

Título	ANÁLISIS DE HOMOLOGIAS DE SECUENCIAS DE LOS GENES <i>aprA</i> Y <i>dsrA</i> IMPLICADOS EN EL PROCESO DE SULFATO REDUCCION.
Tipo de documento	Trabajo de investigación
Nivel	Pregrado
Año /Mes	Noviembre - 2016
Programa	Microbiología
Resumen	<p>La generación de sulfuro de hidrogeno es un problema en la industria petrolera, debido a la corrosión en las estructuras de tuberías, causado por bacterias sulfato reductoras, las cuales poseen una amplia diversidad filogenética que aportan a este tipo de daños. Los genes <i>aprA</i> y <i>dsrA</i> pertenecientes a las bacterias sulfato reductoras están implicados directamente con los procesos de corrosión, estos genes sintetizan dos enzimas claves, la APS reductasa, y APS reductasa desasimilatoria. El presente trabajo de investigación tuvo como objetivo analizar las secuencias de los genes <i>aprA</i> Y <i>dsrA</i> implicados en el proceso de sulfato reducción. Para el cumplimiento de este objetivo; se basó en la recolección de secuencias de diferentes géneros representativos de bacterias sulfato reductoras mediante la utilización de herramientas bioinformáticas y la base de datos del NCBI, permitiendo realizar el análisis de dichas secuencias para determinar el grado de homología establecido y posteriormente diseñar primers para las diferentes bacterias sulfato reductoras encontradas por cada gen. Los resultados obtenidos permitieron determinar homologías similares y algo similares de las diferentes especies estudiadas, porcentajes que varían desde 71%- 100% como ejemplo relevante se encuentran <i>Desulfovibrio piger</i> - <i>Desulfovibrio selexigens</i> estas especie del mismo género presentan secuencias muy similares con un porcentaje de 79 % entre las regiones 480 /2276 y arrojaron dos resultados (76, 100 %) para las secuencias que presentan algo de similitud. De esta manera se pudo determinar mediante análisis descriptivo las homologías de un grupo reducido de bacterias sulfatos reductores mediante la utilización de marcadores genéticos para ello los genes <i>aprA</i> Y <i>dsrA</i>.</p>
Palabras Claves	Corrosión, <i>Desulfovibrio</i> , Bioinformática (Fuente: Decs)
Autores	Danna Amaranto Natera Dani Luz Jiménez Gutiérrez Daniela Sánchez Polo
Tutores	David Rosado Porto María Badillo Vilorio
ISBN/ISSN	
Referencias Bibliográficas	<ol style="list-style-type: none"> Romero, M., Ocando, L., Huggins, A., Henao, J., Contreras, J., Ramos, M., ... & González, I. (2010). Evaluación de productos de corrosión de sulfuros de hierro generados por Bacterias Sulfato-Reductoras. <i>Ciencia</i>, 18(4). Jesus, E. B., de Andrade Lima, L. R. P., Bernardez, L. A., & Almeida, P. F. (2015). Inhibition of microbial sulfate reduction by molybdate. <i>Brazilian Journal of Petroleum and Gas</i>, 9(3) Torrado Rincón JR, Calixto Gómez DM, Sarmiento Caraballo AE, Panqueva Álvarez JH. Evaluación del molibdato y nitrato sobre bacterias sulfato-reductoras asociadas a procesos de corrosión en sistemas industriales. <i>Rev Argent Microbiol</i>. 2008; 40(1):52-62. Rincón T, R J, Gómez C, M D, Caraballo S, E A, et al. Evaluación del molibdato y nitrato sobre bacterias sulfato-reductoras asociadas a procesos de corrosión en sistemas industriales. <i>Rev Argent Microbiol</i>. marzo de 2008; 40(1):52-62. De Turrís, A. J., de Romero, M. F., Papavinasam, S., & Ocando, L. (2013). EFECTO SINÉRGICO DE LAS BACTERIAS SULFATO-REDUCTORAS Y EL CO2 EN AGUA DE PRODUCCIÓN SOBRE LA CORROSIÓN DEL ACERO AL CARBONO/SYNERGIC EFFECTS OF SULFATE-REDUCING BACTERIA AND CO2 IN PRODUCED WATER ON CARBON STEEL CORROSION.

Interciencia, 38(3), 209.

6. Dávila-González, E. M., Bastida-Gonzalez, F. G., Pérez-Méndez, M. J., Guerrero-Barajas, C., & Zarate-Segura, P. B. DETERMINACION DE UN CONSORCIO BACTERIANO EN UN PROCESO DE DESHALOGENACION REDUCTIVA.
7. Santegoeds, C. M., Ferdelman, T. G., Muyzer, G., & de Beer, D. (1998). Structural and functional dynamics of sulfate-reducing populations in bacterial biofilms. *Applied and Environmental Microbiology*, 64(10), 3731-3739.
8. De Turris AJ, de Romero MF, Papavinasam S, Ocando L. Agresividad corrosiva de un agua de producción por efecto de bacterias sulfato-reductoras. *Interciencia*. 2012; 37(12):868-74.
9. Mendoza Aguilar DO. Costras biológicas del suelo en ecosistemas semiáridos: composición, rendimiento fisiológico y efecto en la germinación de plantas [Internet]. Universidad Autónoma de Nuevo León; 2014 [citado 30 de septiembre de 2015]. Recuperado a partir de: <http://eprints.uanl.mx/4068/1/1080253577.pdf>
10. Cruz M, Yisel Y. Bacterias sulfato reductoras. 24 de julio de 2014 [citado 30 de septiembre de 2015]; Recuperado a partir de: <http://repository.unimilitar.edu.co/handle/10654/12039>
11. Baumgartner, L. K., Reid, R. P., Dupraz, C., Decho, A. W., Buckley, D. H., Spear, J. R., ... & Visscher, P. T. (2006). Sulfate reducing bacteria in microbial mats: changing paradigms, new discoveries. *Sedimentary Geology*, 185(3), 131-145
12. Daumas, S., Cord-Ruwisch, R., & Garcia, J. L. (1988). *Desulfotomaculum geothermicum* sp. nov., a thermophilic, fatty acid-degrading, sulfate-reducing bacterium isolated with H₂ from geothermal ground water. *Antonie van Leeuwenhoek*, 54(2), 165-178.
13. Widdel, F., & Bak, F. (1992). Gram-negative mesophilic sulfate-reducing bacteria. In *The prokaryotes* (pp. 3352-3378). Springer New York.
14. Manz, W., Eisenbrecher, M., Neu, T. R., & Szewzyk, U. (1998). Abundance and spatial organization of Gram-negative sulfate-reducing bacteria in activated sludge investigated by in situ probing with specific 16S rRNA targeted oligonucleotides. *FEMS Microbiology Ecology*, 25(1), 43-61.
15. Little BJ, Mansfeld FB, Arps PJ, Earthman JC. Microbiologically influenced corrosion [Internet]. Wiley Online Library; 2007 [citado 30 de septiembre de 2015]. Recuperado a partir de: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/9783527610426.bard040603/full>
16. Rosnes, J. T., Torsvik, T., & Lien, T. (1991). Spore-forming thermophilic sulfate-reducing bacteria isolated from North Sea oil field waters. *Applied and environmental microbiology*, 57(8), 2302-2307.
17. Monroy Cruz YY, others. Bacterias sulfato reductoras. 2014 [citado 28 de mayo de 2015]; Recuperado a partir de: <http://repository.unimilitar.edu.co:8080/handle/10654/12039>
18. Zverlov, V., Klein, M., Lückner, S., Friedrich, M. W., Kellermann, J., Stahl, D. A., ... & Wagner, M. (2005). Lateral gene transfer of dissimilatory (bi) sulfite reductase revisited. *Journal of bacteriology*, 187(6), 2203-2208.
19. Watanabe T, Kojima H, Takano Y, Fukui M. Diversity of sulfur-cycle prokaryotes in freshwater lake sediments investigated using *aprA* as the functional marker gene. *Syst Appl Microbiol*. 2013; 36(6):436-43.
20. Blazejak, A., & Schippers, A. (2011). Real-time PCR quantification and diversity analysis of the functional genes *aprA* and *dsrA* of sulfate-reducing prokaryotes in marine sediments of the Peru continental margin and the Black Sea.
21. Meyer, B., & Kuever, J. (2007). Molecular analysis of the distribution and phylogeny of dissimilatory adenosine-5'-phosphosulfate reductase-encoding genes (*aprBA*) among sulfur-oxidizing prokaryotes. *Microbiology*, 153(10), 3478-3498.
22. Meyer, B., & Kuever, J. (2007). Phylogeny of the alpha and beta subunits of the

- dissimilatory adenosine-5'-phosphosulfate (APS) reductase from sulfate-reducing prokaryotes—origin and evolution of the dissimilatory sulfate-reduction pathway. *Microbiology*, 153(7), 2026-2044.
23. Meyer, B., & Kuever, J. (2008). Homology modeling of dissimilatory APS reductases (AprBA) of sulfur-oxidizing and sulfate-reducing prokaryotes. *PLoS One*, 3(1), e1514.
24. Fritz, G., Büchert, T., Huber, H., Stetter, K. O., & Kroneck, P. M. (2000). Adenylylsulfate reductases from archaea and bacteria are 1: 1 $\alpha\beta$ -heterodimeric iron-sulfur flavoenzymes—high similarity of molecular properties emphasizes their central role in sulfur metabolism. *FEBS letters*, 473(1), 63-66.
25. Meyer, B., & Kuever, J. (2007). Molecular analysis of the diversity of sulfate-reducing and sulfur-oxidizing prokaryotes in the environment, using *aprA* as functional marker gene. *Applied and environmental microbiology*, 73(23), 7664-7679.
26. Kozak, M. (1999). Initiation of translation in prokaryotes and eukaryotes. *Gene*, 234(2), 187-208
27. Biderre-Petit, C., Boucher, D., Kuever, J., Alberic, P., Jézéquel, D., Chebance, B., ... & Peyret, P. (2011). Identification of sulfur-cycle prokaryotes in a low-sulfate lake (Lake Pavin) using *aprA* and 16S rRNA gene markers. *Microbial ecology*, 61(2), 313-327.
28. Friedrich, M. W. (2002). Phylogenetic analysis reveals multiple lateral transfers of adenosine-5'-phosphosulfate reductase genes among sulfate-reducing microorganisms. *Journal of Bacteriology*, 184(1), 278-289.
29. Müller, A. L., Kjeldsen, K. U., Rattei, T., Pester, M., & Loy, A. (2015). Phylogenetic and environmental diversity of DsrAB-type dissimilatory (bi) sulfite reductases. *The ISME journal*, 9(5), 1152-1165.
30. Moreau, J. W., Zierenberg, R. A., & Banfield, J. F. (2010). Diversity of dissimilatory sulfite reductase genes (*dsrAB*) in a salt marsh impacted by long-term acid mine drainage. *Applied and environmental microbiology*, 76(14), 4819-4828.
31. Steger, D., Wentrup, C., Braunegger, C., Deevong, P., Hofer, M., Richter, A., ... & Loy, A. (2011). Microorganisms with novel dissimilatory (bi) sulfite reductase genes are widespread and part of the core microbiota in low-sulfate peatlands. *Applied and environmental microbiology*, 77(4), 1231-1242.
32. Stahl, D. A., Fishbain, S., Klein, M., Baker, B. J., & Wagner, M. (2002). Origins and diversification of sulfate-respiring microorganisms. *Antonie van Leeuwenhoek*, 81(1-4), 189-195.
33. Dhillon, A., Teske, A., Dillon, J., Stahl, D. A., & Sogin, M. L. (2003). Molecular characterization of sulfate-reducing bacteria in the Guaymas Basin. *Applied and Environmental Microbiology*, 69(5), 2765-2772.
34. Zhang, W., Song, L. S., Ki, J. S., Lau, C. K., Li, X. D., & Qian, P. Y. (2008). Microbial diversity in polluted harbor sediments II: Sulfate-reducing bacterial community assessment using terminal restriction fragment length polymorphism and clone library of *dsrAB* gene. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 76(3), 682-691.
35. Lee J-S, White E, Kim SG, Schlesinger SR, Lee SY, Kim S-K. Discovery of a novel adenosine 5'-phosphosulfate (APS) reductase from the methanarcheon *Methanocaldococcus jannaschii*. *Process Biochem*. 2011; 46(1):154-61.
36. Hubert, C., & Voordouw, G. (2007). Oil field souring control by nitrate-reducing *Sulfurospirillum* spp. that outcompete sulfate-reducing bacteria for organic electron donors. *Applied and Environmental Microbiology*, 73(8), 2644-2652.
37. Microsoft Word - Completo.doc - 129160.pdf [Internet]. [citado 30 de septiembre de 2015]. Recuperado a partir de: <http://repositorio.uis.edu.co/jspui/bitstream/123456789/195/2/129160.pdf>
38. Duque Z. A review of corrosion by biogenic sulphide in the oil industry. *Rev Tec Fac Ing Univ ZULIA*. 2007; 30:146-56.
39. Iustman LJR, López NI. Los biosurfactantes y la industria petrolera. *Rev Quím*

- [Internet]. 2009 [citado 28 de mayo de 2015]; 8(3). Recuperado a partir de: http://digital.bl.fcen.uba.ar/Download/007_QuimicaViva/007_QuimicaViva_vol08num3.pdf
40. Schroeder RHA, Rodríguez VID, Hernández LG. Potencial de la biorremediación de suelo y agua impactados por petróleo en el trópico mexicano. *Terra*. 1999; 17(2):159-74.
 41. de Gil YF, Bruzual Y, de Gómez GL, Rodríguez C, Prin JL, Bravo N. EVALUACIÓN DE LA EFICIENCIA DE BIOCIDA COMO INHIBIDOR DE LA CORROSIÓN INDUCIDA POR MICROORGANISMOS. *Rev Latinoam Metal Mater*. 2012;(1):8-11.
 42. Duque Z. Una revisión de la corrosión por sulfuro biogénico en la industria petrolera. *Rev Téc Fac Ing Univ Zulia*. noviembre de 2007; 30(ESPECIAL):146-56.
 43. Santander Morales CB. Estudio Experimental de Corrosión en Metales de Uso Industrial por Desulfovibrio desulfuricans. 2008 [citado 30 de septiembre de 2015]; Recuperado a partir de: <http://tesis.uchile.cl/handle/2250/103133>
 44. Tatusova, T. A., & Madden, T. L. (1999). BLAST 2 Sequences, a new tool for comparing protein and nucleotide sequences. *FEMS microbiology letters*, 174(2), 247-250.
 45. Klein, M., Friedrich, M., Roger, A. J., Hugenholtz, P., Fishbain, S., Abicht, H., ... & Wagner, M. (2001). Multiple lateral transfers of dissimilatory sulfite reductase genes between major lineages of sulfate-reducing prokaryotes. *Journal of Bacteriology*, 183(20), 6028-6035.
 46. Ben-Dov, E., Brenner, A., & Kushmaro, A. (2007). Quantification of sulfate-reducing bacteria in industrial wastewater, by real-time polymerase chain reaction (PCR) using *dsrA* and *apsA* genes. *Microbial ecology*, 54(3), 439-451.
 47. Devereux, R., Delaney, M., Widdel, F., & Stahl, D. A. (1989). Natural relationships among sulfate-reducing eubacteria. *Journal of Bacteriology*, 171(12), 6689-6695.
 48. Wagner, M., Roger, A. J., Flax, J. L., Brusseau, G. A., & Stahl, D. A. (1998). Phylogeny of dissimilatory sulfite reductases supports an early origin of sulfate respiration. *Journal of bacteriology*, 180(11), 2975-2982.
 49. Okonechnikov, K., Golosova, O., & Fursov, M. (2012). Unipro UGENE: a unified bioinformatics toolkit. *Bioinformatics*, 28(8), 1166-1167.
 50. Karkhoff-Schweizer, R. R., Huber, D. P., & Voordouw, G. (1995). Conservation of the genes for dissimilatory sulfite reductase from *Desulfovibrio vulgaris* and *Archaeoglobus fulgidus* allows their detection by PCR. *Applied and environmental microbiology*, 61(1), 290-296.