

2° Jornadas Latinoamericanas de Bacteriófagos

**22 Y 23 DE
NOVIEMBRE DE 2022**

Buenos Aires, Argentina

**RESÚMENES DE
PONENCIAS**



II JORNADAS LATINOAMERICANAS DE BACTERIOFAGOS

22 Y 23 de Noviembre de 2022 - Universidad Nacional de José C. Paz

COMITÉ ORGANIZADOR

Leticia Bentancor, Universidad Nacional de José C. Paz, Argentina

Paula Lucchesi, CIVETAN- CONICET, FCV, UNCPBA, Argentina

Alejandra Krüger, CIVETAN-CONICET, FCV, UNCPBA, Argentina

Mariana Piuri, IQUBICEN-CONICET, FCEN, UBA, Argentina

COMITÉ CIENTIFICO

Raul Raya, CERELA-CONICET, Argentina

Andrea Quiberoni, INLAIN-CONICET, Argentina

Alejandro Reyes, Universidad de Los Andes, Colombia

Roberto Bastías, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile

Maite Muniesa, Universidad de Barcelona, España

Martha Vives, Universidad de Los Andes, Colombia

Ricardo Morbidoni, Universidad Nacional de Rosario, Argentina.

METAGENOMIC INSIGHT OF CRISPR STABILITY AT GLOBAL SCALE

Guerrero, Leandro D.

Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular “Dr. Héctor N. Torres” (INGEBI-CONICET), Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

Las interacciones entre fagos y bacterias en el ambiente son uno de los factores más importantes que intervienen en el modelado de las comunidades microbianas. El estudio de estas interacciones *in situ* representa un enorme desafío, pero a la vez permite comprender mecanismos que no pueden ser observados a otra escala. Una de las herramientas que permite estudiar la relación fago-bacteria es el análisis de la información codificada en los sistemas CRISPR, utilizados por arqueas y bacterias como mecanismo de defensa frente a infecciones.

Estos sistemas están compuestos por enzimas denominadas Cas y arreglos de secuencias de ADN repetitivas intercaladas con secuencias espaciadoras provenientes de la degradación e incorporación al arreglo de ADN exógeno producto de infecciones previas. Los espaciadores llevan un registro cronológico y ordenado de las infecciones pasadas y en muchos casos su secuencia permite identificar el origen de dicha infección.

En nuestro laboratorio hemos desarrollado un sistema de estudio basado en la reconstrucción de los arreglos CRISPR a partir de datos metagenómicos provenientes de muestras ambientales. La información obtenida, sumada a la capacidad de reconstruir genomas tanto de bacterias como de fagos, nos ha permitido analizar con un alto grado de resolución las interacciones mediadas por CRISPR entre fagos y bacterias a escala global.

Utilizando datos metagenómicos provenientes de 66 plantas de tratamiento de efluentes de 19 países ubicados en distintas partes del mundo, reconstruimos más de 160 sistemas CRISPR diferentes y en muchos de los casos logramos identificar las bacterias portadoras y los fagos que las infectan. El análisis de las secuencias y estructura de los arreglos de espaciadores en los CRISPR nos permitió identificar su distribución en las distintas plantas alrededor del mundo. La presencia de arreglos idénticos pertenecientes a las mismas especies de bacterias en plantas ubicadas en distintos países y continentes, sugieren que para muchas bacterias los sistemas CRISPR se encuentran altamente conservados, y que la adquisición de los espaciadores más antiguos es previa al establecimiento de esas bacterias en las distintas plantas.