

Revista Ciencias del Mar UAS

Abril - Junio 2024

Núm. 3 Vol.1



U N I V E R S I D A D A U T Ó N O M A D E S I N A L O A



E-ISSN (en trámite)



Artículo Científico

Gen ATPasa (CIA) asociado a la biosorción de cobre (Cu) en el metabolismo de la cepa *Vibrio sinaloensis* DSM 21326

La cepa *Vibrio sinaloensis* DSM 21326 como biorremediadora de cobre

Genes associated with copper (Cu) biosorption in the metabolism of *Vibrio sinaloensis* strain DSM 21326

Vibrio sinaloensis strain DSM 21326 as a copper bioremediator



CREATIVE COMMONS



OPEN ACCESS

Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir igual (CC BY-NC-SA 4.0), que permite compartir y adaptar siempre que se cite adecuadamente la obra, no se utilice con fines comerciales y se comparta bajo las mismas condiciones que el origina



1. Oswaldo Sarabia-Oleta

Universidad Politécnica de Sinaloa,
Carretera Municipal Libre Mazatlán
Higuera Km. 3 Col. Genaro Estrada
C.P. 82199 Mazatlán, Sinaloa, México
Autor de correspondencia:

oswaldosarabiao@gmail.com



2. Adrián González-Castillo

Universidad Politécnica de Sinaloa,
Carretera Municipal Libre Mazatlán
Higuera Km. 3 Col. Genaro Estrada
C.P. 82199 Mazatlán, Sinaloa, México



Gen ATPasa (CIA) asociado a la biosorción de cobre (Cu) en el metabolismo de la cepa *Vibrio sinaloensis* DSM 21326

La cepa *Vibrio sinaloensis* DSM 21326 como biorremediadora de cobre

Genes associated with copper (Cu) biosorption in the metabolism of *Vibrio sinaloensis* strain DSM 21326

***Vibrio sinaloensis* strain DSM 21326 as a copper bioremediator**

▶ RESUMEN

La cepa *Vibrio sinaloensis* es un patógeno mesófilo que prolifera en ambientes marinos, salobres y dulce acuícolas. En los últimos años se ha estudiado la resistencia ante ambientes contaminados por metales pesados, siendo la biosorción la capacidad que tienen las bacterias para utilizar los metales como parte de su metabolismo, en este estudio se analizó el genoma de la cepa *Vibrio sinaloensis* DSM 21326 para identificar genes relacionados con la biosorción del cobre. Se encontró el gen ATPasa CopA (CIA) presentes en otros organismos como *E. coli* y *P. syringae* está relacionado con la regulación del cobre, se comparó con cepas filogenéticamente cercanas que poseen este gen, con base a los resultados encontrados se concluye que esta cepa puede ser empleada como biorremediador de ecosistemas contaminados con cobre.

Palabras clave: *Vibrio sinaloensis*, cobre, biosorción, genoma, *Vibrio*, CIA.



► ABSTRACT

Vibrio sinaloensis strain is a mesophilic pathogen that proliferates in marine, brackish and freshwater aquatic environments. In recent years, resistance to environments contaminated by heavy metals has been studied, biosorption being the ability of bacteria to use metals as part of their metabolism. In this study, the genome of *Vibrio sinaloensis* strain DSM 21326 was analyzed to identify genes related to copper biosorption. The ATPase CopA (CIA) gene present in other organisms such as *E. coli* and *P. syringae* was found to be related to copper regulation, and was compared with phylogenetically close strains that possess this gene. Based on the results found, it is concluded that this strain can be used as a bioremediator of ecosystems contaminated with copper.

Keywords: *Vibrio sinaloensis*, copper, biosorption, genoma, *Vibrio*, CIA.

► INTRODUCCIÓN

El cobre (Cu) es un metal de transición que se caracteriza por ser uno de los mejores conductores de la electricidad, lo cual se debe a su elevada conductividad eléctrica, ductilidad y maleabilidad, además de ser uno de los materiales más utilizados en la fabricación de cables eléctricos que se utilizan en todos los sitios donde hay electricidad. Sin embargo, el cobre actúa de manera directa en el metabolismo desde la proteína tirosina como un intermediario en la transferencia de electrones en la cadena respiratoria mitocondrial del citocromo C oxidasa (Feoktistova, et al. 2018).

Por otro lado, los microorganismos son una alternativa viable para la recuperación de metales de soluciones industriales, este fenómeno es conocido como biosorción y se refiere a las interacciones fisicoquímicas entre la biomasa microbiana y el metal pesado (Monge-Amaya, et al. 2008).

Los vibrios fueron uno de los primeros grupos bacterianos en ser reconocidos y descritos taxonómicamente en la naturaleza, abarcan distintos grupos de bacterias marinas heterótrofas, toleran un amplio

rango de salinidades, naturalmente habitan ambientes marinos y de agua dulce en formas de vida planctónica en la columna de agua (Leyton y Riquelme, 2008).

Diversos estudios han demostrado que los vibrios se encuentran en grandes cantidades en el ecosistema marino y han sido extensamente estudiados en los sistemas costeros por su importancia medioambiental (Thompson y Polz 2006).

En particular, *Vibrio sinaloensis* es un patógeno mesófilo, que prolifera en ambientes marinos, salobres y dulce acuícolas, es gram-negativo y puede llegar a generar enfermedades como la vibriosis. Esta enfermedad se caracteriza comúnmente por producir diarrea acuosa en seres humanos y también causa infecciones en heridas o los tejidos blandos, lo que las vuelve un foco de infección (Blanco, 2008).

En la actualidad, se han encontrado una resistencia a los metales pesados, como es el caso de la *E. coli* y *P. syringae*, donde el gen ATPasa tipo P translocadora de cobre o conocida como CIA, es el transportador esencial para el flujo citoplasmático de Cu en *E. coli* y que se cree que podría oxidar el Cu (I) tóxico en Cu (II) siendo menos tóxico en el periplasma (Hao, et al. 2020).

En el presente estudio se anotó e identificó el gen CIA relacionado con biosorción de cobre (Cu) en el genoma de la cepa *V. sinaloensis* DSM 21326, y se analizó la relación filogenética con *Methanococcus maripaludis* C5.

▶ METODOLOGÍA

Se descargó el genoma de la bacteria *V. sinaloensis* DSM 21326 del National Center for Biotechnology Information (NCBI) con un tamaño de 4.9 Mb. Posteriormente, se anotó en la plataforma de Rapid Annotations Subsystems Technology (RAST) (Aziz, et al. 2008), para detectar los subsistemas y localizar los genes relacionados con biosorción de metales pesados (Figura 1). Se descargaron y alinearon las secuencias de estos genes y se construyeron los árboles filogenéticos con MEGA (Tamura, et al. 2021), utilizando el método maximum likelihood.

▶ RESULTADOS

El genoma consta de 4584 genes, 4471 (Tabla 1) secuencias codificantes de proteínas.

Tabla 1. Conteo genómico de la cepa tipo *V. sinoaloensis* DSM 21326

Característica	Valor
Tamaño	4.9 Mb
Contenido de GC	46%
Número de contig	135
Contig N50	111.7 kb
Contig L50	15
Número de subsistemas	368
Número de ARNs	57
Número de Secuencias Codificantes	4471

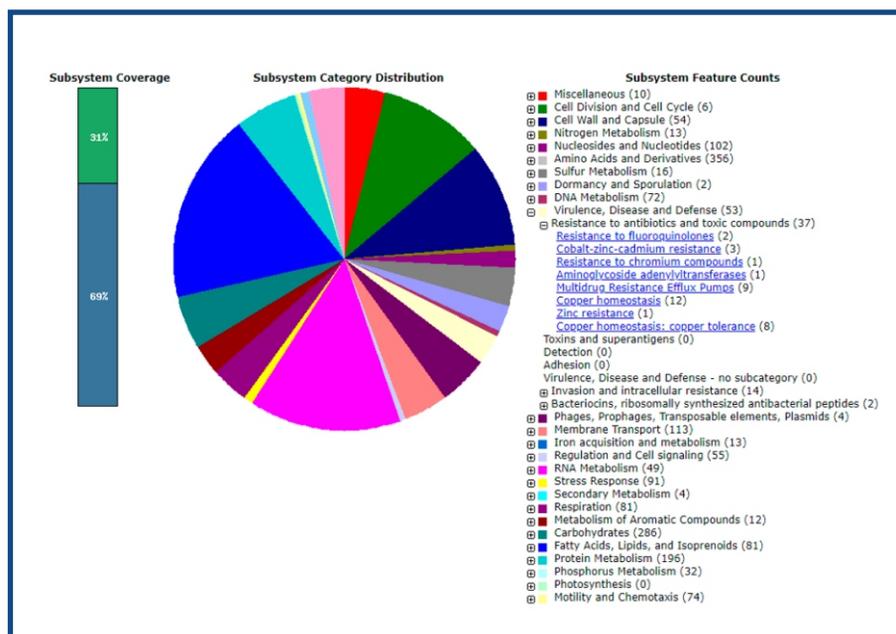


Figura 1. Genes relacionados a subsistemas y su distribución en diferentes categorías en el genoma de la cepa tipo *V. sinoaloensis* DSM 21326. Las categorías se pueden ampliar para visualizar los genes.



Por otro lado, los procariotas utilizados para el análisis filogenético permiten determinar las distancias evolutivas del gen, debido a que presentan el mismo gen CIA que les proporciona la capacidad de biosorción de cobre.

► DISCUSIÓN

Hao et al., (2020) reportan el desarrollo de estrategias de resistencia a los metales y los factores potenciales que impulsan la diversidad y distribución de los determinantes de la resistencia a los metales en entornos naturales y la diversidad presente en especies como *E. coli*, ayuda a destacar la amplia distribución de los metales pesados y sus correspondientes determinantes de resistencia, dejando en claro que, en áreas contaminadas con metales pesados, favorecen la supervivencia de los organismos con genes como la ATPasa CopA (CIA).

En 2009 se realizó un estudio donde se encontró que el gen ATPasa CopA (CIA) se encuentra presente en el género *Vibrio*. Este gen es el responsable de la homeostasis del cobre en el citoplasma, sin embargo, no se encontraron homólogos de la oxidasa multicobre CueO ni del sistema de transporte multicomponentes CusCFBA, encargados de la homeostasis del cobre en el periplasma, sugiriendo que necesita de otros mecanismos para controlar la concentración del cobre como en el caso de *Vibrio cholerae* (Marrero, et al. 2009).

Por otro lado, en 2013 se reportaron valores vinculados a las Concentraciones Mínimas Inhibidoras (MICs) obtenidas de otros estudios con la finalidad de tener un control de la misma. En los casos de silenciamiento genético de CopA, se observa la importancia de insertar un transportador putativo que transporte cobre desde el periplasma hacia el citoplasma y mediante modelos poder estudiar los comportamientos de la homeostasis de cobre en bacterias (Aracena, 2013).

Estudios recientes, reportan a *Vibrio natriegens* como una alternativa de biorremediación no perjudicial para el medio ambiente y económicamente viable debido a su capacidad de biosorción de tierras raras (Rare earth element), en donde mediante mutagénesis aleatoria del *Vibrio* inducida por el plásmido MP6, obtuvieron 210% más biosorción



comparada con una cepa ambiental y una selectividad mejorada de un 50% para tierras raras más ligeras (lantano) y más pesados (lutecio). Estos resultados resaltan la capacidad de biosorción en *Vibrio natriegens*, generando una posible área de interés con *V. sinaloensis* (Medin, et al. 2023).

► CONCLUSIONES

Se detectó el gen CIA en el genoma de la cepa de la bacteria *V. sinaloensis* DSM 21326 el cual le proporciona la capacidad de biosorción de Cu, lo que permitiría emplear esta cepa como biorremediadora en ecosistemas acuáticos. Se encontró que este gen está presente en procariotas como *C. japonicus* Ueda107, *P. calidifontis* JCM 11548, *M. maripaludis* C5, *H. butylicus* DSM 5456 y *S. marinus* F1.

Finalmente, la biosorción bacteriana de metales pesados destaca como un campo de investigación en constante evolución, con un potencial significativo para abordar los crecientes problemas de contaminación ambiental.

Además, estudios previos han demostrado esta capacidad en el género *Vibrio* con la diferencia que *Vibrio cholerae* se compone de otros mecanismos aparte de este gen para poder controlar la concentración de cobre.

► BIBLIOGRAFÍA

Aracena-Pérez WS. (2013). Modelamiento matemático de la homeostasis de cobre en bacterias. 26/6/2022, de Universidad de Chile Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas Departamento de Ingeniería Civil Química y Biotecnología sitio web: https://repositorio.uchile.cl/bitstream/handle/2250/115462/cf-aracena_wp.pdf?sequence=1&isallowed=y



- Aziz RK, Bartels D, Best AA, Matthew D, Disz T, Edwards RA, Formsma K, Gerdes S, Glass E, Kubal M, Meyer F, Olsen GJ, Olson R, Osterman AL, Overbeek RA, McNeil LK, Paarmann D, Paczian T, Parrello B, Pusch GD, Reich C, Stevens R, Vassieva O, Vonstein V, Wilke A, Zagnitko O.** (2008). The RAST Server: Rapid Annotations using Subsystems Technology. 26/6/2022, de BMC Genomics Sitio web: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2265698/>
- Blanco-Lares CA.** (2008). *Vibrios* de mayor relevancia en los productos de la pesca. 25/6/2022, de URFV Sitio web: <https://www.colibri.udelar.edu.uy/jspui/bitstream/20.500.12008/19376/1/FV-28185.pdf>
- Feoktistova-Victorava L, Clark-Feoktistova Y.** (2018). El metabolismo del cobre. Sus consecuencias para la salud humana. 25/5/2022, de Redalyc Sitio web: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=180061635013>
- Hao Xiuli, Zhu Jiaojiao, Rensing Christopher, Liu Ying, Gao Shenghan, Chen Wenli, Huang Qiaoyun, Liu Yu-Rong.** (2020). Recent advances in exploring the heavy metal(loid) resistant microbiome. NCBI. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7771044/>
- Leyton Y, Riquelme C.** (2008). *Vibrios* en los sistemas marinos costeros. 26/6/2022, de Scielo Sitio web: https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0718-19572008000300004
- Marrero K, Fando R.** (2009). Sistemas de homeostasis del cobre en las bacterias Gram negativas *Escherichia coli* y *Vibrio cholerae*. 27/6/2022, de Redalyc. Sitio web: <https://www.redalyc.org/pdf/1812/181221662007.pdf>
- Medin S, Dressel A, Specht DA, Sheppard TJ, Holycross ME, Reid MC, Gazel E, Wu M, Barstow B.** (2023). Multiple Rounds of *In Vivo* Random Mutagenesis and Selection in *Vibrio natriegens* Result in Substantial Increases in REE Binding Capacity. 20/02/2024, de NCBI Sitio web: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC10729037/>



Monge-Amaya O, Valenzuela-García JL., Acedo-Félix E, Certucha-Barragán MT, Almendáriz-Tapia FJ. (2008). Biosorción de cobre en sistema por lote y continuo con bacterias aerobias inmovilizadas en zeolita natural (clinoptilolita). 25/5/2022, de Scielo Sitio web: http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0188-49992008000300002

Tamura K, Stecher G, Kumur S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11. 27/6/2022, de Molecular Biology and Evolution Sitio web: <https://academic.oup.com/mbe/article/38/7/3022/6248099?login=false>

Thompson JR, Polz MF. (2006). Dynamics of Vibrio populations and their role in environmental nutrient cycling. 26/6/2022, de The biology of vibrios Sitio web: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1128/9781555815714.ch13>