

XXI CONGRESO DE INVESTIGACIÓN

Ensamble del Genoma de un bacteriófago de *Vibrio cholerae*

Diego Daniel Gimeno Zertuche

Diego Emilio Morett Aguilar

Alonso Peón Sánchez

Mauricio Torres Enríquez

Profesor: Dr. Enrique Galindo

Asesor: Dr. Ricardo Alfredo Grande Cano

Colegio Marymount de Cuernavaca

Ciencias Biológicas, Bioquímica y Médicas

Proyecto con apoyo externo

Marco Teórico:

Los bacteriófagos son virus que infectan a bacterias, su nombre significa “devorador de bacterias”, y fue usado por primera vez por Felid d’Hérelle. Estos organismos no están vivos ya que no se pueden reproducir por sí mismos y necesitan forzosamente un hospedero para poder replicarse.

Frecuentemente, los bacteriófagos son muy selectivos y sólo atacan a una especie de bacteria. Se estima que la mayor parte de la biomasa del planeta está constituida por *fagos*. Los *fagos* que atacan bacterias patógenas se podrían utilizar para prevenir enfermedades.

El ADN es el material genético donde está almacenada toda la información que necesita un organismo para poder llevar a cabo sus funciones. El ADN está formado por grupos fosfato (PO_4^{-3}), desoxiribosa, y cuatro bases nitrogenadas: adenina (A), timina (T), guanina (G) y citosina (C). Las bases se unen por puentes de hidrógeno y son complementarias; la A siempre se junta con la T y la C con la G. La secuencia de bases se divide en tripletes llamados *codones*; cada codón codifica para un aminoácido, los cuales son las bases de las proteínas. Existen

veinte aminoácidos con los cuales se forman las proteínas de todos los seres vivos. (Claros, sin fecha)

Por medio de la secuenciación masiva se puede conocer toda la cadena de bases nitrogenadas del ADN de un organismo. Las técnicas de secuenciación han avanzado mucho durante los últimos años. Actualmente se puede secuenciar el genoma humano en diez días. Los nuevos métodos de secuenciación necesitan romper el genoma en cadenas pequeñas, y amplificar éstas miles de veces para poder reconocer las diferentes bases. Después las partes secuenciadas se deben de volver a armar para reconstruir el genoma del organismo. (Judd, 2001)

Antecedentes:

Investigadores de la Facultad de Medicina de la UNAM han hecho estudios sobre bacteriófagos que atacan a la bacteria *Vibrio cholerae*, que es la que causa el cólera, una enfermedad que causa diarrea, vómito y malestar general. (Wikipedia, 2010) Se ha observado que esta enfermedad presenta ciclos; hay épocas en las que se propaga más seguidas por épocas en las que casi no se presentan casos. Estos investigadores encontraron un virus bacteriófago en el lago Endhó, que es uno de los lagos de aguas negras más grandes del mundo, ubicado en el estado de Pachuca. El *fago* que se encontró aniquila a la bacteria del cólera. Se secuenció parte de su genoma y se comparó contra una base de datos de otros virus previamente secuenciados y se encontró que era parecido a otros *fagos* que también estaban relacionados con *Vibrio cholerae*.

Este virus se secuenció unas semanas antes del inicio del proyecto en el Instituto de Biotecnología de la UNAM en la Unidad Universitaria de Secuenciación Masiva. Nuestro trabajo consistirá en armar la secuencia del ADN del virus y compararlo para determinar si tiene las características para ser considerado un organismo nuevo.

Hipótesis:

El bacteriófago con el que trabajaremos tendrá genes en su secuencia que le atribuirán características distintas a las de otros organismos similares. Estas diferencias en la secuencia genómica serán lo suficientemente significativas como para clasificar al fago como un virus previamente desconocido.

Objetivo:

Determinar la estructura y las funciones del virus armando su secuencia genómica, y comparándolo con la base de datos. Determinar qué diferencias existen entre los fagos de características similares a éste.

Metodología:

Nuestro trabajo dentro del proyecto consiste en interpretar secciones del código secuenciado a partir de las muestras de material genético del virus y ensamblarlo en el orden correcto. Posteriormente compararemos el genoma ensamblado con bases de datos para determinar el parecido del genoma del virus con los *fagos* conocidos de *Vibrio cholerae* y buscar similitudes con otros códigos secuenciados dentro de la base de datos. Para esto haremos uso del servidor “cluster” del Instituto de Biotecnología de la UNAM, el cual es una red de computadoras interconectadas trabajando en conjunto para combinar su poder de procesamiento. El software que vamos a utilizar es proporcionado por el IBT y los programas que se van a utilizar son “Vowtie” para ensamblar el genoma y “Blast” para contrastar el genoma ensamblado con la base de datos.

Resultados:

En proceso.

Fuentes:

Claros, Gonzalo (-) *Estructura: Bases Nitrogenadas*, (10/02/10)

http://sebbm.bq.ub.es/BioROM/contenido/av_bma/apuntes/T2/t2_bn.htm

[Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular]

Judd, Burk H (2001) *Nucleic Acids as Genetic Material*

[ENCYCLOPEDIA OF LIFE SCIENCES, John Wiley & Sons, Ltd]

Illumina (2010) *Genome Analyzer Iix*, (10/02/10)

http://www.illumina.com/systems/genome_analyzer_iix.ilmn

[Compañía mundial desarrolladora de soluciones de análisis de DNA, RNA y secuenciación de genomas]

Wikipedia (2010) *Cholera*, Wikipedia, (10/02/10)

<http://en.wikipedia.org/wiki/Cholera>

[Enciclopedia online gratuita]