

Informe de actividades del periodo sabático
2 agosto 2021 al 1 junio 2022
Mariana Peimbert

El objetivo del sabático se cumplió: se fortalecieron mis actividades de investigación.

Publicaciones

Durante la estancia sabática se publicó un artículo sobre el microbioma del metro en la revista Molecular Ecology (IF 6.62)

Peimbert M, Alcaraz LD. Where environmental microbiome meets its host: Subway and passenger microbiome relationships. Mol Ecol. 2022 doi: 10.1111/mec.16440

Además fue aceptado y está en proceso de publicación el capítulo de libro "Variación" en "Conceptos de la biología evolutiva para las ciencias sociales y las humanidades" coordinado por J. Galindo y M. Martínez ed. DCSH-UAMC.

Trabajo en curso

Se escribieron dos manuscritos que pronto serán sometidos para su publicación. El primero forma parte de la investigación de doctorado de Apolinar M. Hernández.

Identification of possible biocontrol agents en el microbiome of wildlife *Aedes aegypti*.

Apolinar M. Hernández^{1,2}, Cristóbal Hernández-Álvarez³, Miguel F. Romero³, Luis D. Alcaraz³, Mariana Peimbert¹.

The mosquito microbiome is an essential source of microorganisms with insecticidal potential. Controlling mosquito populations is relevant because they are disease vectors expanding their geographical distribution worldwide. Therefore, we studied Mexico's microbiome of wildlife *Aedes aegypti* in the egg, larva, and adult stages from 5 semi-urban sites. We analyzed the microbial communities by shotgun sequencing and 16S amplicon sequencing. We found that the main shaping factor of the microbiome is the developmental stage. Bacteria associated with insecticidal capacity were observed. *Wolbachia* was among the most abundant microorganisms (6.1 %). We also detected a great diversity of *Wolbachia* (203 OTUs), belonging to the supergroups A and B. Most of them related to strains typical of mosquitoes (like wAlb). Interestingly, the *Wolbachia* were more abundant and diverse in the adult stages. We also identified *cifA* and *cifB* genes, suggesting their ability to generate cytoplasmic incompatibility and its possible recovery. We found 221 *Bacillus*, some of which belong to the cluster of *B. anthracis*, *B. cereus*, and *B. thuringiensis*. We recognized a variety of toxins genes already reported with insecticidal activity such as *cry*, *mcf*, *vip*, and *vpp*. From these results, it is possible to propose possible applications and complications of different microorganisms as biocontrol use in *Aedes aegypti* mosquitoes in Mexico.

Plant-trap biofertilizer microbiome that maximizes fungal and bacterial diversity.

Cristóbal Hernández-Álvarez^{1,2}, Pedro Rodríguez-Martin¹, Mariana Peimbert³, Dora Trejo-Aguilar⁴, and Luis D. Alcaraz¹

Biofertilizers are products that supply living microorganisms to plants to maintain their health and promote their growth. This biofertilizer was made by adding mycorrhizal fungi to a sandy substrate to grow three plant species and obtain a mixture of inoculated substrate and plant roots. We use ITS and 16S rRNA gene sequence analyses to characterize fungal and bacterial communities of an existing biofertilizer. The alpha diversity metrics showed that fungi were more diverse in the inoculated substrate, while bacteria were more diverse in the roots. Higher fungal diversity suggests selecting fungi that can interact with plant roots. At the same time, bacteria could be favored by the nutrient-rich environment created by the root-released metabolites. The resulting communities harbor several microorganisms that may improve plant health by enhancing their nutrient uptake, phytohormone production, stress tolerance, and resistance to pathogens. Hence, we suggest using plant roots as analogous systems to bioreactors to sustain dynamic environments for the proliferation of microorganisms with biofertilizer potential. However, it is important to consider other factors such as reducing fungal diversity in the root fraction that was resolved by keeping the fungal inoculated substrate, allowing to maximize microbial diversity.

Colaboraciones

Se establecieron tres posibles colaboraciones que no han terminado de concretarse por la falta de certezas derivadas de la pandemia.

Se realizó una estancia corta de investigación en el laboratorio de Laboratoire Écologie, Systématique et Evolution en la Université Paris-Saclay, Francia. Se estableció una posible colaboración para estudiar las comunidades ambientales de levaduras en el microbioma ambiental de mosquito con el Dr. Ricardo Rodríguez de la Vega.

Se iniciaron conversaciones y se estableció una posible colaboración con la Dra. María Gloria Dominguéz y con el Dr. Jincheng Wang de Rutgers University, NY. Se solicitó financiamiento para el proyecto "Human gut microbiome in Amerindians living in subsistence economies with different exposure to medicine" en la convocatoria "Rutgers Global International Collaborative Research Grants". Por desgracia, dicho financiamiento no fue otorgado.

Se iniciaron conversaciones y se estableció una posible colaboración con el Dr. Jan Baedke Bochum de Ruhr Universität, Bochum y Dra. Abigail Nieves Delgado de Utrecht University sobre el proyecto "Rethinking the one health paradigm". Dicho proyecto iba a ser sometido a la convocatoria de financiamiento "Volkswagen Stiftung". Sin embargo, debido a la incertidumbre de tener el laboratorio cerrado y los tiempos de entrega de la convocatoria decidimos no someter dicho proyecto.

Otras actividades

Se aprobó el curso “Statistics and R” ofertado en línea por Harvard University a través de HarvardX.

Se impartió la conferencia “La influencia del ambiente sobre la Microbiota humana” en el Instituto Nacional de Salud Pública.

Se participó en la mesa de diálogo “Saberes, Comunidad y Ciencia” en el Foro “Ciudadanías (des) Obedientes: Sinergias entre las Artes, Ciencias y Humanidades” 24-26 de agosto 2021. Este foro fue una actividad de la Red de Investigación Artes, Ciencias, Humanidades y Ciudadanías (UAM), de la cual formo parte.

<https://investigacion.uam.mx/index.php/redes/15-redes-de-investigacion/36-red-achc>