

## Virus en glaciares

Beatriz S. Méndez

Departamento de Química Biológica. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina

Contacto: Beatriz S. Méndez - [bea@qb.fcen.uba.ar](mailto:bea@qb.fcen.uba.ar)

Todos sabemos que los microbios, bacterias y virus, son capaces de colonizar ambientes fuera del alcance de los humanos como de tantas otras especies. Por ejemplo se los encuentra en glaciares. El estudio de estos hábitats tan excéntricos para sostener la vida demostró la presencia de comunidades bacterianas compuestas por muy pocos miembros entre  $10^2$ - $10^4$  células por ml que representan, se supone, a los microorganismos presentes en el ambiente en el momento de su formación [1,2].

La presencia de virus es abundante en el mar e interactúan con las bacterias tanto destruyéndolas como colonizándolas [3,4]. En glaciares por el contrario solo hubo indicios de su presencia [5,6]. El escaso número de bacterias en un ecosistema tan complejo dificulta la detección de virus, que con seguridad existen y que probablemente infectaron a las bacterias antes o tal vez después de ser absorbidas por el hielo. Si bien, a pesar de su escasa presencia, se han identificado y caracterizado las bacterias en los glaciares, las condiciones ambientales han dificultado su estudio molecular dada la dificultad de acceder a suficiente material para conocer su genoma mediante secuenciación parcial o total [7]. Aún más, si bien se dispone de métodos para obtener núcleos de hielo adecuados para el estudio de los microorganismos presentes en los mismos, las dificultades propias de ambientes tan complejos asociadas a la presencia de bacterias y virus contaminantes han impedido la generación de métodos estándar de aplicación general.

En un trabajo reciente se eligió un enfoque interesante para lograr dicho objetivo, sus autores provenientes de distintos laboratorios de Estados Unidos, proponen primero crear núcleos de hielo artificiales conteniendo bacterias y virus conocidos y desarrollar en los mismos los métodos de purificación para luego aplicarlos a muestras obtenidas de núcleos reales. Claro que estos no se hallan en sitios de fácil acceso sino en el glaciar Guliya ubicado la montaña Kulum que se encuentra en meseta Tibetana-Qinghai dentro de la provincia de Qinghai, en China [8].

Brevemente lo que hacen es construir núcleos de hielo artificiales, cubrirlos con bacterias, virus y el DNA del fago ?. Se eligieron *Cellulophaga báltica* y el fago *Pseudoalteromonas PSA--HP1* provenientes de climas fríos. A estos núcleos los van tratando con un proceso de eliminación con tres capas mediante corte, tratamiento con etanol y finalmente con agua. La eficiencia de los tratamientos se determina en cada una de las 3 capas por qPCR (PCR cuantitativa) y el caso del DNA de ? por nested PCR (Dos conjuntos de primers y dos reacciones sucesivas). De esta manera pudieron comprobar la eliminación de bacterias, virus y DNA contaminantes dejando el centro del núcleo limpio.

Una vez obtenidos estos datos el procedimiento se aplicó a dos núcleos de hielo natural en el glaciar Guliya, cuya ubicación se indicó previamente [8]. Uno en la cumbre del glaciar (S3) y el otro en la meseta (PS). S3 se obtuvo en 2015 y PS en 1992. Muestras de los mismos se analizaron en tres capas mediante el método 16S rRNA gene amplicon sequencing.

Se encontró que hay géneros abundantes detectados en ambos núcleos i.e *Janthino bacterium* y *Flavobacterium* indicando que los mismos indudablemente están adaptados al clima frío, sin embargo dicha abundancia varía a lo largo de las muestras indicando distintas etapas temporales de incorporación a dichos núcleos. Paralelamente se encontró que si bien había géneros bacterianos presentes en ambos núcleos situados en la cumbre y la meseta del glaciar, también había diversidad, lo cual es lógico, ya que las comunidades bacterianas se incorporaron a lo largo del tiempo bajo distintas condiciones climáticas.

¿Y los virus junto a sus sacrificadas anfitrionas?

También se los buscó y las 2 muestras a analizar se obtuvieron de la cumbre del glaciar y correspondían a distintas características: antigüedad aproximadamente 520 y 15000 años; climas de distinta temperatura y distintas concentraciones de polvo ambiental.

Dado que la concentración de virus es muy pequeña en la muestras se recurrió a un método de secuenciación del metagenoma (Targeted Viral Metagenomics) que condujo a la obtención de 33 poblaciones virales en las muestras analizadas. Las mismas se compararon con secuencias presentes en banco de datos y se llegó a la conclusión final que solamente un 12% podía asignarse a géneros conocidos 3 pertenecientes a la familia *Siphoviridae* y 1 a la familia *Siphoviridae*. Los virus se relacionaron con sus hospedadores *in silico* mediante BLAST un buscador que encuentra regiones similares entre distintas secuencias y calcula su significado estadístico. VirHostMatcher, basado en la comparación de la frecuencia de oligonucleótidos y CRISPR analiza genomas de bacterias y archeas en bases de datos detectando similitud en las secuencias. Los resultados indicaron que *Methylobacterium*, *Sphingomonas*, and *Janthinobacterium* eran los hospedadores más probables de los virus. Resultados esperados dada la abundancia de muchos miembros de estos géneros en los núcleos de hielo estudiados.

El método ha demostrado ser eficaz por lo cual su aplicación sería de utilidad para otros glaciares. Nosotros bien sabemos de la existencia de glaciares en los más diversos lugares en el mundo, incluido nuestro país. Muchos de ellos son reconocidos y admirados por su belleza y fácil acceso. Sin embargo cumplen una función más bien alejada de una atracción turística. Son reservorio de información a lo largo de miles de años ya que a través de la presencia de los microorganismos y sus virus podemos conocer las características del clima y de las condiciones ambientales en el momento de su incorporación.

El cambio climático actual, debido a las actividades humanas, también tiene su efecto sobre los glaciares que van perdiendo su volumen y liberan en el ambiente las bacterias y sus virus presentes durante miles de años cuyas características desconocemos [9]. Si bien esto conduce a la pérdida de conocimiento sobre condiciones climáticas a lo largo de los siglos también es muy probable que origine la liberación al ambiente de bacterias y virus patógenos desconocidos.

En nuestro país existen glaciares, el más famoso de ellos el glaciar Perito Moreno (figura1). Está ubicado en la provincia de Santa Cruz en el sur del país a Latitud 50° 32' Sur y Longitud 73° 10' Oeste. A pesar que la mayoría de los glaciares se están contrayendo, como fue señalado anteriormente, uno de los pocos que se mantiene en estado de equilibrio es justamente el Perito Moreno .

**Figura 1:** Glaciar Perito Moreno, Provincia de Santa Cruz, Argentina.

Las actividades humanas que ignoran o no valoran la importancia de sus efectos sobre el clima pueden conducir a situaciones de no retorno con imprevisibles consecuencias para la vida humana actual.

**Referencias:**

1. **Hotaling S, Hood E, Hamilton T** (2017) Microbial ecology of mountain glacier ecosystems: biodiversity, ecological connections and implications of a warming climate. *Environmental Microbiology* 19:2935-2948.
2. **Whitman WB, Coleman DC, Wiebe WJ** (1998) Prokaryotes: the unseen majority. *Proceedings of the National Academic of Science of the United States of America* 95:6578-6583.
3. **Weitz JS, Wilhelm SW** (2012) Ocean viruses and their effects on microbial communities and biogeochemical cycles. *Biological Reports* 4:17.
4. **Brum JR, Sullivan MB** (2015) Rising to the challenge: accelerated pace of discovery transforms marine virology. *Nature Reviews Microbiology* 13:147-159.
5. **Priscu JC, Christner BC, Foreman CM, Royston-Bishop G** ( 2006) Biological material in ice cores. In Elias SA (ed), Encyclopedia of quaternary science, 1st ed. Amsterdam:Elsevier.
6. **Castello JD, Rogers SO, Starmer WT, Catranis CM, et al** (1999) Detection of tomato mosaic tobamovirus RNA in ancient glacial ice. *Polar Biology* 22:207-212
7. **Ram V** ( 2009) Analysis and characterization of 823 microbes from ancient glacial ice. PhD thesis. Bowling Green State University. *Bowling Green: Ohio*.
8. **Ping Zhong,E, Solonenko,NE, Li YF, Gazitúa MC, et al.** (2020) Glacier ice archives fifteen- thousand- year .old viruses. DOI: <https://doi.org/10.1101/2020.01.03.894675>
9. **Legendre M, Lartigue A, Bertaux L, Jeudy S, et al.** ( 2015) In-depth study of Mollivirus sibericum, a new 30,000-y-old giant virus infecting Acanthamoeba. *Proceedings of the National Academic of Science of the United States of America* 112:E5327-E5335.



ISSN 1666-7948

[www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar](http://www.quimicaviva.qb.fcen.uba.ar)

Revista QuímicaViva

Volumen 19, Número 2, Agosto de 2020

ID artículo:E0182

DOI: no disponible

[Versión online](#)