



FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

Trabajo de fin de Carrera titulado:

Análisis metagenómico de suelos antárticos y su potencial aplicación para la recuperación de tierras afectadas por la desertificación

Realizado por:

Brithany Jiuliana Vilatuña Terán

Director del proyecto:

Ing. Andrés Herrera Yela, MSc.
Dámaris Priscila Intriago Baldeón, MSc.

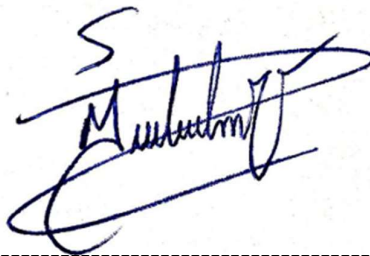
Como requisito para la obtención del título de:
INGENIERA EN BIOTECNOLOGÍA

QUITO, 27 de Agosto del 2025

DECLARACIÓN JURAMENTADA

Yo, **Brithany Jiuliana Vilatuña Terán**, ecuatoriano, con Cédula de ciudadanía N°**1753328226**, declaro bajo juramento que el trabajo aquí desarrollado es de mi autoría, que no ha sido presentado anteriormente para ningún grado o calificación profesional, y se basa en las referencias bibliográficas descritas en este documento.

A través de esta declaración, cedo los derechos de propiedad intelectual a la UNIVERSIDAD INTERNACIONAL SEK, según lo establecido en la Ley de Propiedad Intelectual, reglamento y normativa institucional vigente.



Brithany Jiuliana Vilatuña Terán

C.I.: 1753328226

DECLARACIÓN DE LOS DIRECTORES DE TESIS

Declaramos haber dirigido este trabajo a través de reuniones periódicas con la estudiante, orientando sus conocimientos y competencias para un eficiente desarrollo del tema escogido y dando cumplimiento a todas las disposiciones vigentes que regulan los Trabajos de Titulación.

Ing. Manuel Andrés Herrera Yela, MSc.
Máster en Biología Computacional

Dámaris Priscila Intriago Baldeón, MSc.
Master of Science in Molecular Medicine

LOS PROFESORES INFORMANTES:

Rubén Alexander Maldonado Orbe, MSc.

José Rubén Ramírez Iglesias, PhD.

Después de revisar el trabajo presentado lo han calificado como apto para su defensa
oral ante el tribunal examinador.

Rubén Alexander Maldonado Orbe, MSc.

José Rubén Ramírez Iglesias, PhD.

Quito, 27 de Agosto del 2025

DECLARACIÓN DE AUTORÍA DEL ESTUDIANTE

Declaro que este trabajo es original, de mi autoría, que se han citado las fuentes correspondientes y que en su ejecución se respetaron las disposiciones legales que protegen los derechos de autor vigentes.

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'Brithany Jiuliana Vilatuña Terán', is written over a light blue circular stamp. The signature is stylized with a large 'S' at the top and a large 'J' at the bottom.

Brithany Jiuliana Vilatuña Terán

C.I.: 1753328226

RESUMEN

Los suelos son ecosistemas altamente diversos. Incluso ambientes extremos como la Antártida han sido objeto de estudio debido a la complejidad de sus comunidades microbianas, las cuales se desarrollan en un entorno particularmente frágil y amenazado por el calentamiento global. Por otro lado, en otras regiones del planeta, los suelos estériles y degradados representan una problemática creciente, caracterizada por microbiomas autóctonos debilitados, que no logran adaptarse a condiciones ambientales adversas. En este contexto, en el presente estudio se propuso evaluar el potencial de los suelos antárticos como posible solución para la rehabilitación de tierras afectadas por la desertificación. Para ello, se utilizaron tecnologías de secuenciación NGS junto con análisis metagenómicos taxonómicos y funcionales, sobre tres muestras de suelo rizosférico recolectadas en la península Antártica de la Isla Rey Jorge. Los datos obtenidos fueron procesados para identificar secuencias codificantes (CDS). Además, se emplearon bases de datos especializadas como EggNOG, CAZy, NCyc, PCyc y PGPFinder para detectar genes involucrados en el metabolismo celular y en los principales ciclos biogeoquímicos que sustentan la funcionalidad edáfica. Se identificaron tres filos bacterianos dominantes: Firmicutes, Actinobacteria y Proteobacteria, con una riqueza taxonómica que alcanzó hasta 1580 especies. A nivel funcional, se identificaron genes y rutas clave asociadas a los ciclos del carbono, nitrógeno y fósforo. Además, se hallaron genes PGP vinculados a procesos de biofertilización, síntesis de fitohormonas, detoxificación de metales pesados y compuestos xenobióticos. También, se observaron mecanismos de tolerancia al estrés abiótico (especialmente a la sequía y a la osmoprotección), junto con una notable abundancia de genes relacionados con la colonización radicular. Este estudio demuestra que los microbiomas de suelos antárticos contienen genes con alto valor biotecnológico, los cuales podrían contribuir a la mejora de suelos afectados por la desertificación. Su posible aplicación en procesos de bioaumentación representa una alternativa innovadora frente a los desafíos de la degradación edáfica a nivel global.

Palabras clave: Metagenómica funcional; Microbioma Antártico; Biorremediación; Microbiología del suelo; Anotación funcional; Cambio climático, Ambientes extremos, Rizósfera.

ABSTRACT

Soils are highly diverse ecosystems. Even extreme environments such as Antarctica have been the subject of study due to the complexity of their microbial communities, which thrive in a particularly fragile environment threatened by global warming. On the other hand, in other regions of the planet, sterile and degraded soils represent a growing problem, characterized by weakened native microbiomes that fail to adapt to adverse environmental conditions. In this context, the present study aimed to evaluate the potential of Antarctic soil as a solution for the rehabilitation of lands affected by desertification. To this end, NGS sequencing technologies were used along with taxonomic and functional metagenomic analyses on three rhizospheric soil samples collected on the Antarctic Peninsula of King George Island. The data obtained were processed to identify coding sequences (CDS). In addition, specialized databases such as EggNOG, CAZy, NCyc, PCyc, and PGPFinder were used to detect genes involved in cellular metabolism and the main biogeochemical cycles that support soil functionality. Three dominant bacterial phyla were identified: Firmicutes, Actinobacteria, and Proteobacteria, with a taxonomic richness of up to 1,580 species. At the functional level, key genes and pathways associated with the carbon, nitrogen, and phosphorus cycles were identified. Furthermore, PGP genes linked to biofertilization processes, phytohormone synthesis, and heavy metal detoxification and xenobiotic compounds were found. Mechanisms of tolerance to abiotic stress (especially drought and osmoprotection) were also observed, along with a notable abundance of genes related to root colonization. This study demonstrates that Antarctic soil microbiomes contain genes with high biotechnological value, which could contribute to the improvement of soils affected by desertification. Its potential application in bioaugmentation processes represents an innovative alternative to the challenges of soil degradation globally.

Keywords: Functional metagenomics; Antarctic microbiome; Bioremediation; Soil microbiology; Functional annotation; Climate change; Extreme environments; Rhizosphere.