The background of the slide is a complex network diagram. It consists of numerous nodes of varying sizes and colors (orange, green, blue, purple, grey) connected by thin lines. Some nodes are larger and more prominent, while others are smaller and less connected. The overall structure is a dense web of connections, with some clusters and some isolated nodes.

# **Estudio comparativo de las redes de coexistencia de la microbiota gastrointestinal humana en cuatro condiciones de salud.**

**Guzmán Favila Gabriela, Hernández Luna Nora Hilda, Rosas Paz Miguel Ángel**

## INTRODUCCIÓN

El microbioma intestinal es uno de los más estudiados debido a su diversidad y relación con la salud. Este está constituido principalmente por especies de los phyla Firmicute, Bacteroidetes, Actinobacteria y Verrucomicrobia, cuya proporción de especies varía dependiendo del individuo y siendo los dos primeros taxa los más abundantes (Tuddenham y Sears, 2015). Así pues, se estima que presenta más de 3500 especies y se han identificado más de 1 millón de genes bacterianos con funciones no redundantes (Manasa-Jandhyala et al., 2015).

Diversos factores pueden generar variación en las poblaciones de la microbiota, entre ellos la dieta, edad, la ingesta de antibióticos, la genética y el sistema inmune de la persona (Tuddenham y Sears, 2015).

El enfoque de la metagenómica nos permite vislumbrar la composición de las comunidades microbióticas.

**Este estudio plantea usar el enfoque de teoría de grafos para evaluar el comportamiento de las interacciones de la microbiota gastrointestinal humana bajo condiciones de salud y bajo condiciones patológicas.**

## FENOTIPOS



### ESTADO GASTROINTESTINAL SANO

La microbiota intestinal considerado un «órgano metabólico», con funciones en la nutrición, la regulación de la inmunidad y la inflamación sistémica.



### CÁNCER COLORRECTAL

El cáncer colorrectal es una neoplasia del colon que tiene una fuerte incidencia mundial y cuyos factores de riesgo incluyen la genética, el ambiente y el estilo de vida.



### DIARREA

La Diarrea es un síntoma representado por el aumento en el líquido de las deposiciones y en la frecuencia de las mismas.



### COLITIS ULCEROSA

La colitis ulcerosa es una enfermedad inflamatoria intestinal crónica que afecta a la mucosa del colon.

## **Objetivos generales**

- Comparar las redes de coexistencia de la microbiota gastrointestinal humana.

## **Objetivos particulares**

- Identificar la composición taxonómica del metagenoma gastrointestinal humano en un fenotipo saludable, otro con cáncer colorrectal, uno con diarrea y otro con colitis.
- Realizar un análisis de co-ocurrencia con base en las abundancias relativas de las especies para cada fenotipo.
- Realizar un análisis de redes de co-ocurrencia .

## **Hipótesis**

El microbioma del fenotipo de personas sanas muestra mayor abundancia de especies que aquellos correspondientes a padecimientos, lo cual se ve representado en una red con más nodos y grado de conectividad alto.

Las redes correspondientes a las enfermedades muestran interacciones negativas entre organismos que en condiciones de buena salud interactúan positivamente, lo cual se refleja en la pérdida de diversidad.



DATA REPOSITORY FOR  
HUMAN GUT MICROBIOTA

Wu., et al. (2020)

Cálculo de abundancias de  
todo el metagenoma

AND/OR

Phenotype \* equal \* Health

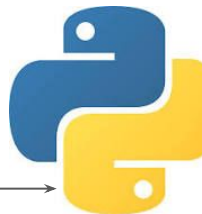
AND/OR

Age \* between \* 18 .25

BMI \* between \* 18.5 .24.9

SEARCH

10 Corridas para cuatro  
fenotipos  
50% mujeres:50%  
hombres  
Edades: 16-80 años



```
import requests
import json
from pandas.core.frame import DataFrame
```

Get relative species/genus abundances for a sample/run

input : run ID, e.g. ERR475468 ,

output : a list, see below:

```
query = {"run_id": "ERR475468"}
url = 'https://gmrepo.humangut.info/api/getRunDetailsByRunID'
data = requests.post(url, data=json.dumps(query)).json()

## --get run List
run = data.get("run")

## --get DataFrames
species = DataFrame(data.get("species"))
ta.get("genus")
```

```
] import requests as requests
import json as json
import pandas as pd
from pandas.core.frame import DataFrame
import numpy as np
from google.colab import files
```

```
] from sklearn.cluster import KMeans
import matplotlib.pyplot as plt
import numpy as np
import cv2
from collections import Counter
from skimage.color import rgb2lab, deltaE_cie76
import os
```

```
import pandas as pd
```

```
%matplotlib inline
from google.colab import files
import networkx as nx
```

Histogramas de abundancia.  
Redes de co-ocurrencia.  
Correlogramas  
Gráficos de distribución de  
grado.  
Redes de modulación  
Redes de medidas de  
centralidad

DISEÑO DE UNA PÁGINA WEB

# BIOCOMPU

## INTRODUCCIÓN

OBJETIVOS

HIPOTESIS

METODOLOGÍA

RESULTADOS

REFERENCIAS

Estudio comparativo de las  
redes de coexistencia de la  
microbiota gastrointestinal  
humana en cuatro condiciones  
de salud.

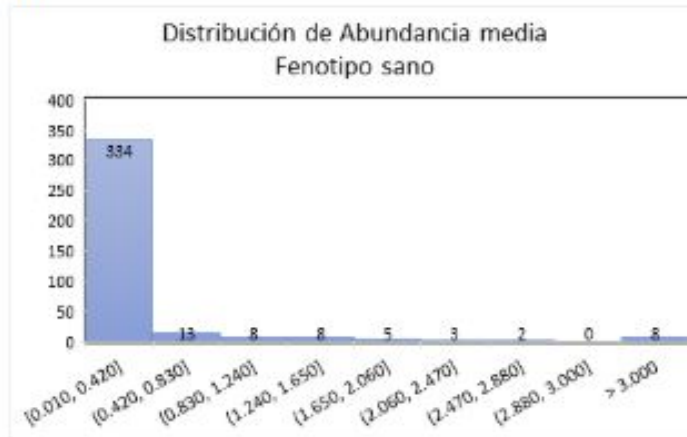


VER MAS →

# Resultados

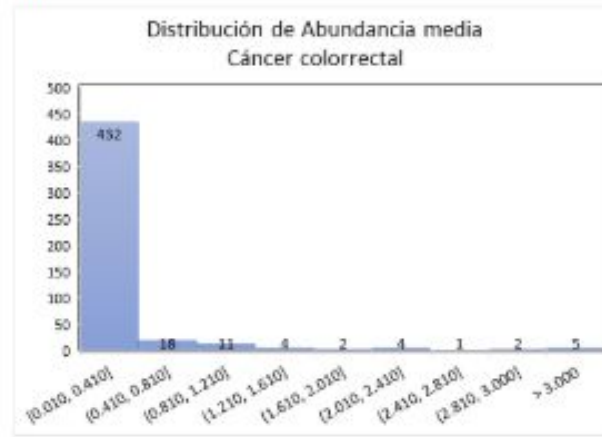


a)



N= 381 H'= 2.0821

b)



N= 479 H'= 2.0569

## CÁNCER

*Bacteroides*

*Parabacteroides*

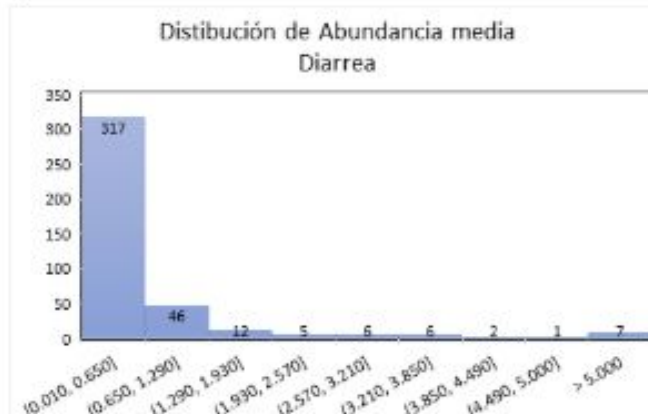
## DIARREA

*Bacteroides*

*Escherichia coli*,

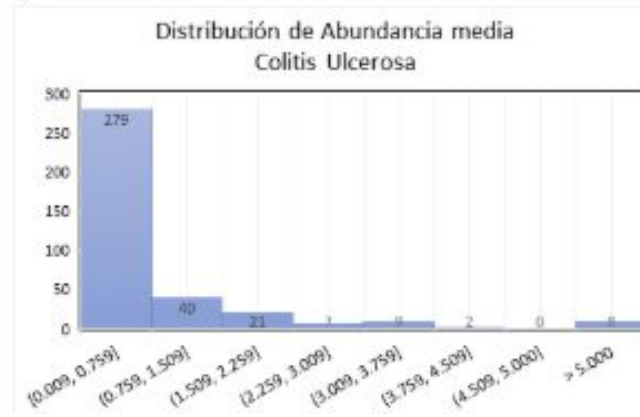
*Rummeliibacillus pycnus*  
y *Brachyspira pilosicoli*

c)



N=402 H'= 3.870

d)



N=366 H'= 4.4995

## COLITIS

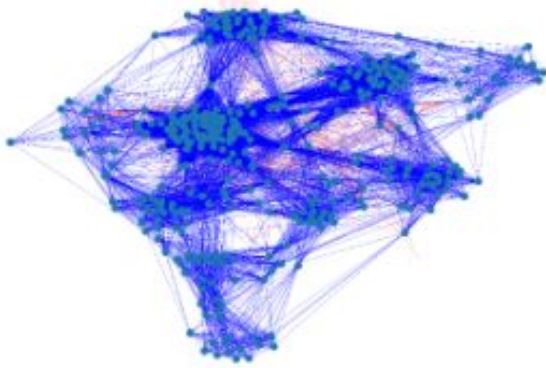
*Bacteroides*

Interacción con el  
sistema inmune

Metabolismo

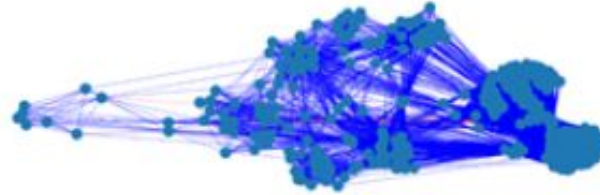
Toxinas

a)  $m = 11200$   $\langle k \rangle = 56.28$

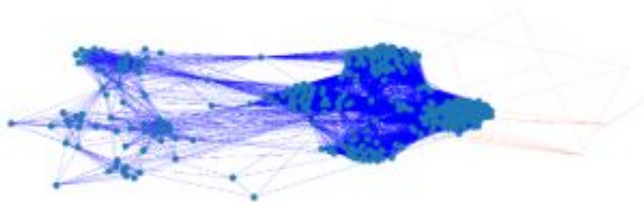


b)  $n = 604, m = 45552$  y  $\langle k \rangle = 150.8$

---



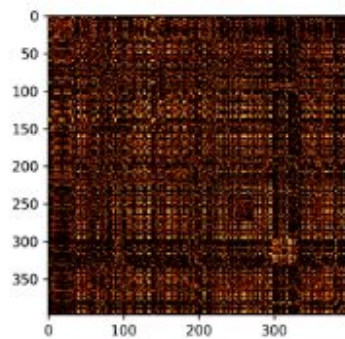
c)  $n = 426, m = 21140, \langle k \rangle = 99.25$



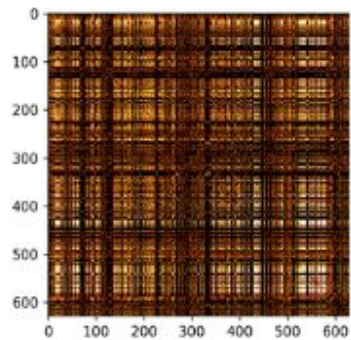
$n = 104, m = 1640, \langle k \rangle = 31.54.$



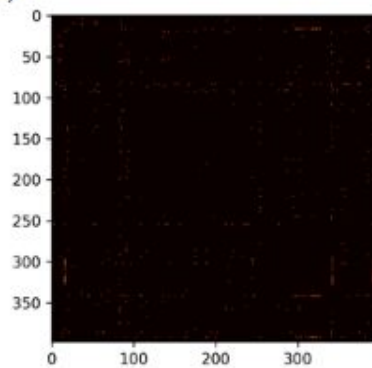
a)



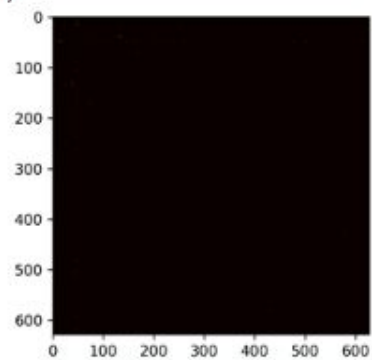
b)



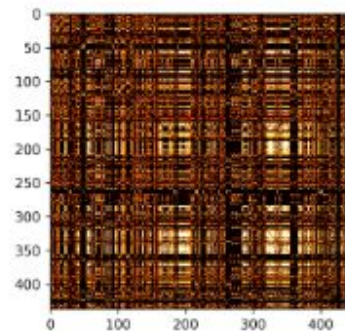
a)



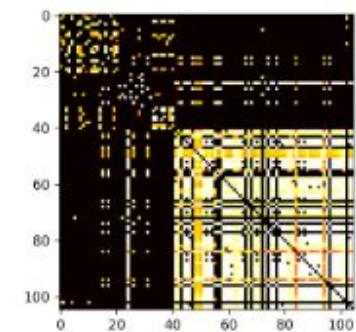
b)



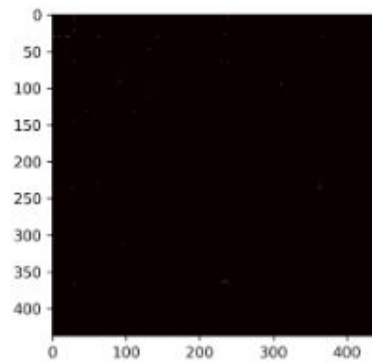
c)



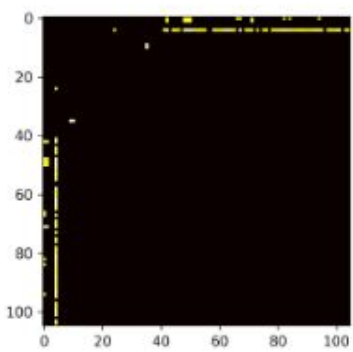
d)



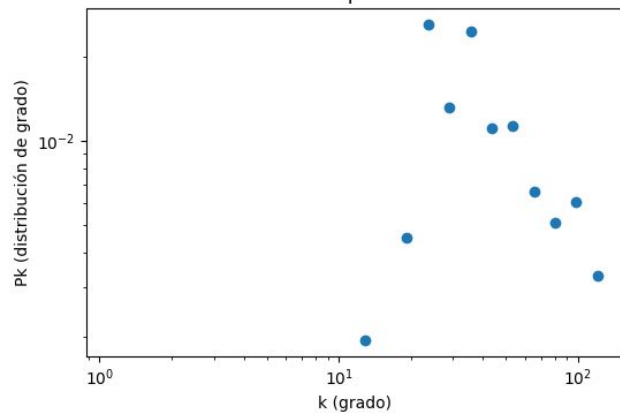
c)



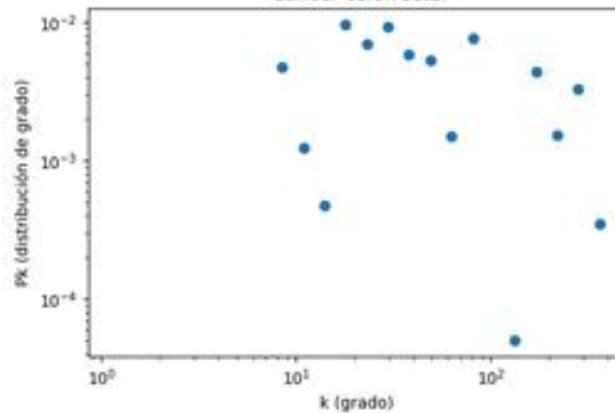
d)



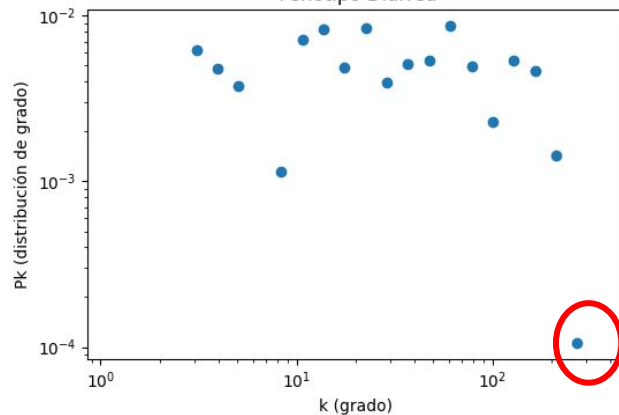
Distribución de grado  
Fenotipo Sano



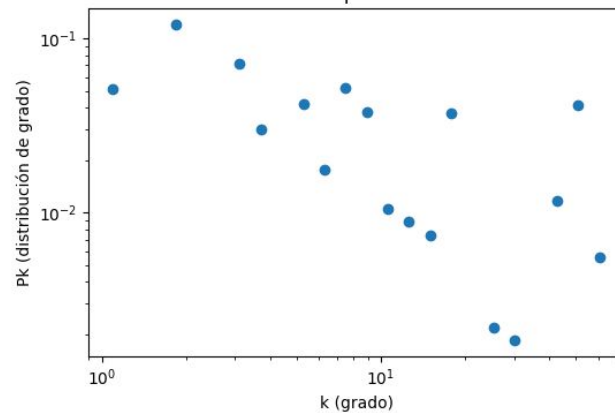
Distribución de grado  
Cáncer colorrectal



Distribución de grado  
Fenotipo Diarrea



Distribución de grado  
Fenotipo Colitis



# Componentes

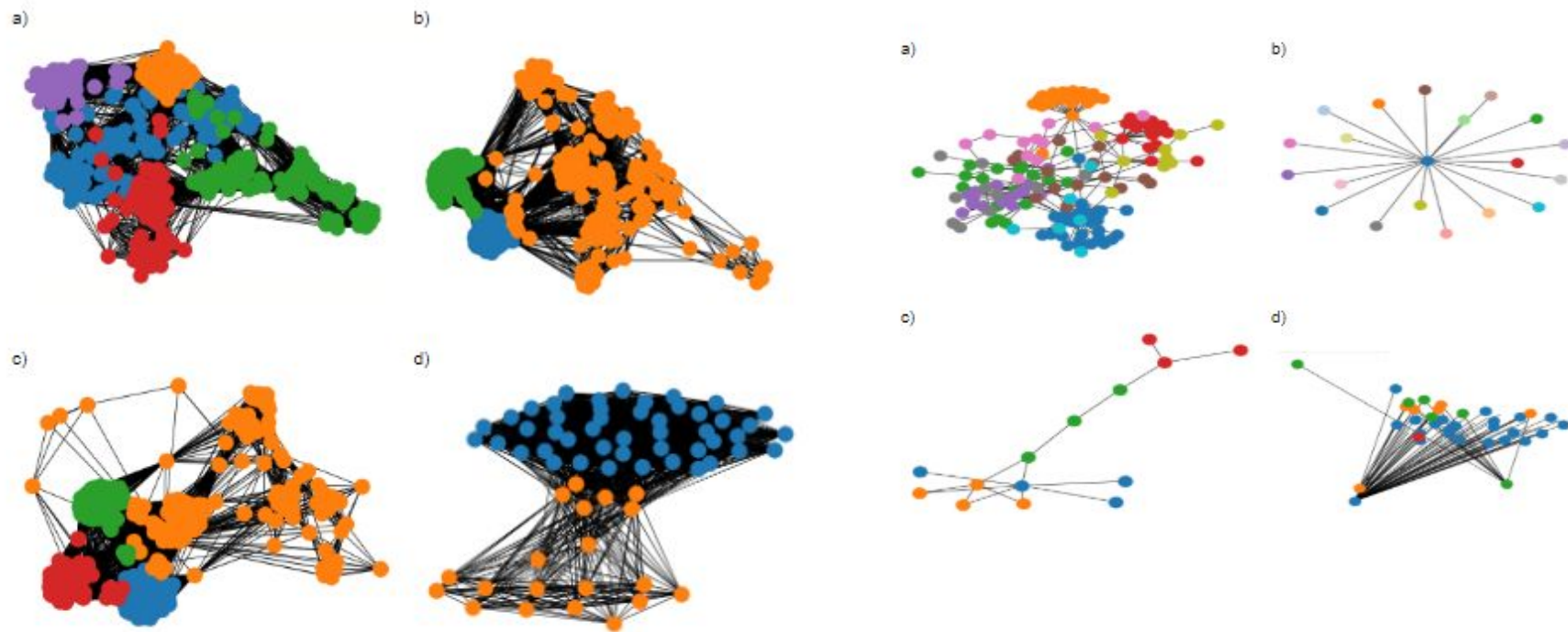


Figura 6. Componentes de red de correlación positiva. a) Fenotipo sano 0.746. b) Cáncer colorrectal. 0.825, c) Diarrea. 0.784. d) Colitis 0.85

# Betweenness

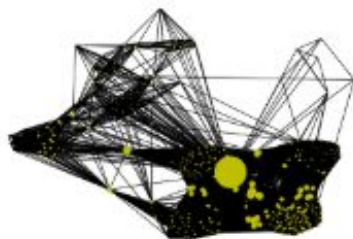
a)



b)



c)



d)



Fenotipo: Sano		Fenotipo: Cáncer colorrectal	
Especie	Betweenness	Especie	Betweenness
<i>Bifidobacterium tsurumense</i>	0.0333	<u><i>[Clostridium] innocuum</i></u>	0.0707
<i>Streptococcus mitis</i>	0.03164	<u><i>Anaerocolumna aminovalerica</i></u>	0.0362
<i>Bacteroides helcogenes</i>	0.0284	<u><i>Barnesiella viscericola</i></u>	0.0333
<i>Actinomyces sp.</i>	0.0284	<u><i>Bifidobacterium scarlovii</i></u>	0.0312
<i>Cellulosilyticum lentocellum</i>	0.0275	<i>Blautia producta</i>	0.0309
Fenotipo: Diarrea		Fenotipo: Colitis	
Especie	Betweenness	Especie	Betweenness
<u>Unknown'</u>	0.317	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	0.0195
<i>Caldilinea aerophila</i>	0.0175	<i>Sutterella sanguinus</i>	0.0195
<i>Bacteroides rodentium</i>	0.0158	<i>Ralstonia pickettii</i>	0.0195
<i>Clostridium tertium</i>	0.0157	<i>Sutterella parvirubra</i>	0.0177
<u><i>Nubella zeaxanthinifaciens</i></u>	0.0152	<i>Mesorhizobium huakuii</i>	0.0176

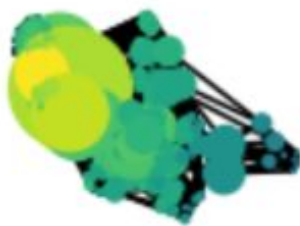


# Closeness

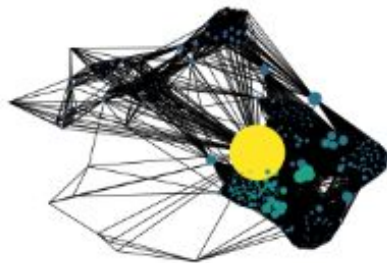
a)



b)



c)



d)



Fenotipo: Sano		Fenotipo: Cáncer colorrectal	
Especie	Closeness	Especie	Closeness
<i>Veillonella dispar</i>	0.5387	<i>[Clostridium] innocuum</i>	0.7311
<i>Veillonella stypica</i>	0.5351	<i>Anaerocolumna aminovalerica</i>	0.7302
<i>Streptococcus suis</i>	0.5351	<i>Barnesiella viscericola</i>	0.7302
<i>Rikenella microfus</i>	0.5351	<i>Bifidobacterium scardovii</i>	0.7302
<i>Paraclostridium bifementans</i>	0.5351	<i>Blautia producta</i>	0.7302
Fenotipo: Diarrea		Fenotipo: Colitis	
Especie	Closeness	Especie	Closeness
Unknown'	0.9277	<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	0.6470
<i>Caldilinea aerophila</i>	0.6916	<i>Sutterella sanguinus</i>	0.6470
<i>Bacteroides rodentium</i>	0.6871	<i>Ralstonia pickettii</i>	0.6470
<i>Clostridium tertium</i>	0.6849	<i>Sutterella parvirubra</i>	0.6374
<i>Blautia obeum</i>	0.6827	<i>Mesorhizobium huakuii</i>	0.6100

# Conclusiones

- Sí existe una desregulación en el número de especies y su abundancia relativa a causa de los padecimientos.
- Aumento en la abundancia relativa de especies patógenas
- Mayor número de interacciones positivas entre especies patógenas.
- No podemos asumir interacciones directas o causales
- Es necesario el uso de herramientas para análisis masivos para identificar nodos importantes