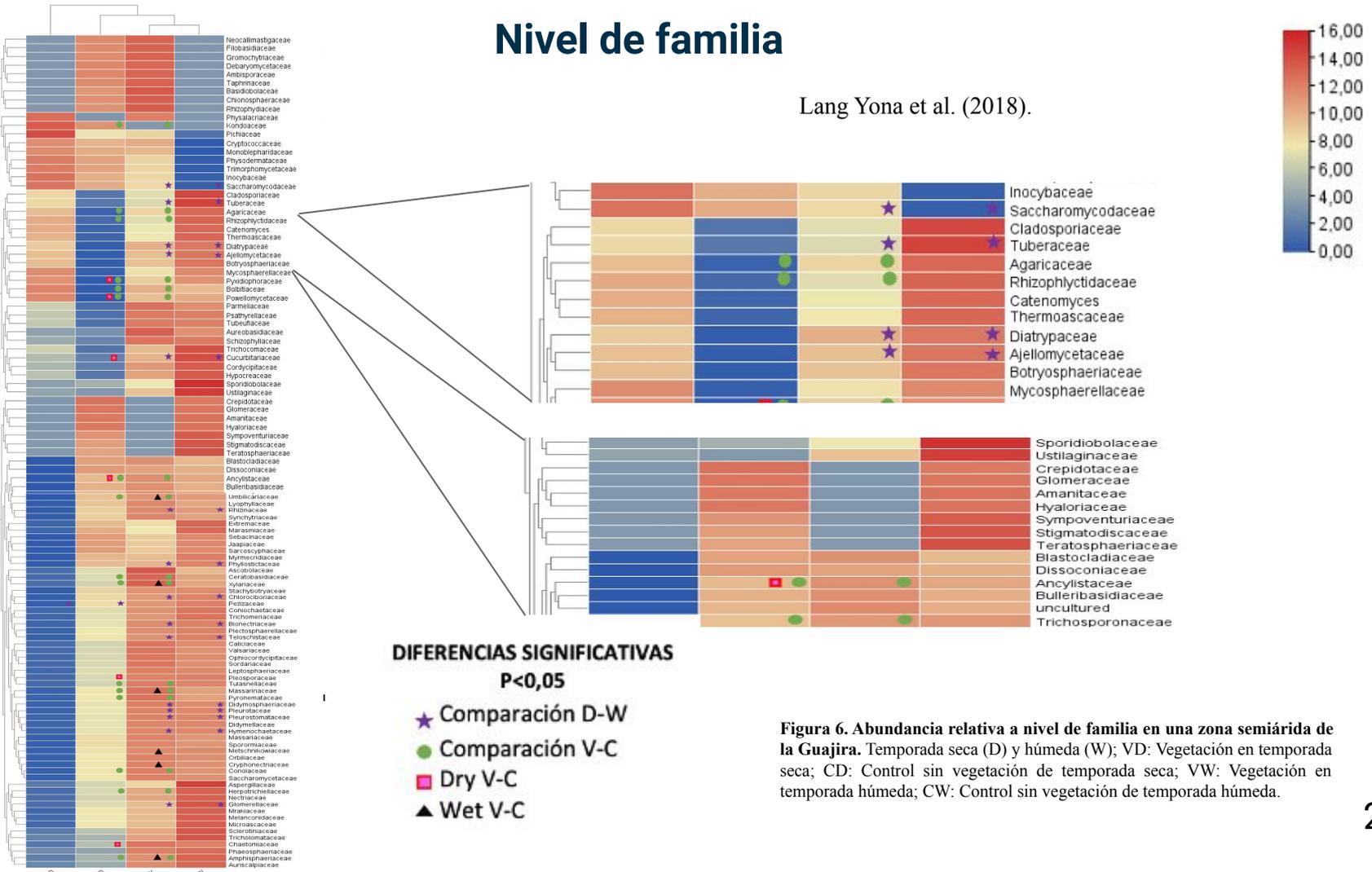


Figura 6. Abundancia relativa a nivel de familia en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

## Nivel de género

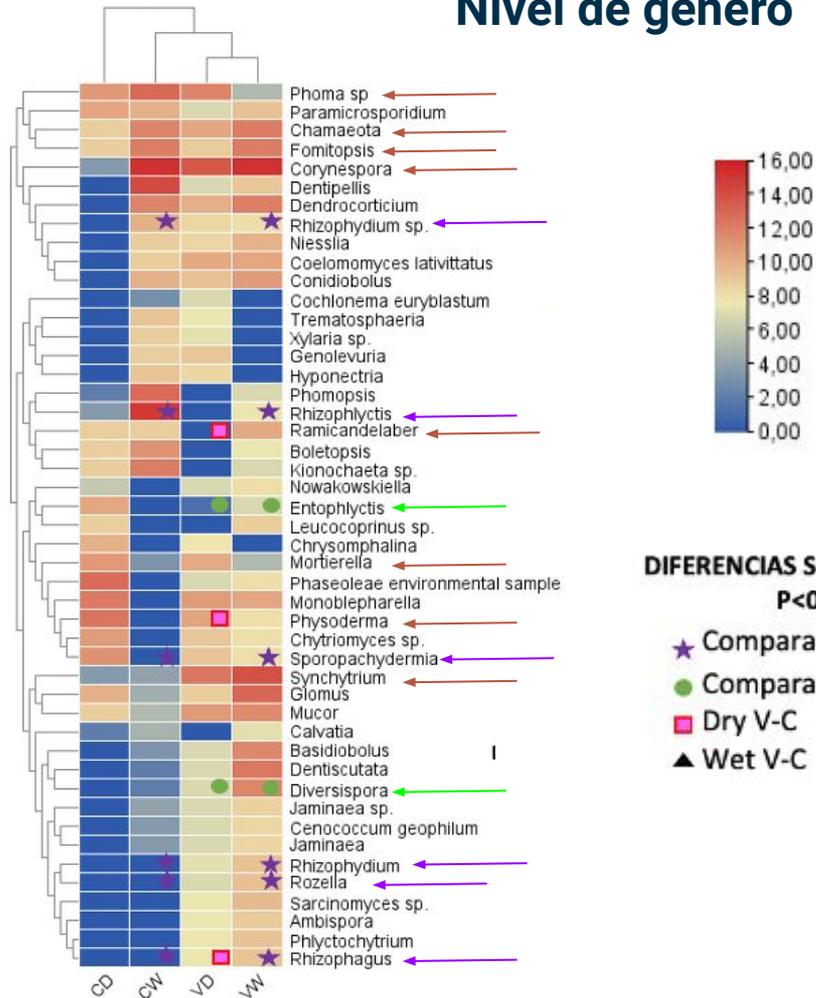


Figura 7. Abundancia relativa a nivel de género en una zona semiárida de la Guajira. Temporada seca (D) y húmeda (W); VD: Vegetación en temporada seca; CD: Control sin vegetación de temporada seca; VW: Vegetación en temporada húmeda; CW: Control sin vegetación de temporada húmeda.

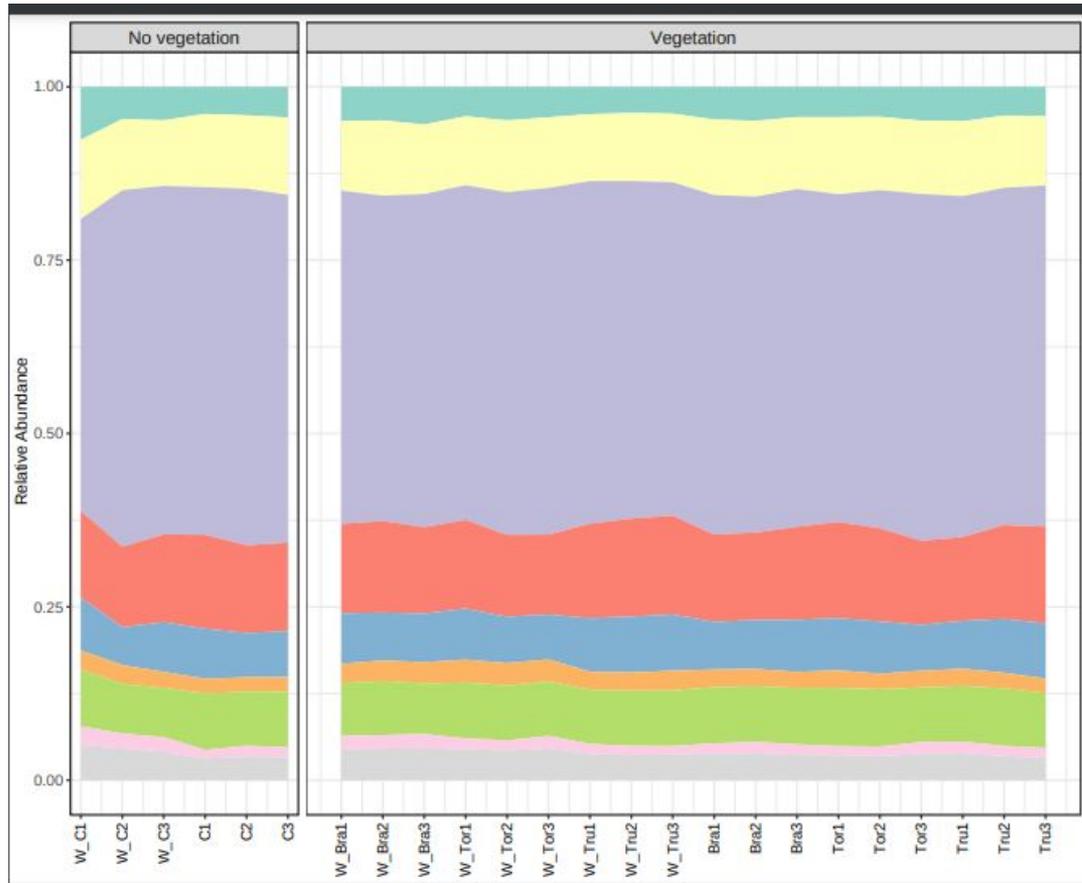
### DIFERENCIAS SIGNIFICATIVAS

P < 0,05

- ★ Comparación D-W
- Comparación V-C
- Dry V-C
- ▲ Wet V-C

Alexandrova, A. et al. en el 2018

# IDENTIFICACIÓN DE GENES DEGRADADORES DE MATERIA ORGÁNICA



Objetivo 2.

Figura 8. Rutas metabólicas involucradas en la degradación de materia orgánica. C y WC representan controles en temporada seca y húmeda (W). Bra, Tor y Tru: árboles (temporada seca) W-Bra, W-Tor y W-Tur: árboles (temporada húmeda).

# TABLA ABUNDANCIAS GENES DEGRADADORES DE MATERIA ORGÁNICA

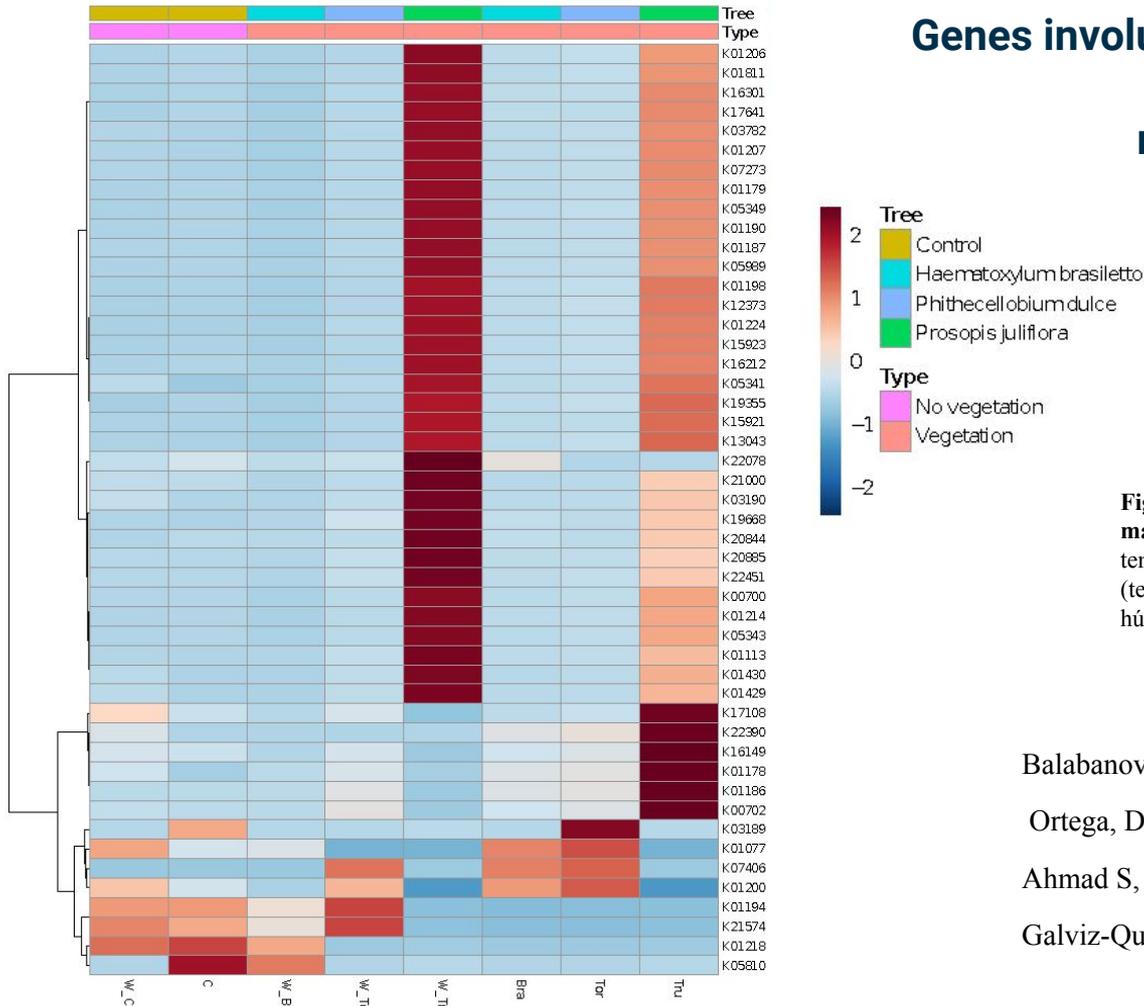
#	#Datasets	Metabolism / Carbohydrate metabolism	W_Bra	W_C	W_Tor	W_Tru	Bra	C	Tor	Tru
1	K01214	isoamylase [EC:3.2.1.68]	13944	11859	14295	19485	15196	16325	14845	14854
2	K05349	beta-glucosidase [EC:3.2.1.21]	11664	9309	11616	18387	15558	15187	16065	16703
3	K05343	maltose alpha-D-glucosyltransferase / alpha-amylase [EC:5.4.1.1]	10541	8584	10574	15010	11279	12288	11313	11370
4	K00700	1,4-alpha-glucan branching enzyme [EC:2.4.1.18]	9432	8604	9957	14173	10633	11588	10570	11260
5	K01190	beta-galactosidase [EC:3.2.1.23]	8422	5968	7868	13979	10576	10807	10967	12407
6	K01187	alpha-glucosidase [EC:3.2.1.20]	8609	8136	8496	11626	10438	10187	10314	10465
7	K01179	endoglucanase [EC:3.2.1.4]	6301	4763	7017	10834	8448	8766	8216	9877
8	K03782	catalase-peroxidase [EC:1.11.1.21]	7468	7093	6796	8905	8324	8008	8252	8161
9	K01236	maltotriopolysyltrehalose trehalohydrolase [EC:3.2.1.141]	6768	5659	7368	10380	7096	8281	7082	7318
10	K01198	xylan 1,4-beta-xylosidase [EC:3.2.1.37]	4915	3365	4655	7225	6947	6276	7111	7597

#	#Datasets	Metabolism / Carbohydrate metabolism	W_Bra	W_C	W_Tor	W_Tru
1	K01214	isoamylase [EC:3.2.1.68]	13944	11859	14295	19485
2	K05349	beta-glucosidase [EC:3.2.1.21]	11664	9309	11616	18387
3	K05343	maltose alpha-D-glucosyltransferase / alpha-amylase [EC:5.4.1.1]	10541	8584	10574	15010
4	K00700	1,4-alpha-glucan branching enzyme [EC:2.4.1.18]	9432	8604	9957	14173
5	K01190	beta-galactosidase [EC:3.2.1.23]	8422	5968	7868	13979

26	K15923	alpha-L-fucosidase 2 [EC:3.2.1.51]	3028	2106	2805	4444	4018	3756	3942	4410
27	K00428	laccase [EC:1.10.3.2]	2888	3354	3721	5275	2910	3969	2965	3121
28	K01181	endo-1,3(4)-beta-glucanase [EC:3.2.1.6]	2338	1575	2677	3752	3059	3163	2855	3226
29	K15532	oligosaccharide reducing-end xylanase [EC:3.2.1.156]	2580	1683	2753	3925	3511	3396	3536	3962
30	K06113	deoxyhypusine monooxygenase [EC:1.14.99.29]	2430	1662	2494	3897	3298	3230	3232	3715
31	K12308	beta-galactosidase [EC:3.2.1.23]	2575	2353	2237	4417	2496	3050	2492	3074
32	K01191	alpha-mannosidase [EC:3.2.1.24]	2695	3026	2468	4420	1881	2923	1840	1735
33	K20543	malonyl-S-ACP:biotin-protein carboxyltransferase subunit Mad	2099	2008	2259	3617	1811	2562	1892	2162
34	K00432	glutathione peroxidase [EC:1.11.1.9]	1955	2180	2365	3359	2171	2632	2216	2489
35	K01183	chitinase [EC:3.2.1.14]	1809	1240	1991	2692	2002	2228	1680	1910
36	K01176	alpha-amylase [EC:3.2.1.1]	1900	2290	2058	3042	2139	2413	2185	2602
37	K07658	two-component system, OmpR family, alkaline phosphatase sy	1746	2045	2011	3126	2182	2440	2256	2483
38	K01235	arabinogalactan endo-1,4-beta-galactosidase [EC:3.2.1.89]	1607	975	1785	2374	2479	2213	2647	2722
39	K01201	glucosylceramidase [EC:3.2.1.45]	1508	1239	1342	2304	2165	1937	2208	2333
40	K05342	alpha-alpha-trehalose phosphorylase [EC:2.4.1.64]	2049	2481	1997	2070	2416	2161	2110	2067
41	K01192	beta-mannosidase [EC:3.2.1.25]	1535	1572	1595	3220	1237	2017	1215	1255
42	K18581	rhannogalacturonan hydrolase [EC:3.2.1.171]	1144	764	1089	1807	1526	1474	1580	1731
43	K03189	urease accessory protein	1144	1178	1007	1302	1039	1116	985	1030
44	K07406	alpha-galactosidase [EC:3.2.1.22]	1065	1249	933	2416	938	1429	866	1031
45	K01218	mannan endo-1,4-beta-mannosidase [EC:3.2.1.78]	957	642	1054	1469	1262	1262	1217	1432
46	K22390	cholinesterase	1084	938	1077	1946	807	1310	957	908
47	K05810	cyclic 2,3-diphosphoglycerate synthase [EC:6.5.1.9]	995	1159	1146	1626	1092	1288	1070	1155
48	K21575	ferredoxin:flavodoxin--NADP+ reductase [EC:1.18.1.2 1.19.1.1]	940	1011	1041	1732	2118	1630	2341	2497
49	K01182	oligo-1,6-glucosidase [EC:3.2.1.10]	1050	1204	1011	1737	1423	1390	1381	1429
50	K01077	alkaline phosphatase [EC:3.1.3.1]	924	984	1059	1390	956	1135	942	1093
51	K01208	cyclomaltodextrinase / maltogenic alpha-amylase / neopolulan	912	1192	1058	1925	1194	1392	1232	1333
52	K01194	alpha-alpha-trehalase [EC:3.2.1.28]	841	763	842	1435	1214	1164	1338	1443

# Genes involucrados en la degradación de materia orgánica.

Objetivo 2.



**Figura 9. Genes involucrados en la degradación de materia orgánica.** C y WC representan controles en temporada seca y húmeda (W). Bra, Tor y Tru: árboles (temporada seca) WBra, WTor y WTur: árboles (temporada húmeda).

Balabanova, et al en el 2012.

Ortega, D. R. en el (2015).

Ahmad S, et al, en el 2009.

Galviz-Quezada, et al (2019).

## CARACTERIZACIÓN FÍSICOQUÍMICA DEL SUELO

	% Sand	% Clay	% Silt	pH	EC (dS/m)	OM (g/100g)	OC (g/100g)	P (A-mg/kg)	TN (g/100g)	S (A-mg/kg)
PorVar1	Sand	Clay	Silt	pH	EC	OM	OC	P	TN	S
D	65.06 (1.72) A	12.12 (1.41) A	22.83 (1.22) A	6.63 (0.12) A	0.35 (0.05) A	1.15 (0.21) A	0.67 (0.12) A	24.11 (2.86) A	0.14 (0.02) A	13.79 (1.97) A
W	70.21 (1.38) B	9.15 (1.19) A	20.64 (1.09) A	6.69 (0.13) A	0.09 (0.01) B	0.35 (0.05) B	0.2 (0.03) B	16.57 (2.35) B	0.06 (0.01) B	4.08 (0.72) B
P	0.014	0.083	0.067	0.718	0.000	0.000	0.021	0.021	0.000	0.000
VD	64.77 (2.28) A	13.9 (1.33) A	21.32 (1.26) A	6.53 (0.14) A	0.42 (0.05) A	1.41 (0.21) A	0.82 (0.12) A	26.34 (3.49) A	0.16 (0.02) A	16.78 (1.6) A
CD	65.9 (1.35) A	6.76 (1.8) AB	27.34 (0.64) A	6.94 (0.15) A	0.14 (0.02) B	0.38 (0.07) B	0.22 (0.04) B	17.42 (1.87) A	0.07 (0.01) B	4.82 (0.88) B
VW	70.76 (1.79) A	8.21 (1.38) B	21.03 (1.43) A	6.69 (0.15) A	0.09 (0.01) B	0.3 (0.05) B	0.17 (0.03) B	15.29 (3.01) A	0.07 (0.01) B	4.41 (0.93) B
CW	68.55 (1.21) A	11.99 (1.79) AB	19.46 (0.67) A	6.68 (0.35) A	0.09 (0.01) B	0.5 (0.01) B	0.29 (0.01) B	20.4 (1.62) A	0.05 (0.01) B	3.08 (0.62) B
P	0.172	0.016	0.060	0.571	0.000	0.000	0.000	0.092	0.000	0.000

	CEC (cmol(+)/kg)	B (A-mg/kg)	Ca (A-cmol(+)/kg)	Mg (A-cmol(+)/kg)	K (A-cmol(+)/kg)	Fe (A-mg/kg)	Mn (A-mg/kg)	Zn (A-mg/kg)
PorVar1	CEC	B	Ca	Mg	K	Fe	Mn	Zn
D	6.56 (0.95) A	0.81 (0.12) A	4.94 (0.78) A	1.12 (0.14) A	0.42 (0.05) A	38.59 (7.52) A	17.41 (2.27) A	1.63 (0.19) A
W	3.92 (0.37) B	0.12 (0.02) B	2.86 (0.25) B	0.8 (0.12) B	0.21 (0.02) B	21.35 (6.64) A	2.5 (0.55) B	1.15 (0.07) B
P	0.006	0.000	0.007	0.048	0.001	0.056	0.000	0.016
VD	7.63 (1.02) A	0.96 (0.13) A	5.79 (0.85) A	1.27 (0.15) A	0.47 (0.05) A	47.91 (7.75) B	20.6 (2.09) A	1.84 (0.22) A
CD	3.36 (0.6) B	0.34 (0.08) B	2.39 (0.58) B	0.66 (0.03) AB	0.27 (0.03) AB	10.64 (1.18) A	7.84 (0.3) B	1 (0) B
VW	3.66 (0.25) B	0.12 (0.02) B	2.76 (0.19) B	0.66 (0.08) B	0.19 (0.02) B	23.62 (8.76) A	2.25 (0.33) B	1.2 (0.08) B
CW	4.7 (1.33) AB	0.14 (0.04) B	3.16 (0.93) AB	1.19 (0.35) AB	0.28 (0.05) AB	14.56 (4.43) A	3.28 (2.21) B	1.01 (0.01) B
P	0.004	0.000	0.006	0.009	0.001	0.038	0.000	0.008

## CONCLUSIONES

📍 La abundancia de hongos y de genes de degradación de materia orgánica fue influenciada por cambios en la humedad o sequía del suelo y por la presencia o ausencia de una costra biológica.



📍 La abundancia de hongos fue mayor en el suelo con vegetación en la temporada húmeda, lo que demuestra la relación que se tiene con el factor estacional, ya que en mayor concentración de humedad mayor será la presencia de estos.

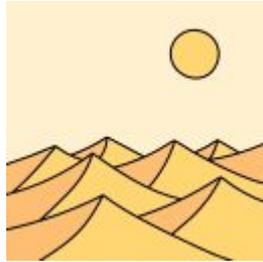


# CONCLUSIONES

- 📍 La principal ruta asociada a la degradación de materia orgánica fue la del metabolismo de los carbohidratos, principalmente la que utiliza las Glicosil-hidrolasas.



- 📍 Estas abundancias de los genes codificantes de glicosil-hidrolasas se vieron incrementadas en suelos con vegetación y en temporada húmeda donde se presentaron las mayores concentraciones de nutrientes y por lo tanto una mayor competencia por fuentes de energía.



## RECOMENDACIONES

1. Realizar el aislamiento de los hongos que están presentes en los suelos con presencia de vegetación y los suelos control para así poder plantear estudios in vivo, buscando evidenciar las actividades enzimáticas que estos realizan en el suelo.
2. Contemplando el panorama de aridez que se está intensificando en Colombia estudios relacionados con las islas de fertilidad potencian la investigación de estos ecosistemas, explorando la influencia de los microorganismos que están presentes, logrando así una mayor estabilidad en estos ecosistemas para disminuir su impacto a nivel biológico.

GRACIAS