

ANÁLISIS DE LA COMUNIDAD VIRAL A PARTIR DE DATOS METAGENÓMICOS PROVENIENTES DE UN REACTOR

Laura Guerrero, Luc Dendooven, Frédéric Thalasso, Yendi Navarro Noya, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional, Departamento de Biotecnología y Bioingeniería, CDMX, 07360, laura.guerrero@cinvestav.mx

Palabras clave: MAGs, metagenómica, virus

Introducción. El estudio de la diversidad microbiana ha evolucionado rápidamente en los últimos años, los primeros estudios recurrían al uso de métodos dependientes de cultivo, donde únicamente se lograban estudiar aquellos microorganismos que se podrían aislar en el laboratorio, los virus no son la excepción(1). Estudios recientes han sugerido que los virus de amplio rango de huéspedes pueden ser más comunes en la naturaleza de lo que se pensaba y fueron pasados por alto debido a los sesgos de cultivo (2). Durante los últimos años la cantidad de herramientas que existían para el análisis de bacterias resultaba abrumadora en comparación con las herramientas destinadas al análisis de comunidades virales, pero el creciente interés por el estudio de la comunidad viral a enriquecido las bases de datos virales y la cantidad de programas para tratar este tipo de datos. El empezar a reportar la presencia y las posibles funciones que se están llevando a cabo en comunidades tan genéticamente diversas, hace interesante el poder explorar con un enfoque de metagenómica diferentes ambientes, como un reactor. El objetivo del presente trabajo es determinar el perfil taxonómico y funcional de la comunidad viral presente en un reactor nitrificante, así como el ensamblaje de genomas virales a partir de secuencias obtenidas por metagenómica de escopeta “shotgun”.

Metodología. Se tomaron tres submuestras del biorreactor con un intervalo de una semana ocho veces y se extrajo ADN. Este fue secuenciado por MacroGen Inc. (Seúl, Corea) con la plataforma HiSeq2000 Illumina® 2x100 de extremos pareados. Las lecturas sin procesar se mapearon contra el genoma humano de referencia y las que no fueron mapeadas se filtraron por calidad. Se utilizaron las lecturas de alta calidad para la asignación taxonómica y funcional. Para el ensamblaje de genomas a partir de metagenomas (MAGs) se utilizaron las lecturas de alta calidad para realizar un co-ensamblaje con todas las muestras. Posteriormente se calculó la cobertura de los contigs obtenidos y con estos se hizo el ensamblaje de los genomas, ya ensamblados fueron evaluados, filtrados y mapeados para poder obtener asignación taxonómica y funcional. (Fig.1)

Resultados. La profundidad de secuenciación permitió asignaciones a nivel de género y especie para las lecturas de virus poco descritos y de una considerable cantidad de funciones ligadas a virulencia. Se ensamblaron 348 genomas virales, tales como *Klebsiella phage KpS8*, *Mycobacterium virus D29* y *Synechococcus phage syn9*, con la presencia de genes relacionados a cáncer.

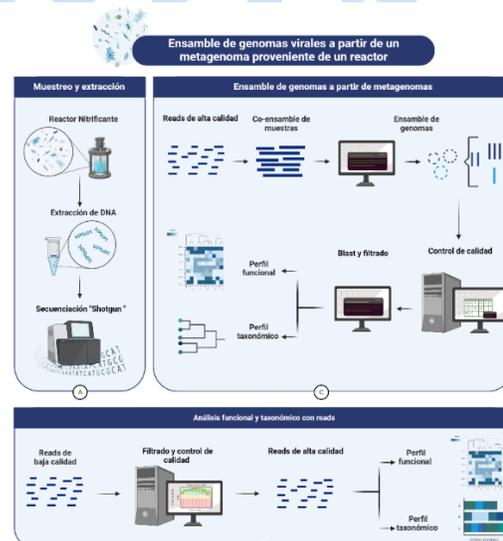


Fig. 1. Flujo de trabajo general (BioRender,2023).

Conclusiones. Es necesario realizar más estudios utilizando herramientas actuales para el análisis funcional taxonómico y ensamblaje de genomas virales. Los resultados pueden asociarse a una futura búsqueda del huésped viral y así confirmar la presencia de ambos, en un ambiente sintético tan particular como un reactor nitrificante.

Agradecimiento. La investigación fue financiada por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT).

Bibliografía.

1. Cortés-López, Nohemí Gabriela, Ordóñez-Baquera, Perla Lucía, & Domínguez-Viveros, Joel. (2020) Rev Mex Cienc Pecu 11,1150-1173.
2. Hwang, Y., Roux, S., Coclet, C., Sebastian J. E. Krause & Peter R. Girguis (2023) Nat Microbiol Apr 6.