

Título:**Genomas ensamblados a partir de metagenomas para entender el rol de no-cultivables**

Autor y afiliación: Dra. Patricia Bovio-Winkler, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

Resumen

El análisis de genomas ensamblados a partir de metagenomas (MAGs) ha tomado un rol central en el estudio de microorganismos difíciles de aislar en cultivo puro. Actualmente hay una gran cantidad de datos de metagenomas depositados en las bases de datos que pueden ser utilizados con este fin.

Chloroflexota es uno de los filos con alta proporción de microorganismos no cultivados que ha sido identificado como parte del "core" de microorganismos en sistemas de tratamiento de aguas residuales. A partir de los pocos aislamientos, se ha propuesto que su función podría ser como bacterias hidrolíticas y fermentadoras, así como en la formación de gránulos y flóculos indispensables para la sedimentación de la biomasa. Sin embargo, su sobrecrecimiento puede causar problemas como la flotación de la biomasa, también conocida como bulking filamentoso.

En este trabajo, se estudió la diversidad y el potencial rol funcional de 314 MAGs recuperados a partir de metagenomas depositados en bases de datos obtenidos de 42 reactores de lodos activados y 42 reactores metanogénicos. La clase Anaerolineae fue la predominante en todos los sistemas, mientras que a nivel de familia los grupos taxonómicos fueron diferentes de acuerdo al tipo de sistema (aerobio vs anaerobio).

A nivel funcional, se determinó que la mayoría de los genomas tienen una amplia distribución y diversidad de enzimas hidrolíticas capaces de degradar celulosa, almidón y otros polisacáridos. Además, la mayoría de los MAGs presentaron el potencial de fermentar materia orgánica generando distintos productos, como acetato, lactato y acetoina. Las especies recuperadas de sistemas aerobios podrían realizar respiración anaerobia con nitritos y nitratos como aceptores finales, además de fermentación.

El presente estudio reveló que a pesar que los grupos taxonómicos del filo Chloroflexota presentes en reactores aerobios y anaerobios fueron distintos, en su mayoría presentaron características funcionales similares. En base a las características genómicas, Chloroflexota cumple un rol fundamental en la digestión anaerobia participando en la hidrólisis y fermentación de materia orgánica compleja. Este trabajo representa el mayor estudio de diversidad y potencial metabólico del filo Chloroflexota en sistemas de tratamiento realizado hasta el momento.