

Genómica Computacional

2021-1

Proyecto: Interacciones de la comunidad bacteriana asociada a la Red de Metro de la CDMX.

La metagenómica es una ciencia derivada de las ciencias genómicas la cual se encarga de estudiar el metagenoma de un nicho específico, dicho metagenoma se define como el conjunto total de ADN de alguna muestra ambiental (Hernández et al. 2010). A menudo difícilmente definida, comprende a aquellas técnicas que recuperan la mayor cantidad de información genética a partir de una muestra de DNA ambiental, ya sea a partir de secuenciación por shotgun por medio de primers multitaxa o por secuenciación de alto rendimiento, la cual elimina el paso de amplificación que por sí mismo puede restar información. A pesar de que esta técnica es la más informativa al generar secuencias de todo tipo de organismos encontrados y reflejar en mayor medida la composición de la comunidad, también se encuentra frenada debido a las limitantes económicas de la calidad de secuenciación requeridas y de las plataformas empleadas, sin embargo, esto promete ser superado mediante el desarrollo de esta tecnología durante los próximos años. (Elisen, 2007)

El metabarcoding aprovecha la determinación de primers para taxa específicos que permite recuperar información de solo un grupo de organismos y llegar a determinar la representación de estos en la comunidad. Esto presenta muchas ventajas ya que el desarrollo de primers “barcode” para taxones de distinto nivel ha aumentado durante las últimas décadas permitiendo que se lleven a cabo cada vez más estudios ecológicos y funcionales de este tipo. (Ficetola et al, 2014)



Fig 1. Diversidad asociada a las estaciones analizadas en Hernandez *et al.*, 2020

Flujo de trabajo empleado en el área

La estandarización de los métodos de análisis de DNA ambiental por medio de la secuenciación de amplicones o de metagenoma se ha realizado de manera muy general al igual que otras ramas de la bioinformática. Esto se debe al desarrollo constante de nuevos softwares que a menudo se encuentran optimizados para un tipo de estudio o de datos.

A partir del análisis de la calidad de las secuencias crudas y del filtrado de estas mismas, se debe realizar un ensamble *de novo* o bien, empleando un metagenoma de la comunidad microbiana que se estudia como referencia con herramientas previamente optimizado con SPADES, MRA o PANDASEQ,

Posteriormente es necesario identificar a las unidades taxonómicas operacionales (OTU's, por sus siglas en inglés) alienando al ensamble contra bases de datos nucleotídicas que pueden o no estar especializadas para un grupo en específico. Es importante destacar que

el nivel de umbral de identidad mínimo para asignar OTU's es de 97%. Algunas herramientas para realizar este paso son QIIME, Kraken o MetaMaps

A partir de la asignación taxonómica, es necesario estimar la abundancia relativa de cada OTU con respecto al número total de reads asociados al ensamble del metagenoma.

Propuesta de trabajo:

Hipótesis:

La comunidad bacteriana presentará una dinámica de interacción estable a lo largo del tiempo debido al constante flujo de personas con un comportamiento similar que viaja en el Metro.

Objetivos

1. Modelar la red de interacciones ecológicas de la comunidad bacteriana de la Red del Metro de la Ciudad de México.
2. Identificar la presencia de las comunidades bacterianas del sistema de transporte colectivo metropolitano mediante el análisis y la secuenciación de muestras de 16S rRNA.
3. Determinar cuál de las comunidades bacterianas presentes en este transporte tiene una presencia dominante sobre el resto observadas.
4. Interpretar los resultados obtenidos de la red de interacciones ecológicas.

Análisis de las interacciones del microbioma asociado a la red de metro de la Ciudad de México

El sistema de transporte en las metrópolis como la Ciudad de México se encuentra en constante intercambio de microbios debido al contacto de grandes acumulaciones de personas. En el trabajo de Hernandez, A. y colaboradores de 2020 se caracterizó a la comunidad bacteriana de la red de Metro de la ciudad, la cual resultó estar principalmente relacionada con fuentes de exposición sana como la piel, el polvo, la saliva y la vagina, sin que se detectara contribución fecal. Se encontraron de manera universal 420 géneros bacterianos en las doce líneas de metro analizadas, y esos mismos contribuyeron al 99,10% de la abundancia.

A partir del perfil de la comunidad bacteriana generado mediante la secuenciación del amplicón 16S en 24 torniquetes y 23 pasamanos del tren, se recuperarán las tablas de abundancias de OTU's en formato BIOM (Biological Observation Matrix) para modelar las interacciones de la comunidad microbianas a partir de las abundancias encontradas en el tiempo de toma de cada muestra.

OTU identifiers

Time-series sample identifiers

disordered

Abundance table

	0	9	142	143	144	145	146	147	148	149	150	151	152	153	155	156	
Unclassified	139	830	851	803	316	653	1472	690	318	336	1216	641	374	968	622	475	1036
Acetobacteraceae	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Moraxellaceae	6	0	0	0	2	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	0
Neisseriaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	0	0	0	0	0	0
Alcaligenaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	6	0	0
Enterobacteriaceae	1132	2266	3	1363	115	232	170	129	95	33	1	2	174	65	5	1	409
Bacteroidaceae	0	9	0	1	3	0	2	1	3	114	3	17	1	5	0	30	3
Bacteroidaceae	5907	27055	30095	22275	15479	17509	24279	23255	17946	15377	25459	15974	21937	10962	21237	28151	18620
Chromatiaceae	44	3	0	179	0	74	155	2	10	8	0	0	13	5	2	1	199
Micrococcales	49	0	1	1	0	0	0	0	0	0	5	0	0	0	0	0	0
Streptococcales	20	68	16	21	20	23	15	7	24	27	66	13	10	12	5	25	19
Corneliobacteriaceae	4808	0	1	1	2	15	1	0	7	12	7	0	0	6	3	0	0
Hydrobacteriaceae	11	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Actinomycetaceae	33	0	0	1	10	3	3	4	0	1	3	5	1	0	0	0	19
Streptomyces	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Pseudomonadaceae	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Actinophtharmaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hydrobacteriaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hydrobacteriaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Veillonellaceae	1008	6	1	2	93	3	1	50	35	14	62	4	17	7	1	28	8
Clostridiaceae	16	54	4	10	114	33	24	16	11	18	15	4	4	50	7	223	35
Rhodobacteraceae	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Hydrobacteriaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Ammonomonadaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Lactobacillaceae	4199	1	0	0	0	0	0	0	0	0	6	5	0	0	1	1	0
Bradyrhizobiaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Opimicrobiaceae	36	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Parvobacteriaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Alburmonadaceae	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Leptothorax	67	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Campylobacteraceae	51	0	0	0	25	0	0	5	0	6	14	1	4	2	0	0	2
Halobacteriaceae	1	0	2192	30	294	586	2677	318	464	530	55	850	0	124	664	95	320

Fig 2. Abundancia de OTU's por tiempo de muestreo

Tras construir la red de interacción con el software MetaMIS, se realizarán predicciones sobre el desarrollo de la comunidad y se buscarán relaciones ecológicas tales como mutualismo, depredación o parasitismo, comensalismo y amensalismo.

A partir de la red de interacciones dirigidas, se correrá el script NetAn (De Anda *et al.*, 2018) para analizar esta red y evaluar la dinámica de los posibles ciclos biogeoquímicos asociados a las comunidades encontradas, obtener el porcentaje de interacciones asociadas a diferentes niveles taxonómicos e identificar posibles motivos de interacciones específicas.

Referencias

- [1]. De Anda *et al.*, 2018. Understanding the mechanisms behind the response to environmental perturbation in microbial mats: a metagenomic-network based approach. *Front. Microbio* <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fmicb.2018.02606/full>
<https://github.com/valdeanda/NetAn>

[2]. Hernández, A.M., Vargas-Robles, D., Alcaraz, L.D. et al. Station and train surface microbiomes of Mexico City's metro (subway/underground). *Sci Rep* 10, 8798 (2020).
<https://doi.org/10.1038/s41598-020-65643-4>
https://www.nature.com/articles/s41598-020-65643-4?fbclid=IwAR3lImoMCtV35g_NH9N05c_Lsg5c6mNbcKXtCw44Z6LLR2EzvoTqHnCnKnM

[3]. Shaw, G.TW., Pao, YY. & Wang, D. MetaMIS: a metagenomic microbial interaction simulator based on microbial community profiles. *BMC Bioinformatics* 17, 488 (2016).
<https://doi.org/10.1186/s12859-016-1359-0>
<https://bmcbioinformatics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12859-016-1359-0>
<https://sourceforge.net/projects/metamis/>