

Análisis metagenómico del impacto de la gallinaza generada de las Operaciones Concentradas de Alimentación Animal de Georgia (EE.UU.) en las comunidades microbianas del suelo y cursos de agua adyacentes

ANA DURÁN VISERAS

School of Civil & Environmental Engineering and School of Biological Sciences, Georgia Institute of Technology, Atlanta, GA, USA.

✉ anaduran@us.es | aviseras6@gatech.edu

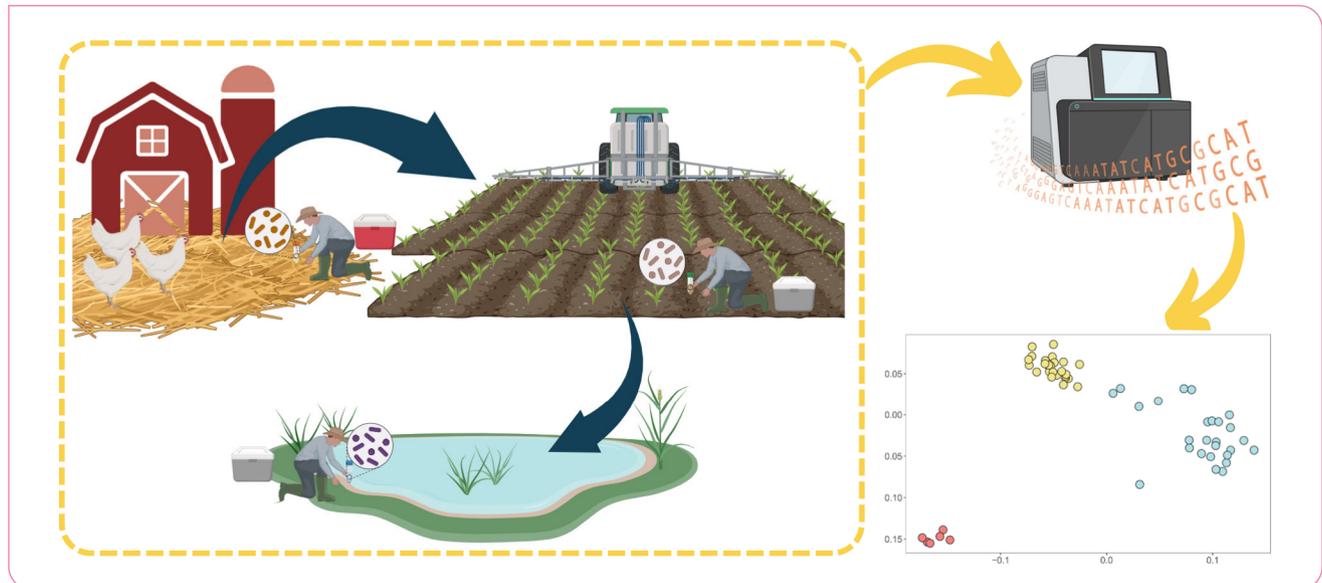


Diagrama explicativo del proceso de muestreo, secuenciación y análisis bioinformático.

En las últimas décadas, el consumo humano de alimentos ha provocado un incremento de la demanda de alimentos de origen animal, en particular la producción de carne de pollo. El estado de Georgia (EE. UU.) es uno de los principales productores de pollos destinados a la producción de carnes de Estados Unidos, donde los animales se crían en Operaciones Concentradas de Alimentación Animal (*Concentrated Animal Feeding Operations*, o CAFOs).

Las CAFOs producen grandes cantidades de residuos animales en áreas muy pequeñas pudiendo causar problemas en el medio ambiente por contaminación del agua y el aire (por ejemplo, por emisiones incontroladas de gases de efecto invernadero). Estos problemas de contaminación ambiental asociados con las CAFOs pueden verse agravados por prácticas variables de gestión de residuos como, por ejemplo, la

aplicación de estos desechos a tierras agrícolas como fertilizante. Además, la práctica ampliamente extendida del uso de antibióticos en la ganadería para profilaxis, terapia y promoción del crecimiento de los animales puede contribuir a la propagación de genes de resistencia a los antimicrobianos, generando otros posibles riesgos para la salud pública.

En este estudio, mediante técnicas metagenómicas, hemos investigado el impacto en la diversidad microbiana, así como en el perfil de resistencias antimicrobianas de la aplicación de la gallinaza generada en las CAFOs como fertilizante en los suelos adyacentes, y su posible propagación a cauces de agua cercanos.

Nuestros datos indican que, aunque determinados grupos microbianos aumentaron su abundancia durante un breve periodo de

tiempo tras la aplicación de la gallinaza, su abundancia disminuyó posteriormente hasta niveles similares a los encontrados antes de la aplicación de la gallinaza o por debajo del límite de detección del metagenoma. Los resultados obtenidos sobre la diversidad taxonómica microbiana, la abundancia relativa de los genomas ensamblados a partir de metagenomas (*metagenome-assembled genomes*, o MAGs) y la detección de genes de resistencia a los antimicrobianos (ARGs) nos han permitido concluir que esta práctica agrícola tiene un efecto prácticamente insignificante sobre el perfil del microbioma o el resistoma de estos suelos y cursos de agua cercanos, probablemente debido a su dilución en el medio natural y a la resistencia intrínseca a las perturbaciones de las comunidades microbianas autóctonas de dichos nichos, lo que revela un impacto mínimo de estas instalaciones avícolas en las comunidades microbianas naturales.