

TÍTULO DEL PROYECTO:

Convocatoria 2020-1 Apoyo para proyectos de investigación científica, desarrollo tecnológico e innovación en salud ante la contingencia por COVID19. Proyecto 312014 **“Estabilidad de SARS-CoV-2 en las aguas residuales de CDMX utilizadas para riego en el Valle del Mezquital, Hidalgo, y su presencia en el suelo agrícola y en productos alimenticios”**. Financiado por CONACYT.

RESUMEN EJECUTIVO

El COVID19 es la enfermedad causada por el nuevo coronavirus, llamado SARS-CoV-2. Esta enfermedad, en los casos más graves, ocasiona daños en el sistema respiratorio que pueden llevar a consecuencias fatales. Desde los inicios de la epidemia en China, y posteriormente la pandemia presente en la mayoría de los países del mundo, se ha observado que el virus se transmite muy eficientemente por el contacto directo entre personas, principalmente en zonas altamente urbanizadas. Es por esto que los países más afectados están densamente poblados como Italia, España y Estados Unidos.

La propagación de la enfermedad en México sigue el mismo patrón, ya que las ciudades mayormente pobladas tienen el mayor número de casos confirmados y decesos per cápita. Por lo tanto, se han difundido ampliamente muchas medidas para evitar la propagación de la enfermedad en contextos de alta urbanización, por ejemplo, permanecer en casa, evitar reuniones masivas y disminuir el uso de transporte colectivo. La finalidad de estas medidas es disminuir el crecimiento acelerado de contagios para evitar la saturación de los sistemas médicos.

Sin embargo, hace falta evidencia científica de cómo se puede transmitir el virus a lo largo de distancias más grandes a través de matrices ambientales como el agua o el aire. Aunque se espera que las zonas rurales en México serán menos afectadas, dado que existe menos tráfico de personas y menor densidad poblacional, estas regiones concentran altos niveles de pobreza y tienen mayores carencias en los sistemas de salud. Por lo tanto, es urgente detectar riesgos de contagio a través de mecanismos desconocidos relacionados con el ambiente.

Se sabe que los virus pueden permanecer en el suelo y dispersarse a grandes distancias. Adicionalmente, algunos estudios publicados durante la pandemia por SARS-CoV-2, han demostrado que el virus es muy estable en excretas de pacientes infectados, e incluso se pueden detectar altas concentraciones del virus en aguas

residuales urbanas. Partiendo de esta información, hemos identificado un posible riesgo para zonas agrícolas en el estado de Hidalgo.

En el Valle del Mezquital se utilizan las aguas negras de CDMX, sin ningún tratamiento, para riego. Inclusive, las verduras y hierbas son lavadas en los canales de riego. A pesar de la prohibición para la venta de estas hortalizas y cilantro, los comerciantes tienen mecanismos para comercializarlos en la central de abastos de CDMX y en los de estados aledaños, así como en el mercado de Ixmiquilpan, en donde se surten los pobladores de las comunidades rurales. Este sistema productivo es entonces, un posible factor de riesgo para la transmisión de la enfermedad desde CDMX, la zona con más prevalencia de la enfermedad, hasta zonas agrícolas de Hidalgo. Asimismo, si el virus permanece estable en los alimentos cosechados, estos productos pueden ser un foco de contagio para el consumidor.

El objetivo de este proyecto es detectar y cuantificar el SARS-CoV-2 en el trayecto de las aguas residuales de CDMX utilizadas para riego, en suelo y en hortalizas del Valle del Mezquital, Hidalgo, y modelar su dispersión en dichas matrices. Esperamos llegar a conocer si el virus está presente en el agua de riego y en el suelo de cultivos, y finalmente si permanece en los alimentos cosechados. Con la información generada y transferida a las autoridades de salud, se podrán diseñar estrategias para el uso responsable de las aguas residuales para riego, y proponer prácticas agrícolas para disminuir el riesgo de adquirir el virus, y otros patógenos presentes en el agua.

- 1) **Responsable técnico.** Dr. Jorge Gustavo Rocha Estrada - Investigador CIDEA - Conacyt.

TÍTULO DEL PROYECTO:

Ciencia de Frontera 2019. Modalidad Grupo. Proyecto 39589. Patrones y dinámica de ensamblaje de comunidades microbianas sintéticas basadas en interacciones competitivas. Responsable técnico: Gabriela Olmedo Álvarez, CINVESTAV Irapuato. Financiado por CONACYT.

RESUMEN EJECUTIVO

Las comunidades ecológicas forman intrincadas redes de interdependencia dinámica entre las numerosas especies que las constituyen y los factores abióticos. Es importante identificar los principios y patrones involucrados en la reunión de individuos en una comunidad (ensamblaje). Hasta ahora lo más estudiado son individuos o pares de especies, pero las comunidades microbianas contienen muchas especies lo que hace que el sistema completo sea complejo. La

competencia entre microorganismos (interacciones negativas), pero esto puede depender del contexto donde ocurren. Reunir la teoría y los experimentos se dificulta por la multiplicidad de procesos ecológicos que afectan simultáneamente el ensamblaje de comunidades en los ecosistemas naturales. Abordaremos este desafío a través de la generación y el monitoreo detallado del ensamblaje de cepas ambientales bien estudiadas y en condiciones controladas, que constituyen comunidades sintéticas. Especies de *Bacillus* y *Staphylococcus* son nuestro modelo para evaluar las propiedades generales de las comunidades con cercanías genéticas pero procedentes de linajes distintos. Nuestro modelo principal, al que llamamos BARS, incluye miembros de *Bacillus* con especies que representan diferentes roles ecológicos: Antagonismo, Resistencia y Sensibilidad. Hemos estudiado la interacción pareada de 78 cepas, de las cuales se han secuenciado alrededor de 30, que planeamos usar para la generación de comunidades y el análisis metabólico predictivo. Las cepas provienen de comunidades de sedimentos naturales de Laguna Intermedia en Churince, Cuatrociénegas.

Se tomarán tres enfoques principales en esta propuesta. El primero busca explicar cómo el número, abundancia e identidad taxonómica de las especies, varía entre las comunidades ecológicas en el espacio y el tiempo. Particularmente, para comprender los roles relativos de los procesos estocásticos versus los determinísticos en la estructuración de comunidades ecológicas. También abordaremos cómo la disponibilidad de nutrientes influye en las interacciones competitivas. Proponemos aumentar la complejidad de las cepas de comunidades sintéticas cultivadas y simuladas *in silico*, y evaluar cuantitativamente la diversidad, el funcionamiento y la estabilidad de cada genotipo. El segundo enfoque propone estudiar el mecanismo de respuesta del modelo BARS a través de microscopía de fluorescencia y microfluídica para evaluar variables de densidad, nutrición y estructura. Hemos identificado propiedades emergentes del modelo BARS e identificado algunos genes de la respuesta inmediata a la interacción competitiva, que serán blanco de mutaciones para evaluar su influencia en la respuesta a la interacción.

También estudiaremos el efecto de diferentes metales y los antibióticos producidos por los miembros de la comunidad. Finalmente, en nuestro tercer enfoque utilizamos datos genómicos y del ensamblaje de comunidades para modelar las redes de interacción y el metabolismo de las cepas que interactúan. Los colaboradores en este proyecto aportarán su conocimiento y experiencia técnica para estudiar estas comunidades sintéticas con preguntas en la intersección de la evolución, la biología celular y la ecología. Las diferentes estrategias nos permitirán hacer modelos para obtener principios generales de ensamblado de comunidades.

- 2) **Co-responsable técnico.** Dr. Jorge Gustavo Rocha Estrada - Investigador CIDEA - Conacyt.