

Ensamble del genoma de un bacteriófago de *Vibrio cholerae*

Diego Gimeno, Alonso Peón, Diego Morett, Mauricio Torres

Colegio Marymount

Estrella del Norte #6 Col. Rancho Tetela, Tel. (777)3-13-1602

Palabras clave: *Contig, K-mer, Bacteriófago, Base nitrogenada*

Introducción. Un bacteriófago es un virus que ataca bacterias. El *Vibrio cholerae* es la bacteria que provoca la enfermedad del cólera (1). Recientemente se descubrió un bacteriófago de *Vibrio cholerae* en el estado de Hidalgo y por su ubicación geográfica se sospechaba que éste fuera un bacteriófago nuevo. A nuestro equipo de investigación se le proporcionó la secuencia fragmentada del virus. Nuestro objetivo fue ensamblar la secuencia genética del virus para verificar si su genoma corresponde al de un organismo distinto al de los bacteriófagos de *Vibrio cholerae* ya conocidos.

Metodología. La secuencia fragmentada del virus constaba de fragmentos (*Contigs*) de 36 bases nitrogenadas designadas según sus iniciales (A,T,G,C). Mediante un algoritmo computarizado armamos una biblioteca de palabras (*K-mers*) de 23 bases y registramos la frecuencia con la cual aparecía cada palabra. Utilizando un programa llamado *Velvet* pudimos alinear *K-mers* similares para ir armando y extendiendo nuestra secuencia final. Al tener la secuencia final utilizamos un servidor de búsqueda disponible la web llamado BLAST el cual comparó nuestra secuencia con una base de datos para determinar si existían secuencias similares.

Resultados y Discusión. La secuencia final tuvo una longitud de 3,9500 bases nitrogenadas. Tras comparar la secuencia con la base de datos descubrimos que nuestro virus compartía aproximadamente el 98 % de su genoma con otros dos bacteriófagos de *Vibrio cholerae*, el phiVC5 y el phiVC7, (Véase figura 1).

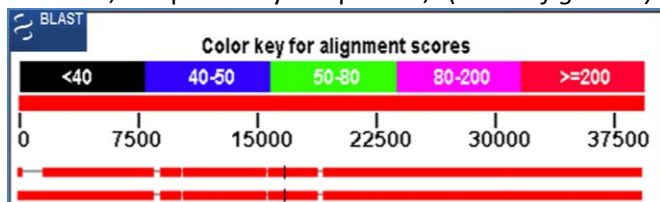


Figura 1

La barra roja superior representa la secuencia de nuestro virus, mientras que las dos barras inferiores representan las secuencias del phiVC5 y el phiVC8. Las secciones rojas de los otros dos virus corresponden a la porción del genoma que es idéntico al de nuestro virus, mientras que las secciones vacías corresponden a la porción donde los genomas difieren con respecto a nuestro virus.

Conclusiones. La diferencia de 2 % entre los genomas de los virus es en realidad altamente significativa a nivel nucleotídico. Como contraste cabe mencionarse que el ser humano comparte el 98.75 % de su genoma con el chimpancé (2). Tomando esto en cuenta podemos concluir que el bacteriófago de *Vibrio cholerae* encontrado en Hidalgo es una especie nueva de virus; sin embargo, es altamente probable que éste virus tenga una relación evolutiva muy cercana con los otros dos bacteriófagos con los cuales fue comparado.

Agradecimientos. Agradecemos al Doctor Ricardo Grande y al Lic. Leonardo Collado del Instituto de Biotecnología de la UNAM por asesorarnos a lo largo de nuestro proyecto.

Bibliografía

1. Wikipedia (2010) *Cholera*, Wikipedia, (10/02/10) <http://en.wikipedia.org/wiki/Cholera>
2. The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium (2005). "Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome". *Nature* **437** (7055): 69–87