

Estructura de la comunidad microbiana pulmonar y su influencia sobre la expresión génica a nivel pulmonar de pacientes con EPOC



Diana Rodríguez Alarcón¹, José Gregorio Martínez², Juan Pablo Isaza³

1. Estudiante de Biotecnología. Semillero SIFACS. I.U. Colegio Mayor de Antioquia.

2. Docente Facultad Ciencias de la Salud. I.U. Colegio Mayor de Antioquia

3. Docente Facultad de Medicina. UPB.

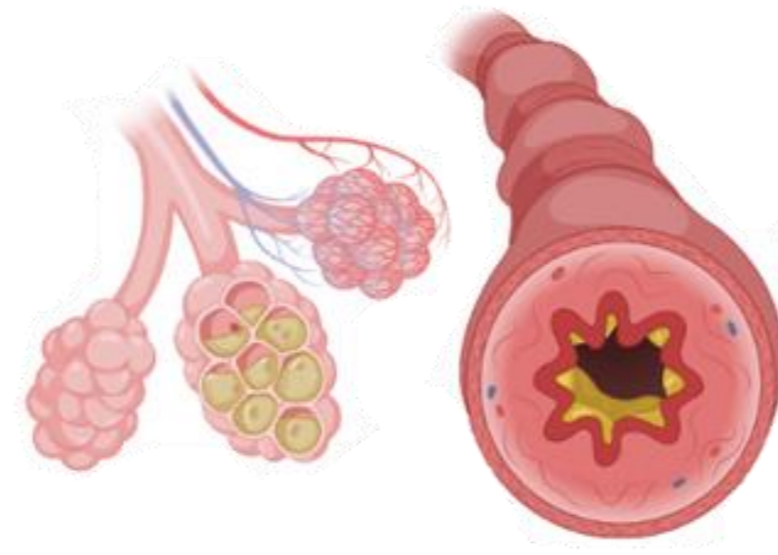
Autor de Correspondencia: drodriguez@est.colmayor.edu.co



INTRODUCCIÓN

Enfermedades respiratorias crónicas

Asma
Alergias respiratorias
Hipertensión pulmonar
EPOC.



Limitación del flujo de aire.

Global Burden of Disease.

Aproximadamente 500m enfermas.

Tercera causa de muerte en el mundo.

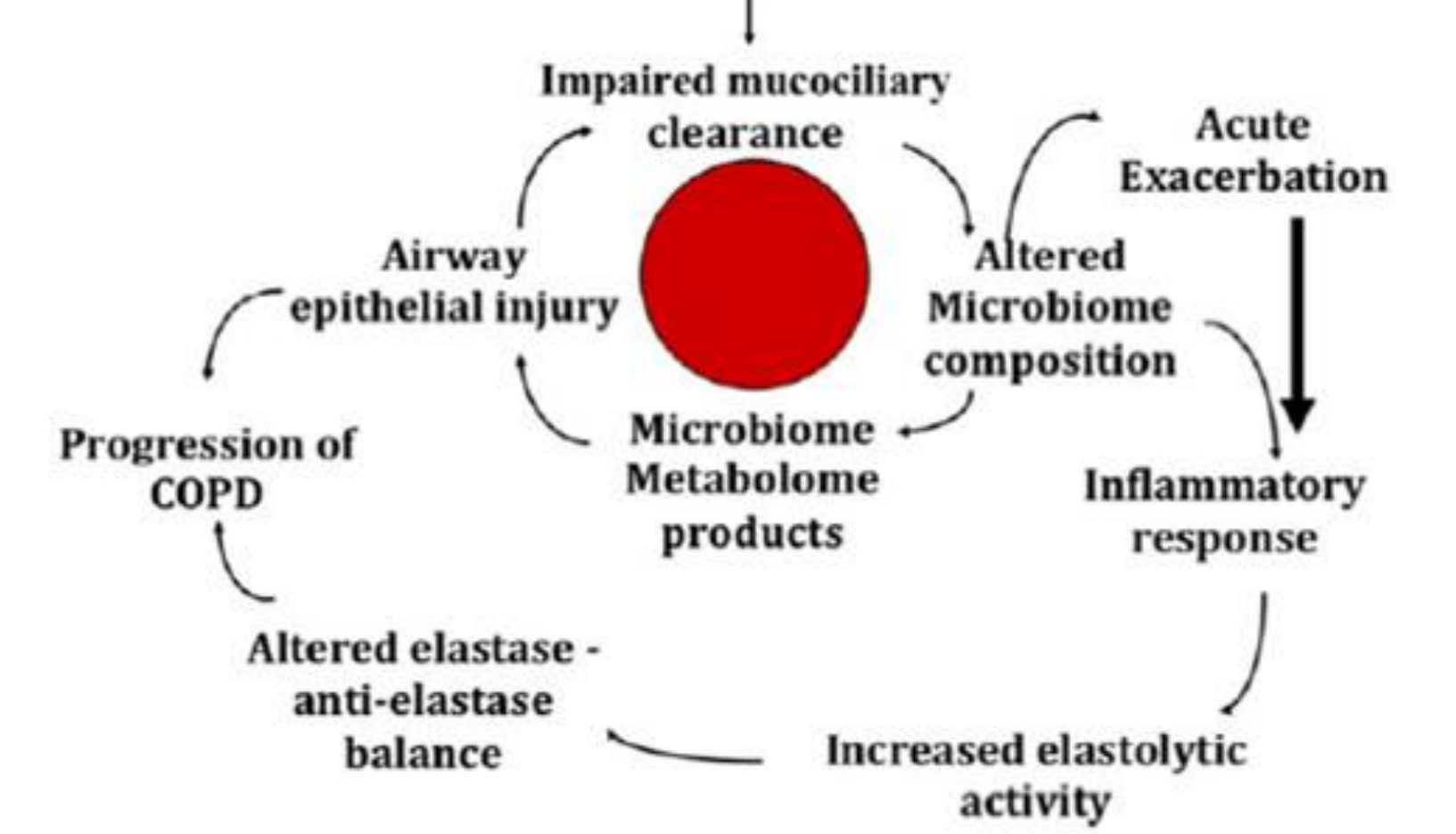
3.23m muertes

80% ocurre en LMIC

10.1089/jamp.2019.1576

Vicious Circle Hypothesis Revised

Initiating factors
e.g. smoking, childhood respiratory disease, altered microbiome



doi:10.1111/resp.12732

OBJETIVOS

General

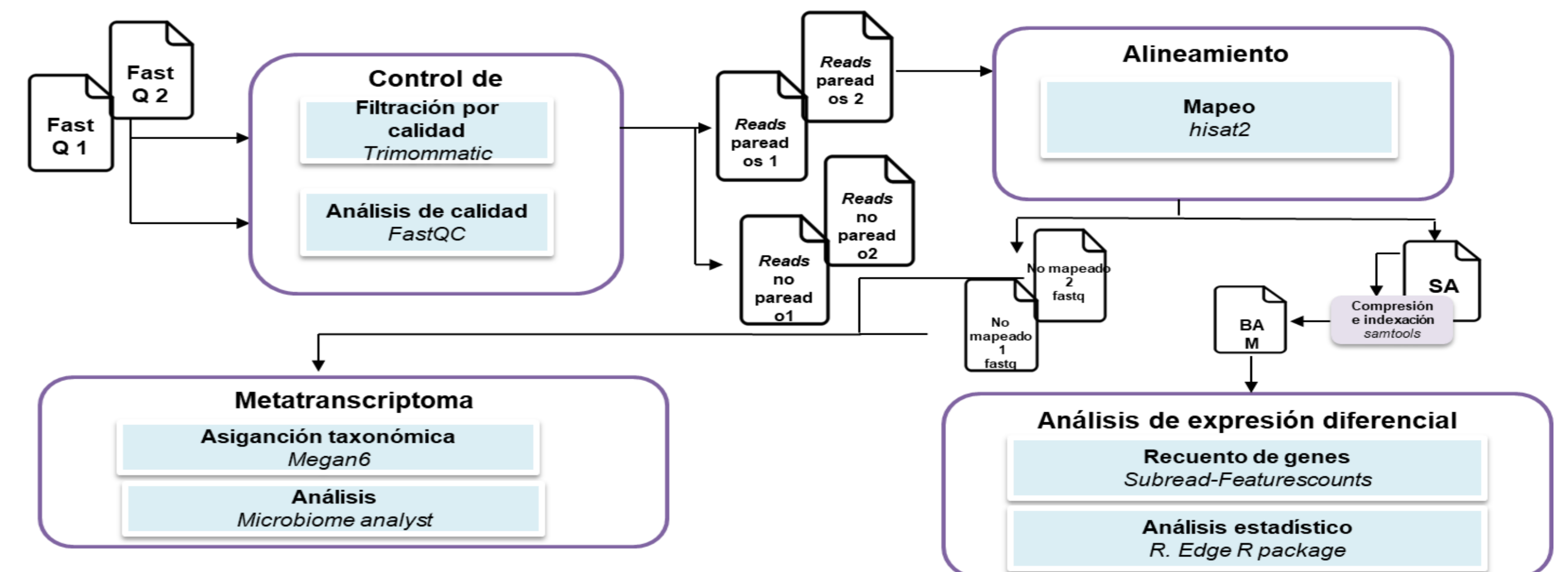
Caracterizar el microbioma pulmonar y su impacto en la expresión génica de pacientes con EPOC

Específicos

1. Caracterizar taxonómica y funcionalmente las comunidades microbianas presentes en muestras de lavado bronco-alveolar de pacientes con EPOC

2. Determinar los genes humanos con expresión diferencial en muestras de lavado bronco-alveolar de pacientes con EPOC

Etapas de trabajo para el análisis del microbioma de pulmón.



RESULTADOS PRELIMINARES

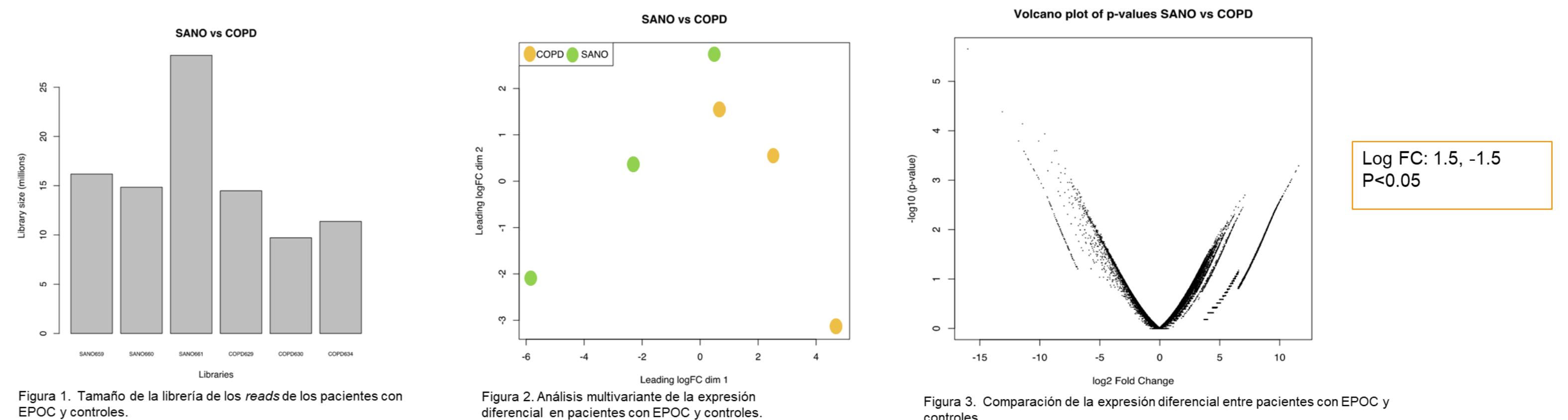


Figura 1. Tamaño de la librería de los reads de los pacientes con EPOC y controles.

Figura 2. Análisis multivariante de la expresión diferencial en pacientes con EPOC y controles.

Figura 3. Comparación de la expresión diferencial entre pacientes con EPOC y controles.

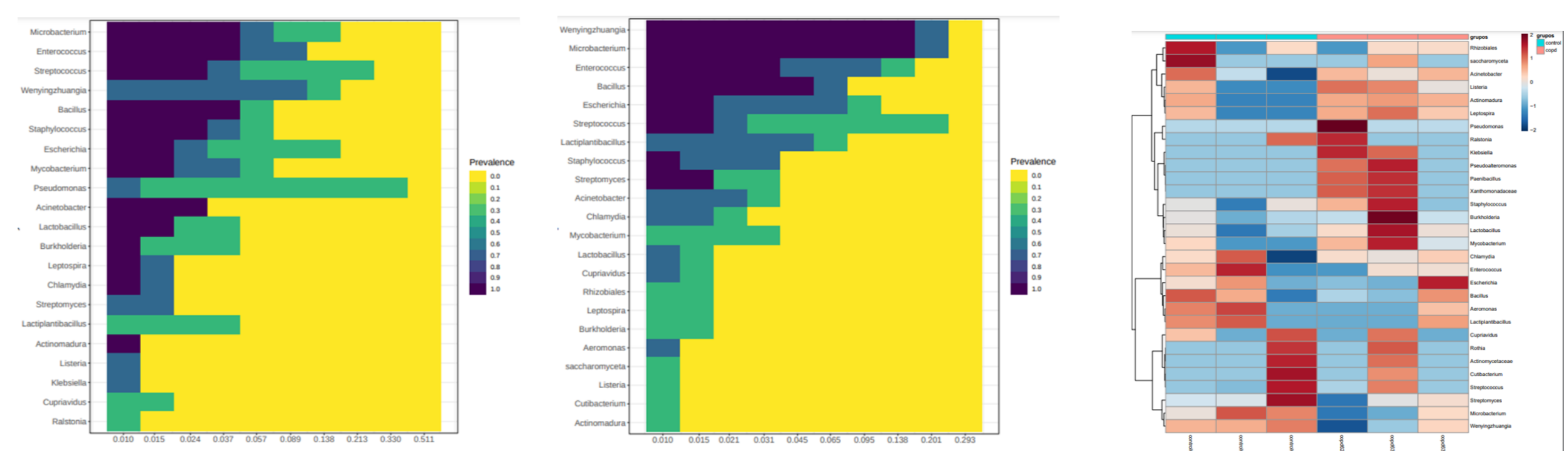


Figura 4. Abundancias relativas del microbioma de pulmón a nivel de género de hongos, bacterias y virus. a.) Muestras COPD y b.) Controles.

Figura 5. Mapa de calor de la comunidad microbiana a nivel de género en pacientes con EPOC y controles.

CONCLUSIONES PARCIALES

La metodología implementada permitió una aproximación en la caracterización de comunidades microbianas para las muestras provenientes de lavado broncoalveolar de pacientes con EPOC (COPD) y el grupo control, sin EPOC, en las cuales se determinaron las abundancias relativas y la diversidad del microbioma de cada grupo de estudio y una expresión diferencial del hospedero.

BIBLIOGRAFÍA

- Mammen, M.A.J, & Sethi, S.A. (2016). COPD and the microbiome. *Respirology*, 21:590–9.
- Westermann, A.J, Barquist, L., & Vogel, J. (2017). Resolving host–pathogen interactions by dual RNA-seq. *PLOS Pathogens*, 13(2):1–19.
- Ren, L., Zhang, R., Rao, J., Xiao, Y., Zhang, Z., Yang, B., et al. (2018). Transcriptionally active lung microbiome and its association with bacterial biomass and host inflammatory status. *mSystems*, 3(5):1–15.
- Breitwieser, F.P., Lu, J., & Salzberg, S.L. (2018). A review of methods and databases for metagenomic classification and assembly. *Briefings in Bioinformatics*, 20(4):1125–39.
- Tamames, J., Cobo-Simón, M., & Puente-Sánchez, F. (2019). Assessing the performance of different approaches for functional and taxonomic annotation of metagenomes. *bioRxiv*, 1–16.

Etapas de trabajo para el análisis del microbioma de pulmón.



| COPD | Sanos |
|--------------------|---------------------|
| Pacientes con EPOC | Pacientes controles |

SRA → FastQ

