

## O13-Predominancia y alta diversidad de genes asociados a la depuración de formas tóxicas de nitrógeno en metagenomas de sedimentos costeros subantárticos de zonas urbanas

Calderoli, P.A., Espínola, F., Dionisi, H. & Lozada, M.

Centro para el Estudio de Sistemas Marinos (CESIMAR), CCT CONICET-CENPAT, Puerto Madryn, Argentina.  
pcalderoli@cenpat-conicet.gob.ar

Las comunidades microbianas que habitan en los sedimentos son un componente clave de los ecosistemas costeros, ya que impulsan transformaciones biológicas fundamentales como la descomposición de la materia orgánica (MO) y el ciclado de nutrientes, contribuyendo así a la sustentabilidad del ecosistema. En este trabajo utilizamos una estrategia metagenómica para estudiar el rol de las comunidades microbianas asociadas al ciclo del nitrógeno en sedimentos costeros de zonas urbanas de Bahía Ushuaia. Se analizaron 6 metagenomas a partir de ADN extraído de sedimentos de 2 sitios (3 muestras por sitio): el Muelle Comercial y la Planta de carga y descarga de combustibles Orión, secuenciados con la plataforma Illumina. Las secuencias metagenómicas asignadas a los genes relacionados con procesos disimilativos (reducción del nitrato y del óxido nitroso) predominaron en los sedimentos, sugiriendo que la oxidación de MO podría estar acoplada a la reducción del nitrato seguido de denitrificación. Los genes de denitrificación (*narG/napA*, *nirK*, *nosZ* y *norB*) también fueron responsables de las diferencias observadas en la estructuración de las comunidades microbianas en ambos sitios, siendo más abundantes aún en el Muelle Comercial, sitio de menor calidad de agua y próximo a zonas de descarga de MO. Además, la diversidad del gen *nosZ* fue significativamente mayor en el Muelle Comercial ( $p = 0,01$ ), sugiriendo que este sitio presentaría un escenario ecológico óptimo para la proliferación de filotipos potencialmente capaces de una denitrificación completa hasta nitrógeno. Con respecto a la diversidad filogenética de *nosZ*, esta se caracterizó por secuencias clasificadas como genes *nosZ* atípicos, subestimados hasta ahora en estudios ambientales. Nuestros resultados destacan el potencial de estas comunidades microbianas para la mitigación de especies tóxicas de nitrógeno en ambientes subantárticos vulnerables a la eutroficación.