

# **Explorando delimitaciones en la taxonomía de bacteriófagos por medio de distancias genómicas**

Nathalia Andrea Portilla Rincón<sup>1</sup>, Maryam Chaib de Mares<sup>1</sup>, Alejandro Reyes Muñoz<sup>1</sup>.

1. Max Planck Tandem Group in Computational Biology, Department of Biological Sciences, Universidad de los Andes, Bogotá 111711, Colombia

Los virus son las entidades biológicas más abundantes del planeta, con un gran impacto sobre las dinámicas ecológicas de comunidades microbianas, lo cual reafirma la necesidad de comprender su evolución y generar una delimitación adecuada de criterios taxonómicos que permitan su estudio. A pesar de los recientes avances en el descubrimiento de virus no cultivados a través de la secuenciación de alto rendimiento, existe un cuello de botella en la anotación y la clasificación taxonómica. En 2021, el Comité Internacional de Taxonomía de Virus (ICTV) estableció nuevos lineamientos en la clasificación y proposición de taxones virales que infectan bacterias y arqueas distribuidos en 15 rangos de jerarquía. Estos criterios han unificado umbrales de distancias genómicas a través de los niveles de especie y género a pesar de que los diferentes grupos virales son altamente variables en las tasas de evolución, las arquitecturas del genoma y las estrategias de replicación. Este trabajo pretende abordar la demarcación diferencial de umbrales en distancias genómicas entre taxones para rangos taxonómicos entre género y familia inicialmente para una base de datos de más de 17 mil genomas virales. Una exploración preliminar indica que en las anotaciones taxonómicas existentes es común observar agrupaciones específicas de genomas distintivos a nivel de género, sugiriendo que un único umbral no sería apropiado para delimitación a este nivel. Posteriormente, extenderemos los análisis al caso particular de fagos, a partir de las distancias intergenómicas calculadas en la base de datos de PhageClouds que comprende más de 640 mil genomas.