

RESUMEN

Autor **Alvarez Ccoscco, R.**
Autor **Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima (Peru).**
corporativo **Facultad de Ciencias**
Título **Evaluación de la diversidad metagenómica de una fuente termal del Santuario de Ampay - Apurímac, mediante el uso de electroforesis en gel con gradiente desnaturalizante (DGGE)**
Impreso Lima : UNALM, 2017

Copias

Ubicación	Código	Estado
Sala Tesis	<u>P10. A4833 - T</u>	EN PROCESO
	Descripción 64 p. : 19 fig., 9 tablas, 83 ref. Incluye CD ROM	
	Tesis Tesis (Biólogo)	
	Bibliografía Facultad : Ciencias	
	Sumario Sumarios (En, Es, Qu)	
	Materia <u>AGUAS TERMALES</u> <u>MICROORGANISMOS</u> <u>BIODIVERSIDAD</u> <u>ELECTROFORESIS</u> <u>EN GEL</u> <u>TECNICAS</u> <u>ANALITICAS</u> <u>ADN</u> <u>GENES</u> <u>NORMAS</u> <u>EVALUACION</u> <u>ZONAS PROTEGIDAS</u> <u>PERU</u> <u>DIVERSIDAD</u> <u>MICROBIANA</u> <u>METAGENOMICA</u> <u>ADN</u> <u>METAGENOMICO</u> <u>ELECTROFORESIS</u> <u>EN GEL CON</u> <u>GRADIENTE</u> <u>DESNATURALIZANTE</u> <u>TECNICA DGGE</u> <u>SANTUARIO DE</u> <u>AMPAY</u> <u>APURIMAC (DPTO)</u> <u>FUENTES TERMALES</u>	
	Nº PE2020000075 B / M	
	estándar EUVZ P10	

En los últimos años, la metagenómica ha ganado gran acogida entre los investigadores de diversos campos de la microbiología. La electroforesis en gel

con gradiente desnaturante (DGGE) se utiliza como una estrategia básica para la caracterización microbiana mediante el uso del ADN metagenómico. La Técnica del DGGE es altamente sensible y confiable ya que es capaz de detectar por encima del uno por ciento de la diversidad presente en una comunidad microbiana, incluyendo microorganismos no cultivables. En el presente trabajo se realizó la evaluación de la diversidad microbiana de una fuente termal Carboncañana del Santuario de Ampay a partir de las secuencias obtenidas del DGGE. El ADN fue extraído a partir de dos muestras ambientales: sedimento y agua. Se utilizaron los cebadores GC-948F/ L1401R, 1055F/ 1406R-GC y F16SrRNA-GC/ R16S rRNA para el gen 16S de bacterias, 0348FGC/0691R para arqueas y NS1/ GC-Fung para hongos. Las bandas generadas en el DGGE a partir de los productos generados por los cebadores 1055F/1406R-GC presentaron perfiles más definidos y claros respecto al resto de los cebadores del gen 16S. De acuerdo a la estandarización del protocolo DGGE, se logró una mejor resolución de las bandas utilizando gel de poliacrilamida a una concentración de siete por ciento para amplicones de los genes ribosomales de bacterias y hongos; con rangos de desnaturante del 36-65 y 25-55 por ciento para bacterias y hongos respectivamente. En el análisis de la diversidad microbiana se encontró que en la fuente termal predominan las accesiones que pertenecen a las familias: Pseudomonadaceae, Aspergillaceae, Patellariaceae, Sporormiaceae y Tubeufiaceae. Los géneros predominantes fueron: *Peudomonas* y *Aspergillus*. Así mismo, también se encontraron bacterias y hongos no cultivables. En la muestra de agua se encontró mayor diversidad de hongos que en la muestra de sedimento.

ABSTRACT

Nowadays, metagenomics is being used by many researchers in different fields of microbiology. Denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) is used as a basic strategy in microbial characterization thought using metagenomics DNA. DGGE technique has high sensitivity and accuracy due to the fact it is able to detect over one per cent of the microbial diversity present in a community, including uncultured microorganisms. In the current work, the microbial diversity evaluation was performed from the spring thermal Carboncañana of Ampay Sanctuary using sequences which were obtained from DGGE gel. The DNA was extracted from two environmental samples: sediment and water. It was used GC-948F/ L1401R, 1055F/ 1406R-GC y F16SrRNA-GC/ R16S rRNA primers to bacteria, 0348FGC/0691R to archaea and NS1/ GC-Fung to fungi. DGGE bands from 1055F/1406R-GC primer were clearer and more definite than other 16S primers. According to DGGE protocol standardization, good resolution of bands was achieved using polyacrylamide gel at six per cent to both amplicóns from bacteria and fungi: 36-65 and 25-55 per cent of denaturant to bacteria and fungi respectively. After the microbial diversity

analysis, it was found that in the thermal spring their predominant accessions belong to the following families: Pseudomonadaceae, Aspergillaceae, Patellariaceae, Sporormiaceae and Tubeufiaceae. The predominant genders were *Peudomonas* and *Aspergillus*. In addition, we found uncultured bacteria and fungi. The water sample had more fungi diversity than the sediment sample.