Metabarcoding de la región V3–V4 del gen 16S rRNA para el análisis de ADN bacteriano antiguo en cálculo dental de restos humanos de una poblacion costeña del Horizonte Medio (800-1100 d.c.) del Valle de Asia, Lima.

Panel/Poster

Ecología microbiana y microbioma

Daniel Guillermo Suarez Ponce [1], Rommel Ángeles Falcon [2], Mario David Cueva Távara [3], **Roger Alberto Palomino Huarcaya [4],** Sandro Bryan Martel-Torres [4], Luisa Esther Díaz Arriola [5].

(1) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, ESMESAP, Facultad de Odontología,, Calle Amezaga 375. Cercado De Lima, Lima, Perú..
(2) Ministerio de Cultura, Museo de Sitio Pachacamac, Antigua Carretera Panamericana Sur Km. 31.5, Distrito de Lurín, Lima, Perú..
(3) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Biológicas, Calle Amezaga 375. Cercado De Lima,, Lima, Perú..
(4) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Laboratorio de Microbiología y Biotecnología Microbiana, Facultad de Ciencias Biológicas,, Calle Amezaga 375. Cercado De Lima, Lima, Perú..
(5) Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Escuela de Arqueología, Facultad de Ciencias Sociales, Calle Amezaga 375. Cercado De Lima, Perú, Perú..

rpalominoh@unmsm.edu.pe

Background: El estudio del ADN bacteriano antiguo (ADNa) en cálculo dental permite reconstruir condiciones de vida y relaciones bioculturales en poblaciones pretéritas. Este trabajo caracterizó la composición taxonómica y diversidad del ADNa en restos humanos de una población costeña del valle de Asia (sur de Lima), correspondiente a fines del Horizonte Medio (800–1100 d.C.).

Methods: Se extrajo ADN de cálculo dental de dos individuos funerarios (muestras T7 y T9) mediante el kit QIAamp® DNA Microbiome. Se amplificó la región V3–V4 del gen 16S rRNA y las librerías creadas con Nextera XT se secuenciaron en Illumina MiSeq. El procesamiento bioinformático se realizó con DADA2 y la base SILVA (v. 128),

analizando los datos en R con Phyloseq.

Results: Se recuperó ADNa en ambas muestras, revelando marcada variabilidad interindividual. A nivel de phylum, Actinobacteriota (54,6% en T7; 59,3% en T9) y Firmicutes (23,8% en T7; 40,7% en T9) fueron dominantes; Proteobacteria alcanzó 17,2% en T7 frente a 0,02% en T9, identificándose nueve phyla totales en T7 frente a tres en T9. A nivel de familia, predominaron Pseudonocardiaceae (47,6% en T7; 59,2% en T9) y Bacillaceae (15,6% en T7; 39,5% en T9), con mayor riqueza en T7 al incluir Enterobacteriaceae (3,3%), Rhodobacteraceae (3,3%) y Moraxellaceae (3,0%). A nivel de género, *Saccharopolyspora* representó 39,1% en T7 y 51,0% en T9, mientras que *Cerasibacillus* constituyó 2,9% en T7 y 26,3% en T9, destacando en T7 géneros como *Virgibacillus* (4,2%), *Escherichia/Shigella* (3,3%) y *Acinetobacter* (3,0%). La diversidad alfa confirmó mayor riqueza en T7 (Shannon = 2,69; Simpson = 0,81; Chao1 = 112) que en T9 (Shannon = 1,18; Simpson = 0,63; Chao1 = 18).

Conclusion: El cálculo dental demostró ser una matriz eficaz para preservar ADNa en esta población prehispánica. Los perfiles metagenómicos evidenciaron variabilidad interindividual en el microbioma oral e integración de señales microbianas exógenas y ambientales en la costa central del Perú.

Palabras Clave

(1) ADN microbiano antiguo, (2) biomarcador cultural, (3) 16S rRNA, (4) cálculo dental, (5) Paleodietetica.

Financiamiento:

Autofinanciado