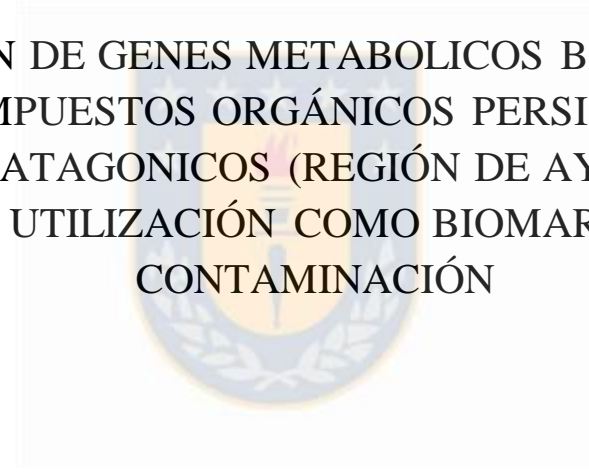




Universidad de Concepción
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas



DETECCIÓN DE GENES METABOLICOS BACTERIANOS
PARA COMPUESTOS ORGÁNICOS PERSISTENTES EN
LAGOS PATAGONICOS (REGIÓN DE AYSÉN) Y SU
POTENCIAL UTILIZACIÓN COMO BIOMARCADORES DE
CONTAMINACIÓN



Seminario de Título presentado a la
Facultad de Ciencias Naturales y Oceanográficas

Para optar al título de Biólogo

Isaac Gonzalo Ugarte Ferrer

Concepción, Enero 2012

RESUMEN

Los compuestos orgánicos persistentes (COPs), y los compuestos organoclorados, son un problema ambiental global. Estos compuestos, debido a su uso masivo, emisión continua, toxicidad, bioacumulación potencial, persistencia y movilidad en el medio ambiente, dan como resultado una causal importante de efectos nocivos al ambiente, como a la salud humana. Las características de su movilidad han sido detectadas en todo el mundo, incluso en zonas remotas, tales como el Ártico y la Antártica. En general, los niveles de COPs son más bajos en el hemisferio sur que en el hemisferio norte, pero el comportamiento y el destino de estos compuestos clorados en Chile no están bien definidos, en razón de la caracterización de fuentes inadecuadas, como a la falta de seguimiento de estos.

Con el objetivo de detectar la presencia de genes metabólicos que puedan tener el potencial uso de biomarcadores de contaminantes persistentes en la presente Tesis, a través de la detección de genes marcadores, que son una herramienta necesaria en diversos campos de la biología, como la evolución, ecología, biomedicina, ciencias forenses y estudios de diversidad para localizar y/o aislar genes de interés. Se analizaron muestras de sedimento y aire a través de técnica de PCR al gen ADNr 16S, como a su región V3, con partidores universales del dominio bacteria, como de partidores específicos de contaminantes. Asimismo se compararon muestras de sedimento, como de aire, por medio de un DGGE, donde no se pudo obtener un patrón de genes que indicara que existe una posible relación entre los genes de las muestras de sedimento y aire, a través de análisis por MDS y cluster. Pero si se detectaron genes metabólicos para PCB con partidores específicos.