

***Carrera de Especialización en Esterilización  
Seguridad Operativa***



# Explorando la Diversidad Bacteriana en el Medioambiente Hospitalario con GS-FLX Titanium Pyrosequencing

Margarita Poza , Carmen Gayoso , Manuel J. Gómez , Soraya Rumbo-Feal, María Tomás, Jesús Aranda, Ana Fernández, Germán Bou

Published: August 29, 2012

**FARM. MARÍA EUGENIA HERGENREDER**

**Sustrato**  
Aislamiento/muestra clínica



Extracción de ADN

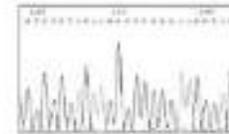


Mezcla de los componentes  
de la reacción de amplificación

Amplificación del ADNr 16S  
(completo o parcial)

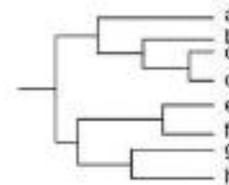


Secuenciación del amplicón



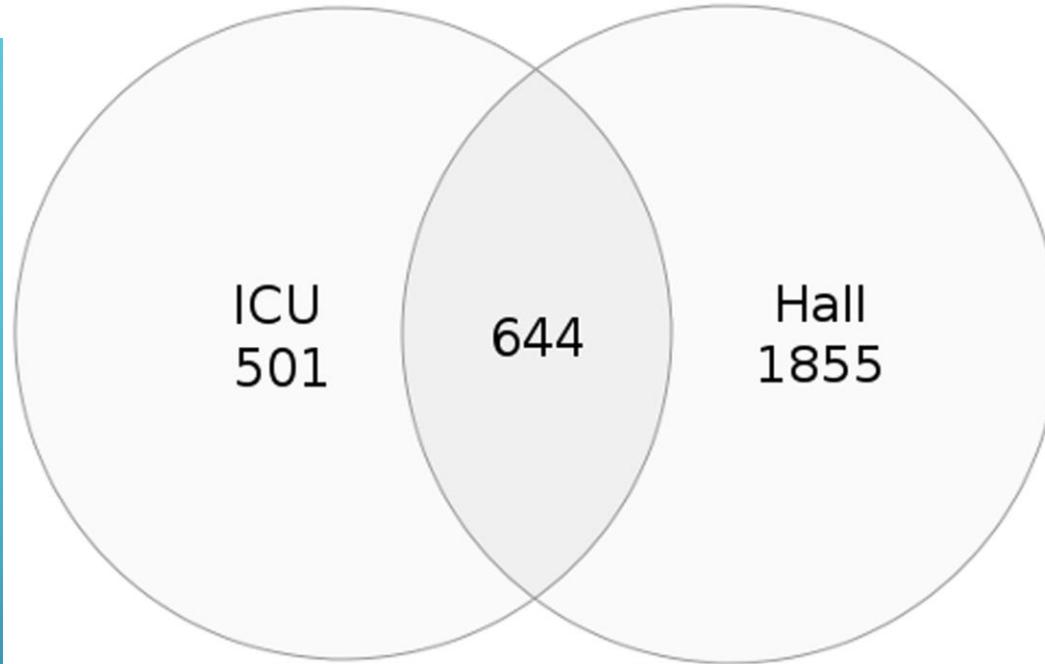
**Análisis de la secuencia**

- Corrección de errores
- Comparación con otras secuencias
- Trazado del árbol filogenético



Sample	Original number of reads	Number of reads after pre-processing	Number of reads after sub-sampling	Number of reads classified by Mothur
ICU	501707	95104 (18%)	95104 (18%)	95103 (18%)
Hall	346427	99952 (28%)	95104 (27%)	95071 (27%)

doi:10.1371/journal.pone.0044105.t001

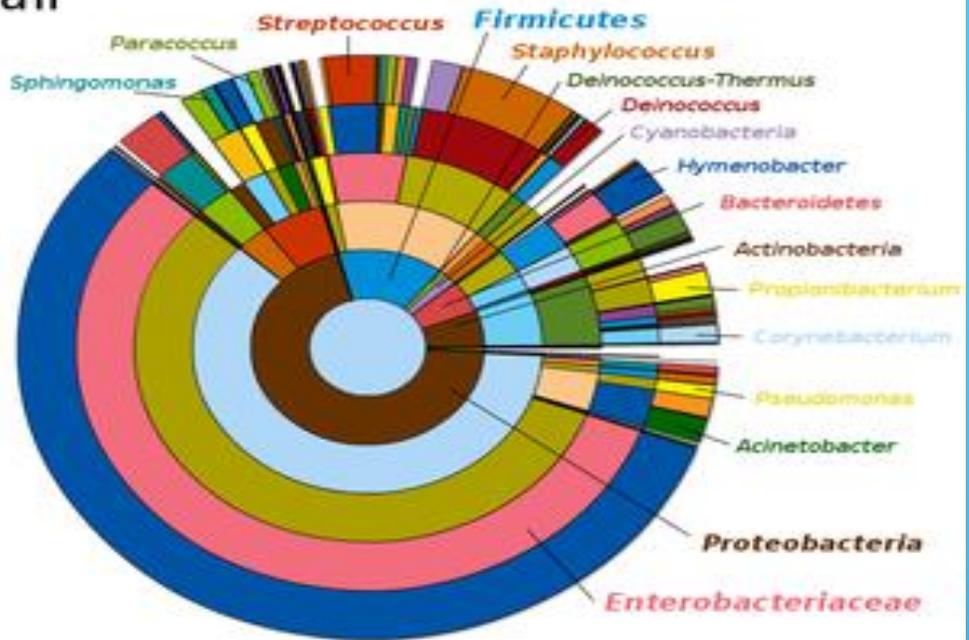


Sample	Reads	Clustering distance								
		0.03			0.05			0.1		
		OTU	ACE	Chao1	OTU	ACE	Chao1	OTU	ACE	Chao1
ICU	95104	1145	2798	2117	744	1729	1343	314	750	516
Hall	95104	2499	5043	4279	1636	3206	2696	651	1203	1017

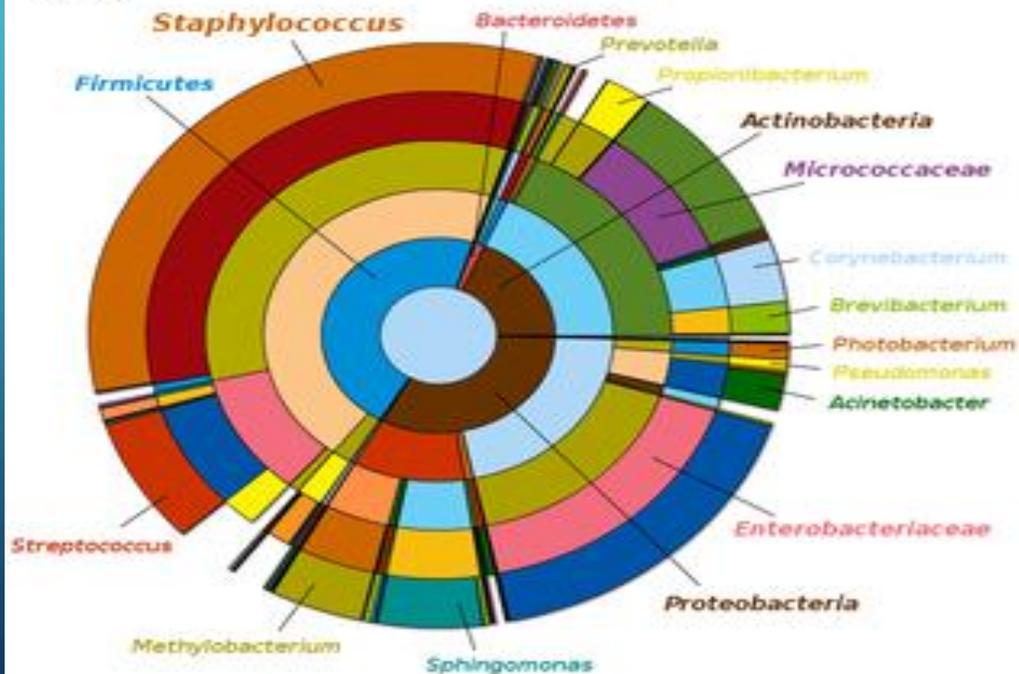
Observed richness is presented, for each location, as the number of OTUs defined at clustering distances of 0.03, 0.05 and 0.1. Predicted richness is presented as the values of the Ace and Chao1 diversity estimators, at the same clustering distances.

doi:10.1371/journal.pone.0044105.t002

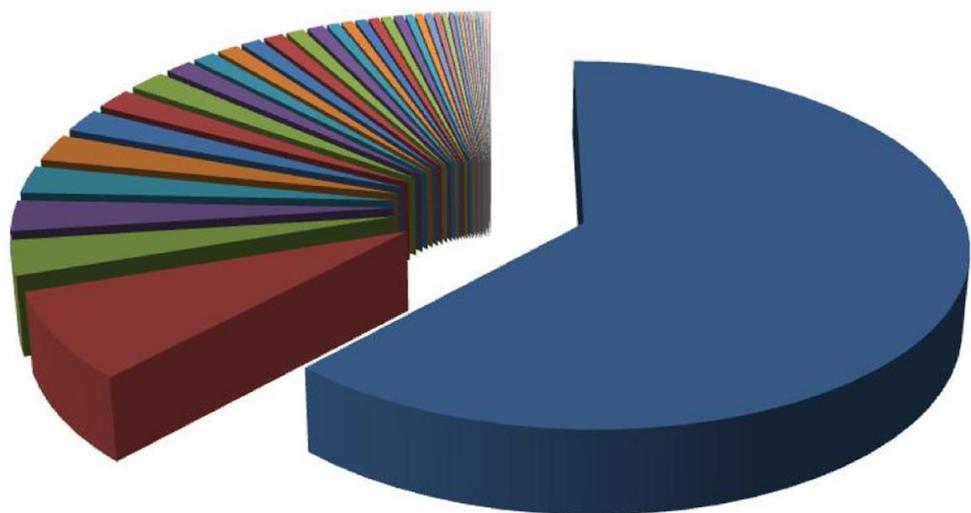
# Hall



# ICU

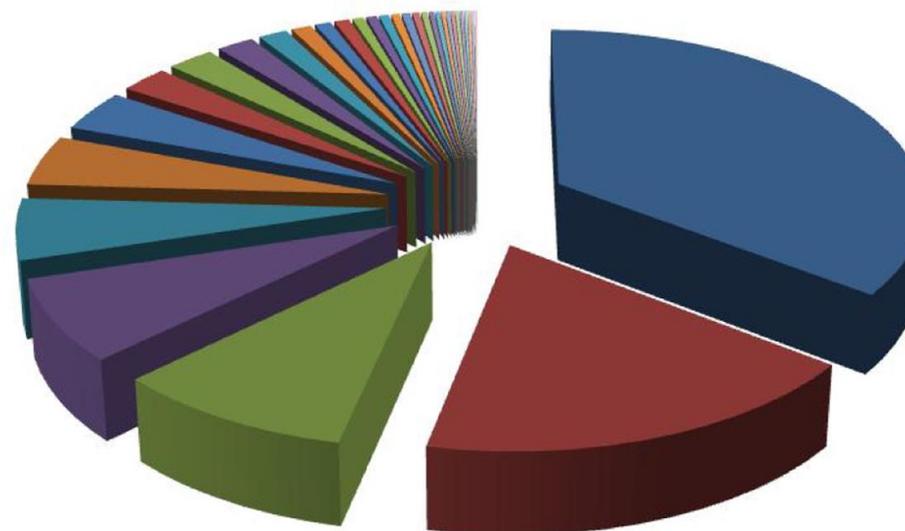


# Hall



- Enterobacteriaceae 56.17%
- Staphylococcaceae 7.06%
- Streptococcaceae 2.81%
- Moraxellaceae 2.49%
- Flavobacteriaceae 2.24%
- Oxalobacteraceae 2.21%
- Cytophagaceae 1.89%
- Propionibacteriaceae 1.70%
- Sphingomonadaceae 1.57%
- Rhodobacteraceae 1.20%
- Corynebacteriaceae 1.00%
- Deinococcaceae 0.95%
- Acetobacteraceae 0.88%
- Lactobacillaceae 0.86%
- Micrococcaceae 0.79%
- Pseudomonadaceae 0.74%
- Vibrionaceae 0.53%
- Microbacteriaceae 0.51%
- Xanthomonadaceae 0.48%
- Bacillaceae 0.45%
- Enterococcaceae 0.44%
- Carnobacteriaceae 0.43%
- Leuconostocaceae 0.34%
- Clostridiaceae 0.33%
- Caulobacteraceae 0.33%
- Chitinophagaceae 0.28%
- Sphingobacteriaceae 0.25%
- Comamonadaceae 0.21%
- Pasteurellaceae 0.16%
- Methylobacteriaceae 0.15%
- Dermabacteraceae 0.15%
- Neisseriaceae 0.15%
- Veillonellaceae 0.14%
- Prevotellaceae 0.13%
- Paenibacillaceae 0.13%
- Oceanospirillaceae 0.11%
- Aeromonadaceae 0.10%
- Ruminococcaceae 0.10%

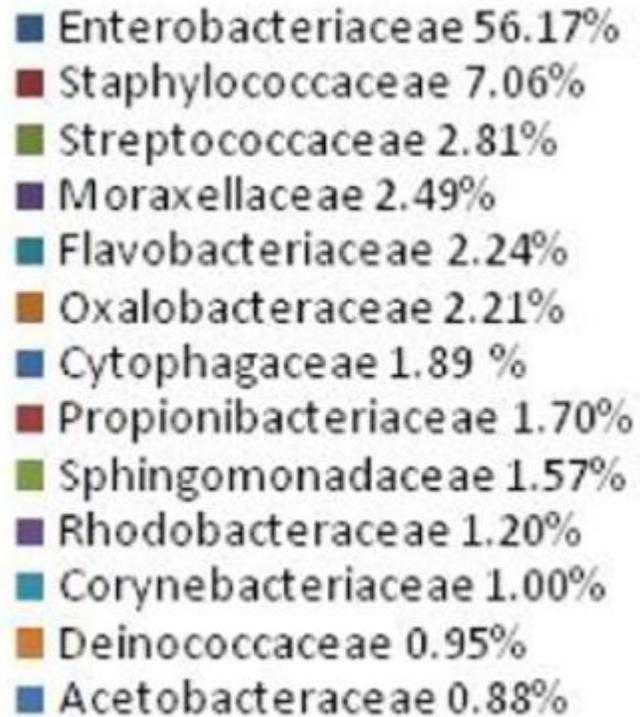
# ICU



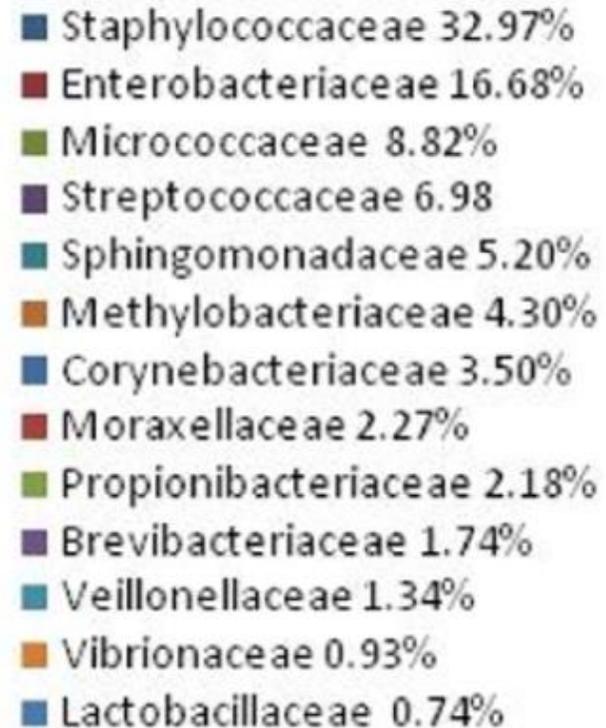
- Staphylococcaceae 32.97%
- Enterobacteriaceae 16.68%
- Micrococcaceae 8.82%
- Streptococcaceae 6.98%
- Sphingomonadaceae 5.20%
- Methylobacteriaceae 4.30%
- Corynebacteriaceae 3.50%
- Moraxellaceae 2.27%
- Propionibacteriaceae 2.18%
- Brevibacteriaceae 1.74%
- Veillonellaceae 1.34%
- Vibrionaceae 0.93%
- Lactobacillaceae 0.74%
- Pasteurellaceae 0.70%
- Pseudomonadaceae 0.53%
- Flavobacteriaceae 0.48%
- Rhodobacteraceae 0.45%
- Prevotellaceae 0.40%
- Neisseriaceae 0.40%
- Dermabacteraceae 0.34%
- Coriobacteriaceae 0.29%
- Enterococcaceae 0.23%
- Bifidobacteriaceae 0.23%
- Oceanospirillaceae 0.18%
- Leuconostocaceae 0.18%
- Microbacteriaceae 0.17%
- Cytophagaceae 0.17%
- Fusobacteriaceae 0.15%
- Leptotrichiaceae 0.15%
- Acetobacteraceae 0.14%
- Actinomycetaceae 0.13%
- Oxalobacteraceae 0.11%

Figure 4. Schematic representation of the relative abundance of families described in Hall and ICU samples.

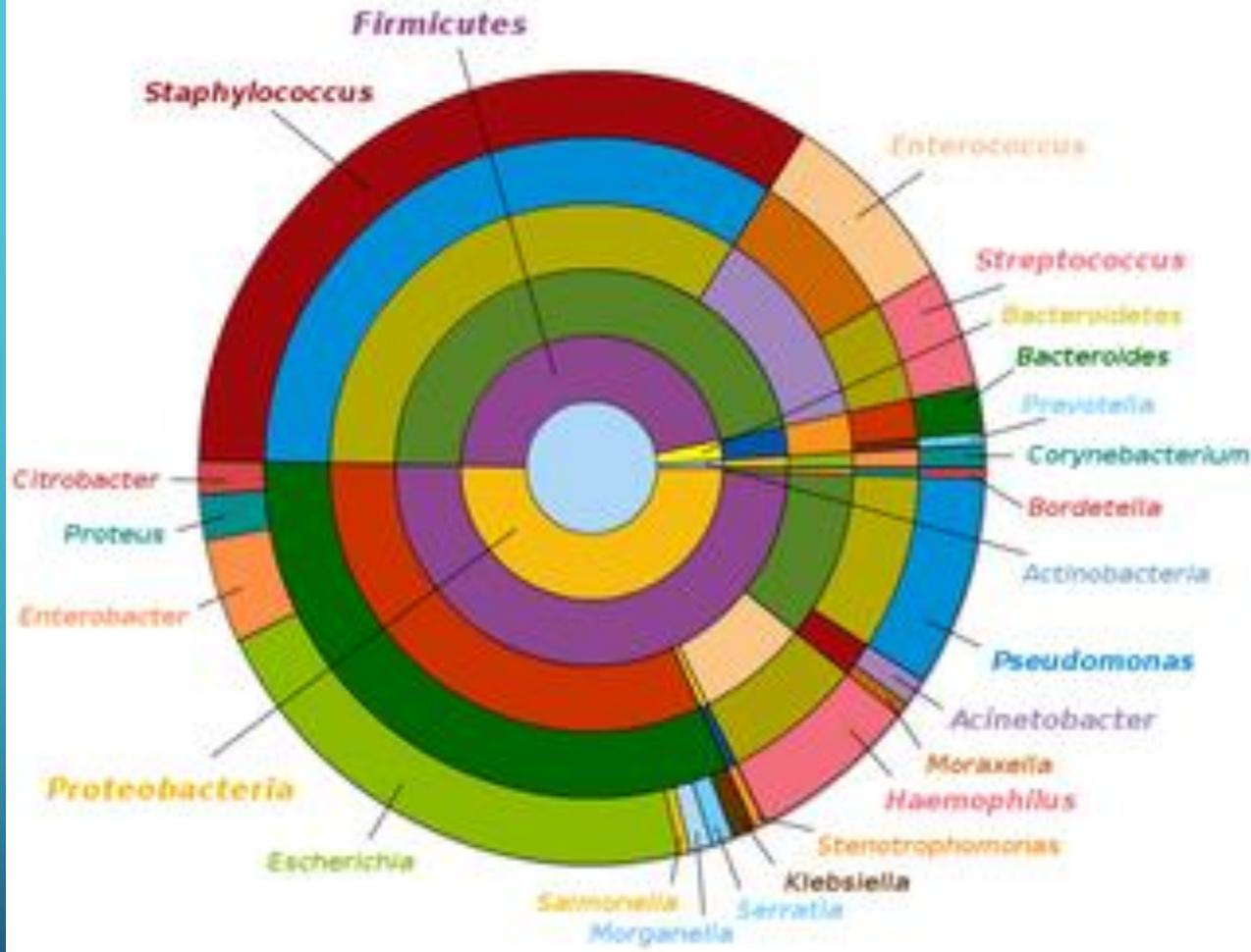
# Hall



# ICU



# Patients



- ✓ La mayoría de los microorganismos que se encuentran en la UCI pertenecían a la phyla Actinobacteria, Firmicutes, Proteobacteria y Bacteroidetes. Estos datos concuerdan con los resultados previos obtenidos para las comunidades microbianas que se encuentran en el cuerpo humano, lo que podría explicarse en términos de interacciones entre la microflora normal que viven en los seres humanos y el medio ambiente de la sala de UCI.
- ✓ Diferencias importantes fueron tratadas en el nivel del orden, familia y género entre la UCI y las muestras del Hall, tanto en términos de abundancia y diversidad
- ✓ Las bacterias encontradas en la UCI son capaces de adaptarse a bajas condiciones nutricionales y desarrollar mecanismos de resistencia; para sobrevivir en presencia de compuestos tóxicos o para persistir en superficies secas por un largo tiempo. ( presión selectiva por la antisepsia y por el uso de ATB)
- ✓ De este estudio se podría inferir que el ambiente de la UCI podría generar la selección de especies capaces de vivir en condiciones desfavorables.