

IMPACTO DE DIFERENTES MÉTODOS BIOINFORMÁTICOS SOBRE EL ESTUDIO DEL MICOBIOOMA DE SUELOS FORESTALES

Stephanie E. Hereira-Pacheco^a, Itzel Arias del Razo^a, Alejandra Miranda-Carrasco^b, Arturo Estrada Torres^a, Yendi E. Navarro-Noya^c.

^aEstación Científica La Malinche, Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta, Universidad Autónoma de Tlaxcala, 90062, Tlaxcala, México. ^bDivisión de Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, Lerma de Villada, 52005. ^cLaboratorio de Interacciones Bióticas, Centro de Investigación en Ciencias Biológicas, Universidad Autónoma de Tlaxcala, San Felipe Ixtacuixtla, 90120, Tlaxcala, México
Correo electrónico: shereirap@gmail.com

Palabras clave: diversidad microbiana, flujos de trabajo, gremios funcionales, hongos micorrícicos, metagenoma

Introducción. Los hongos del suelo ofrecen una amplia variedad de servicios ecosistémicos en los bosques (1). Tradicionalmente, el estudio de los hongos se ha basado en el muestreo de cuerpos fructíferos (2). Sin embargo, en los últimos años se ha extendido el uso de enfoques basados en la secuenciación del DNA metagenómico ambiental (eDNA), muy extendido en bacterias y menos utilizado en otros grupos de microorganismos, como los hongos (3). Como resultado, existen pocos flujos de trabajo reportados en comunidades fúngicas. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue comparar los diversos enfoques utilizados en comunidades fúngicas metagenómicas, evaluando las diferencias en composición taxonómica y funcional debido a los diferentes métodos y bases de datos utilizados.

Metodología. Los suelos forestales se colectaron en el transecto que comprende dos parques nacionales, parque nacional la Malinche (PNLM) y parque nacional Iztacihuatl-Popocatepetl (PNIP). Se muestrearon en total 12 sitios en 6 polígonos a lo largo del transecto durante la temporada seca de 2021. Se extrajo el DNA metagenómico usando el kit DNeasy PowerSoil Pro (QIAGEN, Germany). El DNA se secuenció en la plataforma Illumina Novaseq 6000 en corridas PE 150. Las secuencias crudas se filtraron con BMAP v38.18 y TRIMMOMATIC v0.33, y después se aplicaron diferentes flujos de trabajo para la asignación taxonómica: 1) Kraken2, 2 y 3) MiCop (pareada y no pareada) y 4) Genius+QIIME2. La asignación funcional se realizó con el programa FUNGuild v.1.0. Todos los análisis estadísticos y figuras se realizaron en R v.4.2.3.

Resultados. La asignación taxonómica varió de acuerdo con el método aplicado. QIIME2 favoreció grupos simbióticos como *Rusula*, *Inocybe* y *Sebacina*. Mientras que MiCop tuvo más asignación de grupos patógenos y saprófitos como *Penicillium*,

Diplodia y *Serpula*, mientras kraken2 grupos principalmente patógenos como *Fusarium* y *Aspergillus*.

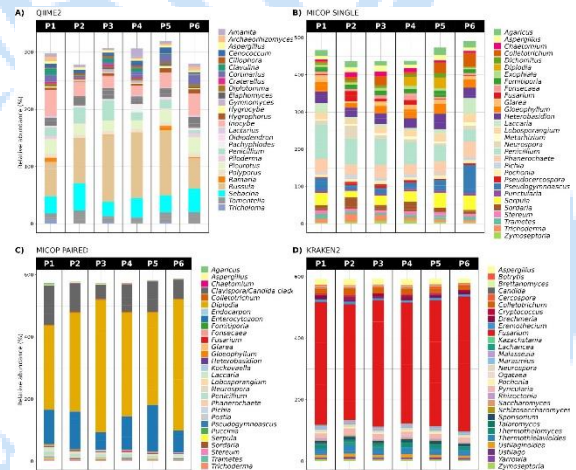


Fig. 1. Barplots de la composición taxonómica con los diferentes flujos de trabajo aplicados.

Conclusiones. Diversos flujos de trabajo pueden resultar en diferencias importantes en la asignación taxonómica y funcional que puede llevar a conclusiones contrastantes.

Agradecimiento. A CONACyT por la beca posdoctoral 2272957 y al CIBNOR y Microbioma Lab por sus recursos informáticos.

Bibliografía.

- Bhantana, P., Rana, M.S., Sun, X., Moussa, M.G., Saleem, M.H., Syaifudin, M., Shah, A., Poudel, A., Pun, A.B., Bhat, M.A., Mandal, D.L., Shah, S., Zhihao, D., Tan, Q., Hu, C.-X. (2021). *Symbiosis* 84, 19–37.
- Peay, K.G. and Bruns, T.D. (2014). *New Phytol.* 204: 180-191.
- Tedersoo, L., Bahram, M., Zinger, L., Nilsson, R.H., Kennedy, P.G., Yang, T., Anslan, S., Mikryukov, V. (2022). *Mol. Ecol.* 31, 2769–2795.