



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA
DE MÉXICO**

**FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES IZTACALA
LABORATORIO DE ZOOLOGÍA L-221**

**CORALES ESCLERACTINIOS HERMATÍPICOS Y SU
RELACIÓN CON LOS VIRUS: UN ANÁLISIS
FUNDAMENTADO DESDE EL ESTADO DEL ARTE**

T E S I S

Para obtener el título de:

BIÓLOGO

P R E S E N T A :

CRISTIAN YAHIR ARAIZA VÁZQUEZ



**DIRECTOR DE TESIS:
BIOL. JOSÉ LUIS TELLO MUSI**

**Los Reyes Iztacala, Tlalnepantla, Edo. de
México, 2023.**



Universidad Nacional
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

Biblioteca Central



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

AGRADECIMIENTOS INSTITUCIONALES

A la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), por otorgarme todo lo necesario desde mi ingreso a sus instalaciones en el colegio de ciencias y humanidades Naucalpan, hasta la Facultad de Estudios Superiores Iztacala con la oportunidad de formación como profesionista de este país.

A **mi asesor José Luis Tello Musi** quien ha sido un ejemplo académico y de empatía. Le agradezco el tiempo que ha invertido en mí, al estar conmigo en mi formación profesional como biólogo. Gracias por los logros que me ha ofrecido y sobre todo por guiarme en este mundo científico.

A **mis sinodales el Dr. César Marcial Escobedo Bonilla, al Dr. Manuel Antolin Ortiz Touzet, al Biol. Felipe De Jesús Cruz López y la Biol. María De Los Ángeles García Gómez** por su tiempo y dedicación, por su ayuda y asesoría a lo largo de la realización de esta tesis.

A mis profesores que me han enseñado, educado e impartido cada una de las materias de la licenciatura. Gracias a ustedes hoy puedo formarme con una educación profesional.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo quiero dedicárselo completamente a **mi madre Rosy**, que todo lo que he hecho hasta este punto de mi vida ha sido por ti. Tu valor como mujer y tu expresión en mi vida me han convertido en lo que soy. Por ti no me he derrumbado y tu lección de vida como madre e hijo que pudiste darme es que siempre debemos seguir siendo nosotros mismos y demostrar que nadie, ni siquiera los más cercanos a nosotros doblegaran nuestra fortaleza.

Este trabajo también es dedicado a ti **hermano David** (Bicho), quien me ha enseñado los mejores pasos para sobrellevar esta vida, que con tu camino me expresas enseñanza y entendimiento. Siempre has sido mi mayor motivo para no rendirme en esta vida. Las reglas de tu existencia mueven los hilos de mi realidad, eres sin duda el mejor hombre que conozco y te doy las gracias por siempre estar ahí conmigo.

Dedicado a **mi abuelita Rosa y mi abuelito Keko**, mis dos pilares que son fundamentales en la estabilidad de mi vida. Por ustedes he conseguido varios logros en mi vida y sin duda siempre han estado conmigo apoyándome incondicionalmente en cada momento de mi vida. Gracias por ser luz en mi camino.

También y para nada menos importante a ti **Madison Torres**, gracias a ti **mi vida** tomo un camino lleno de felicidad y valentía en una etapa muy difícil. Llegaste en el momento adecuado para demostrarme con tu paz y cariño lo que una persona puede hacer por amor. Te amo.

Mi mejor amigo Axel Contreras, que por tu guía en diversas áreas y discusiones de conocimiento en general me han otorgado nuevas formas de pensamiento.

A mi mejor amiga Carmen Acuña, gracias a ti la definición de bondad, humildad y sobre todo tu optimismo me cambiaron completamente y me has ayudado, te quiero.

A mis amigas Natalia Espinosa, Fabiola Limón, Nefte Yañez, Mariana Guitierrez, Vicky Mancilla y mis amigos Emmanuel Torres, Agustín Salvador y Esteban Bazaldua. Los quiero y estimaré por siempre.

ÍNDICE GENERAL

1.RESUMEN.....	5
2.INTRODUCCIÓN.....	6
3.ANTECEDENTES.....	8
4.PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN.....	10
5.OBJETIVO GENERAL.....	11
6.OBJETIVOS PARTICULARES.....	11
7.MATERIALES Y MÉTODOS.....	11
8.RESULTADOS.....	13
9.DISCUSIÓN.....	32
10.CONCLUSIONES.....	36
11.ANEXOS.....	37
12.LITERATURA CITADA.....	44

1. RESUMEN

Los corales son organismos coloniales bentónicos presentes en el filo Cnidaria dentro de la subclase Hexacorallia, orden Scleractinia. Se ha manifestado varios problemas relacionados al holobionte del coral con enfoque en microorganismos bacterianos, fúngicos y virales. Los virus son agentes infecciosos que pueden intervenir en cualquier tipo de célula, un tamaño aproximado de 20-300 nm formados por una o varias moléculas de ácidos nucleicos que constituyen un genoma de DNA o RNA. Estos virus se han estudiado por la importancia como regulador de comunidades de fitoplancton en ambientes marinos y como posibles agentes causales de enfermedades en corales escleractinios. Se realizó una búsqueda exhaustiva en la literatura científica sobre temas de virus que estén relacionados con especies de corales escleractinios hermatípicos haciendo uso de bases de datos como Scielo, Scopus, BIDI UNAM y Google Scholar con criterios de expresión "Coral, Reef Corals, Virus host, Virus interaction, Coral-Virus, Interaction Coral-Virus. Holobiont Coral, Microbiota Corals y Healthy Corals", de literatura experimental y de revisión (diferentes idiomas), artículos de apoyo al marco teórico, libros ecosistemas marinos y arrecifes de coral y tesis del tema de investigación. Se revisaron un total de 50 artículos científicos publicados sobre el tema de interacción Virus-Coral, incluyendo los de índole experimental, de revisión, tesis de grado y otros trabajos sobre el tema. En la mayoría de los trabajos sólo se reportan partículas parecidas a virus (VLP). Hasta el momento se han reportado 19 familias de virus en 49 especies de corales hermatípicos, siendo la familia Phycodnaviridae la más común, y la especie de coral con más familias de virus reportadas es *Acropora millepora*. Las familias de virus reportadas en más especies de corales hermatípicos son: Phycodnaviridae (26spp) > Retroviridae (15spp) > Mimiviridae (14spp). Las especies de coral con más familias de virus reportadas son: *Acropora millepora* (13) > *Pocillopora acuta* (12) y *Galaxea fascicularis* (12) > *Porites lutea* (11). No existen trabajos publicados para México que reporten virus en corales hermatípicos. Sin embargo, varias de las especies de corales de este trabajo tienen distribución en nuestro país, con un total de 5 especies para el Pacífico mexicano y 11 para el Golfo de México.

2. INTRODUCCIÓN

Los corales escleractinios son organismos coloniales bentónicos pertenecientes al Filo Cnidaria dentro de la subclase Hexacorallia, orden Scleractinia (Brusca y Brusca, 2005). Se diferencia al resto de cnidarios por la ausencia del estadio medusa, tienen un arreglo septal en múltiplo de seis y la capacidad de formar un exoesqueleto de carbonato de calcio, que, en el caso de los hermatípicos, depositan una gran cantidad por la asociación con endosimbiontes dinoflagelados llamados zooxantelas. Esta última característica es importante ya que el carbonato de calcio es el principal material con lo que se construyen los arrecifes de coral, hábitats que por su estructura, tamaño y función natural albergan una gran diversidad de seres vivos (Sánchez y López-Angarita, 2012). Los arrecifes coralinos tropicales son los ecosistemas más biodiversos del planeta a pesar del escaso aporte de nutrientes que reciben del entorno.; son altamente productivos y tienen una diversidad funcional muy compleja (Lewis, 1977). Cuando se habla de biodiversidad en los arrecifes de coral, se sustenta en la mayoría de los casos a las especies macroscópicas. Sin embargo, la vida microscópica es igual o más diversa e importante, pero no así documentada científicamente. En la columna de agua se encuentran diferentes microorganismos muy importantes de los cuales destacan el zooplancton como crustáceos, larvas de equinodermos, moluscos, rotíferos, larvas de peces, entre otros; y el fitoplancton como diatomeas, algas verde-azules, algas pardas y dinoflagelados (Torres et al., 2006). Además, existe la presencia de una gran diversidad de bacterias, hongos y virus que residen en el ecosistema arrecifal y que forman parte del microbioma del coral. Dentro de estos microorganismos, las zooxantelas (principalmente del género *Symbiodinium* Freudenthal, 1962) tienen la capacidad de formar estrechas relaciones endosimbióticas con el organismo coralino; Son microorganismos dinoflagelados importantes debido a que por fotosíntesis producen hasta el 95% de sus azúcares en el tejido del coral, proporcionando la energía necesaria para crecer en ambientes oligotróficos y ser los principales constructores arrecifales (Chávez e Hidalgo, 1987). Estos simbiontes comensales o mutualistas contribuyen con diferentes funciones relacionadas al metabolismo de sus hospederos, como la obtención de energía, fijación de nitrógeno y la eliminación de agentes patógenos de la microcapa de la superficie del coral (Paul et al., 1986). Este conjunto de microorganismos forma el holobionte coralino, que es una entidad formada por la asociación de diferentes especies, formando comunidades ecológicas diversas (Sánchez y López-Angarita, 2012). De esta forma, se plantea al coral como un holobionte que sirve de lugar y hábitat estableciendo una asociación con más de un grupo taxonómico (Klaus et al., 2007).

La gran diversidad de zooxantelas endosimbiontes con su posterior descubrimiento, así como también de microorganismos asociados en el tejido del coral (moco coralino y esqueleto) ha llevado a la microbiología introducirse en el área de la ecología de corales, y diferentes investigaciones han sido desarrollados para identificar el funcionamiento de estos microorganismos en la biología del coral (Bourne et al., 2008). Actualmente se tiene descrita una variedad de estos socios del holobionte del coral, destacando entre ellos a los virus, los cuales son poco mencionados en las investigaciones. Los virus son agentes infecciosos que pueden intervenir en cualquier tipo de célula, tienen un tamaño aproximado entre 20-300 nm y están formados por una o varias moléculas de ácidos nucleicos que constituyen un genoma de DNA o RNA. Estos virus presentan una cubierta de proteínas denominada cápside (la cápside está recubierta por una membrana) La cápside encapsula al genoma, la cual puede formar estructuras filamentosas con forma de hélice o cápsides más esféricas e icosaédricas (López-Goñi, 2020). Los virus de RNA se replican en el citoplasma de las células del organismo hospedero, mientras que los virus de DNA se replican comúnmente en el núcleo de las células. Los genomas de cada virus pueden ser de cadena sencilla o cadena doble y esto dependerá del tipo específico de virus (Campbell y Reece, 2007). El papel de los virus es únicamente como parásitos, ya que no llevan a cabo procesos metabólicos como en las células, por lo que tienen un metabolismo inherente y pueden ser altamente específicos hacia una sola especie de hospedero, mientras que otros virus pueden infectar a más de una especie, reproduciéndose por alguno de los tipos de replicación lisogénica, crónica y/o lítica (Azucero, 2007). La mayor parte de la virología marina se ha centrado en los sistemas pelágicos de mar abierto y los mares costeros templados, pero la virología de los arrecifes de coral ha comenzado a llamar la atención hasta final de la década de 1980 (van Oppen et al., 2009). Conforme a diversas investigaciones los virus pueden presentar rastros de su código genético en la microcapa de la superficie del coral (CSM), por lo que parecen ser más diversos que los que están asociados con los tejidos de coral, quizás debido al enriquecimiento con virus de la columna de agua o de los demás microorganismos que viven también en esa parte del coral (Vega Thurber et al., 2017). Hay virus que se han asociado a corales, los cuales pertenecen a las familias Phycodnaviridae, Mimiviridae (NCLDV) y Herpesviridae (Vega Thurber et al., 2017). La familia Phycodnaviridae es un grupo de virus con un genoma de DNA de doble cadena de tamaño entre 160-180 kilo pares de bases (kpb) y morfología icosaédrica, tienen una envoltura membranosa con una capa lipídica interna y afectan principalmente a algas eucariotas (Van Etten et al., 2002). La familia Mimiviridae (NCLDV) son virus de gran

tamaño que poseen DNA de cadena doble con un cápside de entre 400 y 500 nm de diámetro, genomas de 1 181 404 pb y aproximadamente 911 marcos de lectura abierta (ORF's por sus siglas en inglés) (Shors, 2009). La familia Herpesviridae se caracteriza por tener una cápside icosaédrica de 162 capsómeros, con un genoma de DNA de doble cadena de 120 a 250 kpb y con una fase productiva donde se producen múltiples copias virales seguida de una fase latente donde los viriones permanecen latentes dentro de las células hospederas evitando el reconocimiento inmune, pero pueden reactivarse para propagar la infección de otras células dando lugar a una nueva fase productiva (Bascones-Martínez y Pousa-Castro, 2009). Estos virus coralinos o algales se han estudiado principalmente por la importancia dentro de los ecosistemas como regulador de comunidades de fitoplancton en ambientes marinos y recientemente como posibles agentes causales de enfermedades en corales escleractinios (Azuero, 2007). Estos virus pueden ser un factor principal que afecta la salud de corales, que probablemente esté relacionado con el estrés y el blanqueamiento del coral (Pollock et al., 2014), o incluso de ellos depende el éxito de supervivencia de alguna especie coralina. Sin embargo, el conocimiento que se tiene sobre la funcionalidad de los virus en los corales escleractinios es aún escaso.

3. ANTECEDENTES

Vega Thurber y colaboradores (2008) realizaron un análisis metagenómico incluyendo factores estresantes que inducen la producción de virus similares al herpes en el coral *Porites compressa*. Obtuvieron secuencias virales similares al herpes que se detectaban en ensayos preliminares en el coral, por lo que estos resultados apoyan la hipótesis de que los corales experimentan infecciones virales, que se pueden manifestar por el estrés ambiental, y que los virus similares al herpes son comunes en los cnidarios. El desarrollo del trabajo hecho por Messyasz y colaboradores (2020) demostraron que los metagenomas virales de los corales blanqueados tienen secuencias de virus eucariotas significativamente mayores, mientras que las secuencias de bacteriófagos son significativamente más abundantes en los metagenomas virales de colonias no blanqueadas y se plantea la hipótesis de que este genoma representa un miembro nuevo y filogenéticamente distinto de los NCLDV que es abundante en corales blanqueados, pero también está presente en corales aparentemente sanos, jugando un papel en el inicio y / o severidad del blanqueamiento de los corales. Seymour y colaboradores (2005) mostraron la dinámica espacial de partículas similares a virus y bacterias heterótrofas dentro de un sistema de

arrecifes de coral poco profundo. Observaron patrones que indican que las partículas similares a virus VLP representan una comunidad dinámica y abundante en los arrecifes de coral, que aparentemente están acoplados a la dinámica espacial de la comunidad de bacterioplancton y, como consecuencia, pueden influir significativamente en las tasas de ciclo de nutrientes y la estructura de la red alimentaria dentro de los ecosistemas de arrecifes de coral. Los ensayos hechos por Lawrence y colaboradores (2014) fueron enfocados a las zooxantelas examinando cultivos de *Symbiodinium* spp. in vitro para detectar la presencia de infecciones virales latentes. Usando citometría de flujo y microscopía electrónica encontraron infecciones virales que albergaban los cultivos de *Symbiodinium* spp. Además, estas infecciones virales podrían inducir, mediante estrés abiótico, la lisis de la célula hospedera y la disminución de la población de corales. Estos datos pueden proporcionar una explicación para algunas de las enfermedades que afectan a los corales. Estos resultados se suman al trabajo hecho por Patten y colaboradores (2008) que sugieren que los virus implicados dentro del tejido del coral, afectan a las zooxantelas y los microorganismos de la columna de agua que se encuentran cerca de los corales. Esto sugiere que los virus son un componente esencial en el holobionte del coral. Wilson y colaboradores (2001) aislaron un agente infeccioso a partir de zooxantelas de la anémona de mar templado *Anemonia viridis*, que es transferible y se cree que es un virus. Este patógeno es inducido a altas temperaturas, y se propone que las zooxantelas albergan virus de forma latente, los cuales son activados por la exposición a temperaturas elevadas, lo que contribuye a que la infección viral se propague o active también en zooxantelas albergadas por los corales de arrecife, y es posible que la infección viral contribuya al blanqueamiento inducido por la temperatura. Lohr y colaboradores (2007) evaluaron un virus filamentoso de zooxantela en cultivos de *Symbiodinium* spp., con exposición a luz UV, mostrando la formación y proliferación de VLP, este resultado proporcionó nueva información acerca de las infecciones latentes en las zooxantelas a través de mecanismos de inducción viral regulados ambientalmente.

Diferentes trabajos de revisión como van Oppen y colaboradores (2009) redactaron que los virus pueden tener componentes funcionalmente beneficiosos al holobionte de coral, destacando una importante relación mutualista con diferentes organismos acuáticos como los fagos que se encuentran en las cianobacterias marinas fotosintéticas que protegen a la célula de la fotoinhibición inducida por la luz. Vega Thurber y colaboradores (2011) informan que los virus están presentes sobre y dentro de los corales y que estos consorcios

comúnmente incluyen representantes de Herpesviridae, Phycodnaviridae, fagos y virus archaeal, mostrando un nuevo modelo de trabajo que postula que estos diferentes grupos virales se dirigen a hospederos distintos, que incluyen al coral en sí, sus algas endosimbióticas (*Symbiodinium* spp.) y su microbioma residente. Wood-Charlson y colaboradores (2015) describieron que los análisis para el aislamiento de ácidos nucleicos virales afectan drásticamente el ensamblaje viral observado y la interpretación de los resultados podría causar errores en la identificación del virus, así como también la pequeña cantidad de genomas virales de referencia disponibles, junto con longitudes de lectura de secuencias cortas. Sin embargo, con estas limitaciones los datos muestran que las comunidades virales asociadas con los corales son diversas, con virus de DNA y RNA de cadena doble y sencilla. Sweet y colaboradores (2016) mencionan que la evidencia creciente indica que las infecciones virales latentes pueden comprometer la integridad de los simbiontes de algas bajo estrés ambiental, involucrando la respuesta de blanqueamiento de coral. Los bacteriófagos y virus de fagos arqueales que son abundantes en el microbioma del coral juegan un papel en el control de las poblaciones bacterianas, por lo que estos virus ejercen cierto nivel de control sobre la composición y el mantenimiento del microbioma coralino. Vega Thurber y colaboradores (2017) desarrollaron una hipótesis que los virus de bacterias y eucariotas interactúan dinámicamente con sus hospederos en la columna de agua y con los corales escleractinios (pétreos) para influir en la dinámica de la comunidad microbiana, el blanqueamiento, las enfermedades de los corales y el ciclo biogeoquímico de los arrecifes. Con base en estos antecedentes, se pretende realizar una búsqueda exhaustiva de la literatura publicada acerca de la relación de los corales y los virus, para tratar de contestar las siguientes preguntas:

4. PREGUNTAS DE INVESTIGACIÓN

- ¿Cuáles son los temas en los que se enfocan las publicaciones científicas de Corales escleractinios hermatípicos vs Virus?
- ¿Cuáles virus y de qué tipo son las interacciones que forman con los corales Escleractinios hermatípicos?
- ¿Los virus asociados a corales escleractinios hermatípicos afectan la capacidad de supervivencia de un coral?

- ¿Los virus que infectan a las zooxantelas influyen en la eficiencia fotosintética y su permanencia dentro del coral?
- ¿Algunas de las enfermedades o síndromes en corales, son causadas por virus de forma directa o indirecta?
- ¿Qué virus son los que se relacionan con las especies mexicanas de corales escleractinios hermatípicos?

5. OBJETIVO GENERAL

- Realizar una actualización del conocimiento de la relación de corales hermatípicos escleractinios vs. virus, fundamentado desde el estado del arte.

6. OBJETIVOS PARTICULÁRES

- Realizar una clasificación temática de la literatura científica enfocada a corales escleractinios hermatípicos vs Virus.
- Realizar una lista de las especies de virus documentadas en corales escleractinios hermatípicos.
- Analizar la importancia de los virus en la supervivencia de los corales escleractinios hermatípicos, así como sus interacciones.
- Determinar las enfermedades y síndromes coralinos causados por virus.
- Determinar cuáles son los tipos de virus que se relacionan con corales escleractinios hermatípicos mexicanos.

7. MATERIALES Y MÉTODOS

Búsqueda y análisis específico de corales escleractinios hermatípicos

Se realizó una búsqueda exhaustiva en la literatura científica sobre temas de virus que estén relacionados con especies de corales escleractinios hermatípicos haciendo uso de bases de datos como Scielo, Scopus, BIDI UNAM y Google Scholar, para la elaboración de una lista taxonómica de corales escleractinios hermatípicos por cada trabajo recopilado en la relación específica-cora. Posteriormente se realizó un cuadro comparativo con los

siguientes criterios: tipos de virus, especies de corales en que se reporta, tipo de interacción (directa o indirecta), localidad, año de publicación y cita de la publicación. Cada investigación citada se dividió en secciones de acuerdo a los temas en que se relacionan los virus con los corales escleractinios hermatípicos de forma directa (afecta al coral) e indirecta (afecta a zonas no provenientes del coral). La expresión de búsqueda en el navegador de cada página se realizó con los siguientes puntos: “Coral o Coral Reefs” seguido de “Virus host o Virus interaction”, y también usando la interpretación de búsqueda como “Coral-Virus o Interaction Coral-Virus “. Se buscaron trabajos en un intervalo de tiempo entre 1990 a 2022 y se consideraron artículos publicados en inglés, artículos de apoyo al tema (aquellos que no hablan necesariamente del tema, pero sí aportan al marco teórico), libros referentes sobre ecosistemas marinos y arrecifes de coral y tesis exclusivamente que hablen sobre el tema de investigación. Se incluyeron trabajos principalmente con clasificación taxonómica a nivel de género y especie; los nombres científicos se actualizaron al recientemente aceptado de acuerdo al Registro Mundial de Especies Marinas (WoRMS, [http:// www.marinespecies.org](http://www.marinespecies.org)). Así también, se se elaboraron gráficas correspondientes a: a) curva de acumulación del número de publicaciones por año representativo de las relaciones de los virus y los corales escleractinios con los temas de análisis, y b) gráfica de pastel con el número de menciones totales de cada familia de virus por trabajo recopilado. Finalmente se hizo una tabla distintiva del número de familias de virus presentes en especies de corales escleractinios recabados de la literatura citada.

Cuadros taxonómicos de especies de corales escleractinios hermatípicos y familias de virus

Se desarrolló una lista taxonómica con cada una de las especies de corales escleractinios hermatípicos que se hayan manejado en cada una de los trabajos recopilados, describiendo cada uno a nivel de especie, y haciendo uso del Registro Mundial de Especies Marinas (WoRMS, [http:// www.marinespecies.org](http://www.marinespecies.org)) para colocar el nombre de cada especie correctamente.

De igual forma, se elaboró una lista taxonómica por cada familia mencionada en los trabajos recopilados, mencionados a nivel de familia de acuerdo a los nombres nuevos oficiales manejados por la clasificación del comité internacional de taxonomía de virus (por sus siglas en inglés ICTV) (<https://ictv.global/>), en las página oficial de NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) y en la página Viralzone (<https://viralzone.expasy.org/>).

Se desarrollaron fichas descriptivas de las familias con mayor número de menciones totales que han sido catalogadas por el Comité Internacional de Taxonomía de Virus (ICTV) con información de: nombre científico válido del virus (de acuerdo al ICTV), ubicación taxonómica, diagnóstico, grupo correspondiente en la clasificación de Baltimore, tipo de interacción con corales y otros organismos, mapa de distribución nacional y global, fotografía (en caso de que esté disponible) y observaciones particulares.

Reconocimiento de la interacción virus-coral para México

A partir de las especies de corales escleractinios reportadas en las investigaciones recabadas, se resaltó cada una de las especies descritas para México de acuerdo con los trabajos de Horta-Puga *et al.*, (1993) y Calderón (2006) con el fin de contribuir a un nuevo análisis de posible interacción virus-coral para especies de México.

8. RESULTADOS

Los diferentes informes acerca de la interacción virus y coral que se han reportado en los últimos años comprenden diversas y nuevas características sobre lo que ocurre en el medio coralino y en el coral. A partir de diferentes criterios específicos de tipos de virus con sus características morfológicas, corales que albergan dichos virus, puntos predominantes de cada una de las investigaciones, localidad, año de publicación con su correspondiente trabajo y posible interacción entre virus-coral puede mostrar avance significativo en el progreso de nuevo conocimiento entre la interacción virus-coral, ya sea de manera directa si la interacción es dirigida al coral o indirecta, si es perteneciente a alguna parte de su holobionte (p. e. zooxantelas o microbiota asociada a la superficie del coral o columna de agua) (Cuadro 1).

Cuadro 1. Criterios descriptivos comparativos de 31 diferentes trabajos sobre Virus-Coral.

Tipos de virus y posibles características	Especies de corales en que se reporta y en zooxantelas	Información destacada	Localidad donde se reporta	Cita de la Literatura donde se reporta	Tipo de interacción (Directa o indirecta)
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus)	<i>Pavona danai</i>	Primera observación de VLP's dispuestas en zooxantelas y tejido blando de coral mediante el uso de microscopía electrónica de transmisión en corales estresados por choque térmico (32°C) y en condiciones favorables (25 °C).	Plymouth Tropical Marine en Plympton, Reino Unido con origen en la región del Indopacífico.	Wilson <i>et al.</i> , (2004) "An enemy within? Observations of virus-like particles in reef corals", <i>Coral reefs</i> , 24: 145-148	Posible interacción del tipo directa.

VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus)	<i>Acropora millepora</i>	Identificación por citometría de flujo se detectó VLP's significativamente mayor ($p < 0.05$) en los 4 cm más cercanos a la superficie del coral	Bahía de Nally en la Isla Magnetic, a 8 km del noreste de Australia y dentro del Parque Marino de la Gran Barrera de Coral.	Seymour <i>et al</i> , (2005) "Spatial dynamics of virus-like particles and heterotrophic bacteria within a shallow coral reef system", <i>Marine Ecology Progress Series</i> , 288: 1-8.	Posible interacción del tipo directa.
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) sin cola, hexagonales alrededor de 40 a 50 nm de diámetro y otros morfotipos (redondeados, en forma de varilla, en forma de gota y filamentosos).	<i>Pavona danai</i> , <i>Acropora muricata</i> y <i>Stylophora pistillata</i>	Observación por microscopía electrónica de transmisión y citometría de flujo los VLP's se identificaron en tejidos de coral, zooxantelas y agua circundante con lisis celular en tejido sano de coral, lo que puede ser posible la infección.	Organismos obtenidos del acuarista comercial Plymouth Tropical Marine (Plympton, Reino Unido) del Indopacífico	Davy <i>et al</i> , (2006) "Viruses: agents of coral disease?", <i>Diseases of Aquatic Organisms</i> , 69: 101-110	Posible infección del tipo directa.
Familia Phycodnaviridae. Especies usadas para análisis filogenéticos PxmN NC 008349 EhV- 86 NC 007346 EsV-1 NC 002687 CbV-PW1 U 32983 PBCV-1 U 32985 MpV-PB7 U 32979 MIB 99-2 AF 405591 BSB 99-2 AF 405588 BSA 99-6 AF 405582 SIA 99-1 AF 405590	<i>Orbicella annularis</i> , <i>Orbicella franksi</i> , <i>Montastraea cavernosa</i> , <i>Orbicella faveolata</i> <i>Colpophyllia natans</i> , <i>Porites astreoides</i> , <i>Porites furcata</i> , <i>Meandrina meandrites</i> , <i>Manicina areolata</i> , <i>Diploria labyrinthiformis</i> y <i>Agaricia tenuifolia</i> .	De acuerdo a la estandarización por PCR principalmente infectan a las zooxantelas del coral y pueden infectar tejido sano y enfermo de las especies de coral, aunque esto aún no se comprueba.	Diferentes arrecifes del Caribe como los arrecifes de Montañita, Tesoro Simac y Palo; islas del Rosario, Playa Blanca; Rodadero, Wild Life Terraza costado Sur-Occidental; Isla de San Andres y Memphis Island; Islas de Trinidad y Tobago.	Azuero, E. B., (2007) Detección de virus en tejidos sanos y enfermos en diferentes especies de corales en el Caribe, Tesis para obtener el título de licenciado en Biología, Universidad de los Andes, Facultad de ciencias.	Infección latente del tipo directa (falta más datos para corroborar).
Virus filamentosos de zooxantela 1 (ZFV 1)	16 cepas de Zooxantelas del género Symbiodinium de una variedad de cnidarios (anémonas) y de la especie <i>Acropora muricata</i> .	La microscopía electrónica de transmisión y la citometría de flujo analítica revelaron la presencia de un nuevo grupo de partículas similares a virus filamentosos distintivos después de la exposición de las zooxantelas a la luz ultravioleta. El examen de secciones delgadas de las zooxantelas reveló la formación y proliferación de partículas	Organismos obtenidos de Marine Biological Association	Lohr <i>et al</i> , (2007) "Characterization of a Latent Virus-Like Infection of Symbiotic Zooxanthellae", <i>Appl. Environ. Microbio</i> , 73 (9): 2976-2981.	Posible infección del tipo indirecta.

		similares a virus filamentosos en las células inducidas por UV.			
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) dentro de 5 grupos morfológicos principales, incluidos los bacteriófagos con cola, las VLP poliédricas, filamentosas y con forma de limón, con diferentes longitudes (entre 30-60 nm).	<i>Acropora muricata</i> , <i>Porites lutea</i> , <i>Porites lobata</i> y <i>Porites australiensis</i>	De acuerdo a las diferentes estructuras morfológicas virales observadas mediante microscopía electrónica de transmisión, las VLP poliédricas dominaron la CSM de <i>A. muricata</i> y <i>Porites spp.</i> , con un total de 29,4% y el 26,9% de las VLP's totales, respectivamente. Los bacteriófagos de cola comprendieron <6% del total de VLP's dentro del CSM tanto de <i>A. muricata</i> como de <i>Porites spp.</i> Las VLP filamentosas (FVLP) de diferentes longitudes y anchos representaron hasta el 19,9% del total de las VLP's de CSM, sin diferencias significativas entre las muestras de CSM y el agua suprayacente. Las VLP únicas, sin distinción de clasificación en ningún grupo morfológico viral conocido, representaban del 1,2 al 11,7% del total de VLP's dentro del CSM y estaban ausentes del agua suprayacente. Esto sugiere que la mayoría de los morfotipos de CSM eran específicos del micro-nicho de CSM.	Los ejemplares fueron obtenidos en el arrecife de Heron, en la Gran Barrera de Arrecifes de Coral, al sur de Australia.	Davy y Patten (2007) "Morphological diversity of virus-like particles within the surface microlayer of scleractinian corals", <i>Aquat Microb Ecol</i> 47: 37-44.	Posible infección del tipo directa.
Familia de fagos denominados "Microfagos de ssDNA", cianofagos y virus eucarióticos de la familia Iridoviridae virus con una morfología con una cápside icosaédrica regular sin cola con un diámetro de entre 25 y 30 nm.	<i>Porites astreoides</i>	El trabajo fue realizado mediante un procedimiento de fraccionamiento para separar diferentes bacterias, mitocondrias y virus de células del coral y zooxantelas. El DNA metagenómico resultante se secuenció usando pirosecuenciación. Los hongos, las bacterias y los fagos fueron los organismos más comúnmente identificados en el metagenoma. La familia de fagos más abundante fue el Microfago de ssDNA y la mayoría de los virus eucariotas estaban estrechamente relacionados con los que se sabe infectan a los organismos acuáticos, lo que proporciona una instantánea metabólica y taxonómica de los microorganismos asociados con el coral formador de arrecifes <i>Porites astreoides</i> y presenta una base para comprender cómo las interacciones coral-microbiano	La especie de coral fue obtenida de la región de Bocas de Toro en Panamá.	Wegley <i>et al</i> , (2007) "Metagenomic analysis of the microbial community associated with the coral <i>Porites astreoides</i> ", <i>Environmental Microbiology</i> , 9 (11): 2707-2719	Posibilidad de infección al igual que protección con una interacción del tipo indirecta

		estructuran el holobionte y los arrecifes de coral.			
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) icosaédricas, filamentosas (FVLP) y fagos. No hubo diferencias claras en el tamaño, morfología o ubicación de las VLP dentro del tejidos. El morfotipo de VLP más común exhibió simetría icosaédrica, 120-150 nm de diámetro, con un núcleo denso en electrones y una membrana electronlúcida.	<i>Acropora muricata</i>	A través de microscopía electrónica de transmisión y citometría de flujo se observó que las VLP's se asocian al tejido gastrodémico, epidérmico y poco en mesoglea. Las VLP se produjeron como entidades individuales, en grupos densos, como partículas libres dentro de los tejidos de coral o dentro de las vacuolas unidas a la membrana. Se observaban comúnmente dentro de la región perinuclear, con mitocondrias, aparato de Golgi y partículas en forma de media luna.	Organismos provenientes de las Islas Heron y Lizard, al sureste y noreste de la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia	Patten <i>et al</i> , (2008) "Prevalence of virus-like particles within a staghorn scleractinian coral (<i>Acropora muricata</i>) from the Great Barrier Reef", <i>Coral Reefs</i> , 27: 569-580.	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).
Familia Herpesviridae (Secuencias virales similares al herpes)	<i>Porites compressa</i>	Por combinación metagenómica viral empírica y PCR en tiempo real se pudo identificar secuencias similares a virus de la familia herpesviridae. El consorcio viral asociado a los corales cambia en respuesta a los factores estresantes abióticos. En particular, cuando se expone a pH reducido, nutrientes elevados y estrés térmico, la abundancia de secuencias virales similares al herpes aumenta, principalmente en tejido epidérmico y gastrodémico.	Muestra del Refugio del Laboratorio Marino de Hawai'i. Especie endémica del archipiélago hawaiano y es la especie de coral dominante en los arrecifes de la bahía de Kane'ohe, donde se encuentran la isla Coconut y el Instituto de Biología Marina de Hawai en Estados Unidos de América	Thurber <i>et al</i> , (2008) "Metagenomic analysis indicates that stressors induce production of herpes-like viruses in the coral <i>Porites compressa</i> ", <i>PNAS</i> , 105 (47): 18413-18418	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).
Familia Herpesviridae (Secuencias similares al herpes), virus similares que infectan plantas y algas, cianófagos y vibriófagos.	<i>Pseudodiploria strigosa</i>	Mediante la estandarización de microscopía de fluorescencia, los virus asociados a los corales en tejido superficial y holobionte coralino podrían potencialmente infectar todos los componentes del mismo: coral, algas y microbios.	Arrecife de la bahía de Mount Irvine, en Buccoo, Tobago.	Marhaver <i>et al</i> , (2008) "Viral communities associated with healthy and bleaching corals", <i>Environmental Microbiology</i> , 10 (9): 2277-2286.	Posible infección del tipo directa.
Fagos, F8 Fagos, B1 Fagos y pH Fagos	<i>Porites compressa</i>	Solo se hace mención que los metagenomas disponibles tienen genes implicados en el metabolismo de DMSP (Dimetilsulfoniopropionato) y son abundantes en el componente viral de los metagenomas	Norte de la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia en los arrecifes de Kingman y Kiritimati	Raina <i>et al</i> , (2010) "Do the organic sulfur compounds DMSP and DMS drive coral microbial	Posible interacción del tipo directa (a considerar para nuevos estudios).

		derivados de los arrecifes de coral, lo que indica que los virus pueden actuar como reservorios de dichos genes.		associations?", <i>Trends in Microbiology</i> , 18 (3): 101-108.	
Enterovirus y Adenovirus	<i>Siderastrea spp</i> y <i>Porites astreoides</i>	Para la detección de bacterias indicadoras de heces (Coliformes fecales, enterococos y <i>Clostridium perfringens</i>) y virus entéricos específicos para humanos (RNA de enterovirus y DNA de adenovirus) se realizó la reacción en cadena de la polimerasa anidada (RT-PCR). Se detectó la presencia de adenovirus en 37 de 75 muestras recolectadas (49,3%) y, por otro lado, los enterovirus solo se encontraron en 8 de 75 muestras (10,7%). Ambos virus fueron detectados con el doble de frecuencia en las especies de corales en comparación con las aguas superficiales o subterráneas. En alta mar, la probabilidad de que los virus se encontraran en las aguas subterráneas era mayor, especialmente durante la temporada de verano húmedo. Estos datos sugieren que el agua subterránea contaminada puede estar moviéndose hacia el ambiente exterior del arrecife en los Cayos de Florida.	Las muestras fueron recolectadas a lo largo del arrecife principal de los Cayos de Florida, con un largo de un transecto de 10 km cerca de Key Largo, Florida Estados Unidos de América. Las muestras se recolectaron semestralmente entre julio de 2003 y septiembre de 2005.	Futch <i>et al</i> , (2010) "Human enteric viruses in groundwater indicate offshore transport of human sewage to coral reefs of the Upper Florida Keys", <i>Environmental Microbiology</i> , 12(4): 964–974	Posible interacción infecciosa del tipo directo.
Predominantemente la familia Microviridae, seguido de Circoviridae, Nanoviridae, Myoviridae, Podoviridae, Mimiviridae, Phycodnaviridae, Poxviridae, Baculoviridae, Siphoviridae, Geminiviridae, Tombusviridae y Satellites (Secuencias similares)	<i>Acropora millepora</i>	Se analiza que la elevación en la proporción de Microviridae y el mayor número general de secuencias similares a virus en el metagenoma del coral blanqueado podrían indicar que estos virus no son socios beneficiosos, y que el blanqueamiento podría conducir a un estado de enfermedad.	Arrecife plano de Nelly Bay, Isla Magnética en la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia	Littman <i>et al</i> , (2011) "Metagenomic analysis of the coral holobiont during a natural bleaching event on the Great Barrier", <i>Environmental Microbiology Reports</i> , 3 (6): 651-660.	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).

VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) que se asemejan a Hepadnaviridae o virus de Hepatitis B por su forma de cola, algunos con simetría icosaédrica de 90 a 140 nm y sin forma de cola con un tamaño de virión.	<i>Acropora cytherea</i>	De acuerdo a la estandarización de la microscopía electrónica de transmisión se encontraron compuestos virales (VLP's) presentes en el citoplasma de células epidérmicas. Las imágenes de tejidos de <i>A. cytherea</i> parasitados por virus proporcionan más pruebas de que los corales son un objetivo de la infección viral, pero aún faltan más pruebas.	Muestras recolectadas en el Área Marina Protegida Hon Mun en Vietnam.	Bettarel <i>et al</i> , (2012) "Observation of virus-like particles in thin sections of the bleaching scleractinian coral <i>Acropora cytherea</i> ", <i>Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom</i> , 93 (4): 909-912.	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).
Presencia de RNA β ss (monocatenario) transcrito y genes similares al virus DNA ds (bicatenario) en viromas de DNA complementario (Dinornavirus Virus β RNAsp Heterocapsa circularisquama) y Phycodnaviridae	<i>Montastraea cavernosa</i> y cultivos de Symbiodinium	De acuerdo a pruebas PCR clean up se presenta la primera evidencia genómica de virus asociados con Symbiodinium, basada en la presencia de RNA β ss (monocatenario) transcrito y genes similares al virus DNA ds (bicatenario) en viromas de DNA complementario del coral <i>Montastraea cavernosa</i> . Los nuevos virus están asociados con los endosimbiontes de algas de los corales. Si tales virus alteran Symbiodinium, es probable que afecten la flexibilidad y / o estabilidad de las simbiosis coral-algas y, por lo tanto, la salud y la resiliencia del arrecife a largo plazo.	Las muestras de <i>M. cavernosa</i> se obtuvieron de The Coral Rescue and Protection Program, en Key West Florida, Estados Unidos de América.	Correa <i>et al</i> , (2013) "Unique nucleocytoplasmic dsDNA and β ssRNA viruses are associated with the dinoflagellate endosymbionts of corals", <i>The ISME Journal</i> , 7: 13-27	Infección latente del tipo indirecta (Hace falta más estudios para corroborar).
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) filamentosos	<i>Symbiodinium spp. (Dinophyta)</i>	Mediante microscopía electrónica se reveló la presencia de VLP's dentro de las células y se observaron varias morfologías diferentes; las más comunes son las VLP filamentosas. Sin embargo, la presencia de virus latentes inducibles en células Symbiodinium presenta otra amenaza potencial a considerar.	Los cultivos se obtuvieron de The National Center of Marine Algae and Microbiota (NCMA) Maine, Estados Unidos de América y del laboratorio Davy de la Universidad Victoria de Wellington, Nueva Zelanda.	Lawrence <i>et al</i> , (2014) "Latent virus-like infections are present in a diverse range of Symbiodinium spp. (Dinophyta)", <i>J. Phycol</i> , 50: 984-997	Posible infección del tipo directa (a considerar para nuevos estudios).
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus)	<i>Acropora hyacinthus</i>	El uso de microscopía electrónica de transmisión (TEM) en paralelo con citometría de flujo sirvió para comparar las comunidades virales asociadas	Las muestras de <i>Acropora Hyacinthus</i> fueron obtenidas de la Isla Lizard, en el	Pollock <i>et al</i> , (2014) "Abundance and morphology of virus-like particles	Infección latente del tipo directa (Hace falta más

		con tejidos visualmente sanos e infectados con el síndrome blanco. Se muestran asociaciones virales en tejidos visualmente sanos e infectados con el síndrome blanco (WS) del coral. Cambios en la comunidad viral en los corales infectados con WS que se caracterizaron por una mayor abundancia, un tamaño más pequeño y una morfología distinta de partículas similares a virus (VLP) en las lesiones de la enfermedad en relación con los tejidos sanos proporcionando criterios de diagnóstico para discriminar entre enfermedades de coral distintas.	Norte de la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia	associated with the coral <i>Acropora hyacinthus</i> differ between healthy and white syndrome-infected states”, <i>Mar. Ecol. Prog. Serv.</i> , 510: 39-43.	estudios para corroborar).
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus), SCSDV (similitudes de secuencia con los virus de DNA monocatenario que codifican Rep circular eucariota y sus satélites asociados), NCLDV (secuencias del virus de DNA grande nucleocitoplasmático) y herpesviridae	<i>Orbicella annularis</i>	El uso de de microscopía electrónica de transmisión (TEM) en combinación con pirosecuenciación 454, resaltaron partículas virales y las similitudes de secuencia con los virus de DNA monocatenario que codifican Rep circular eucariota y sus satélites asociados (SCSDV) fueron abundantes en los tejidos enfermos de coral blanqueado, pero no en tejido sano, lo que sugiere que los SCSDV podrían tener un papel en la enfermedad del blanqueamiento del coral. Además, las firmas de genes de Herpesviridae dominan los tejidos sanos, por lo que los virus similares al herpes infectan a todos los corales. Las secuencias del virus de DNA grande nucleocitoplasmático (NCLDV), fueron más comunes en los corales blanqueados, lo que implica además que estos virus NCLDV pueden tener un papel en el blanqueamiento.	Muestras de la Bahía de Brewers, en St Thomas Estados Unidos de América.	Soffer <i>et al</i> , (2014) “Potential role of viruses in white plague coral disease”, <i>The ISME Journal</i> , 8: 271-283.	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus)	<i>Pocillopora damicornis</i> y <i>Acropora tenuis</i>	El Proceso de amplificación utilizados fueron la tecnología RepliG® (QIAGEN) de amplificación de desplazamiento múltiple (MDA) basada en la polimerasa Phi29 y un enfoque de amplificación de cebador único independiente de secuencia mediada por cebador aleatorio modificado (RP-SISPA) antes de la amplificación por PCR para detectar genoma viral. Este nuevo método de base	Muestras del arrecife Trunk y de la bahía Pioneer frente a la Isla Orpheus en la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia	Weynberg <i>et al</i> , (2014) “Generating viral metagenomes from the coral holobiont”, <i>Frontiers in microbiology</i> , 5:1-11	Nuevo análisis viral del tipo directa

		<p>mecánica perfila una mayor diversidad de genomas de DNA y RNA, incluidos grupos de virus como los virus de retrotranscripción y ssRNA, que están ausentes de los metagenomas generados mediante métodos de base química. Además, presentan los primeros metagenomas virales de DNA y RNA emparejados del coral <i>Acropora tenuis</i>.</p>			
<p>VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) icosaédricas/ esféricas de 50-100nm.</p>	<p><i>Montipora capitata</i></p>	<p>Las muestras de la microcapa de superficie de coral (CSM) se analizaron mediante microscopía electrónica de transmisión (TEM). Para las abundancias relativas de morfotipos de partículas similares a virus (VLP) se correlacionaron con mediciones ambientales. Las proporciones relativas de varios tipos de VLP asociados con CSM, incluidos los fagos y las VLP filamentosas, se correlacionaron con la temperatura del agua, la turbidez y los niveles de clorofila a. En las muestras de agua de mar, la turbidez y la temperatura mostraron la correlación más fuerte, alterando la proporción de diferentes VLP's y supuestos virus Arqueales, entre otros. La composición general del consorcio de VLP difirió significativamente entre el CSM y el agua de mar solo en los sitios más degradados, lo que sugiere que la actividad humana puede estar afectando a los consorcios de virus asociados a los arrecifes de coral.</p>	<p>Muestras obtenidas de la cresta del arrecife del norte y los flancos orientales de Coconut Island, Kaneohe Bay, Oahu, Hawái, Estados Unidos.</p>	<p>Lawrence <i>et al</i>, (2015) "Influence of local environmental variables on the viral consortia associated with the coral <i>Montipora capitata</i> from Kaneohe Bay, Hawaii, USA", <i>Aquatic Microbial Ecology</i> 74(3): 251–262.</p>	
<p>VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) del moco coralino</p>	<p><i>Lithophyllon repanda</i> y <i>Acropora muricata</i></p>	<p>La estandarización por SYBR gold mediante microscopía de fluorescencia, posterior a ello visualización por microscopía electrónica de transmisión y PCR touchdown. La abundancia de las VLP's (inferida de los recuentos de epifluorescencia), las tasas de producción lítica (incubaciones de KCN) y la proporción de células lisogénicas (inducciones de mitomicina C) fueron más altas en el moco que en el agua circundante, lo que el moco de coral puede representar un hábitat muy favorable para la</p>	<p>Las muestras fueron recolectadas en la bahía de Nha Trang (Vietnam)</p>	<p>Nguyen-Kim <i>et al</i>, (2015) "Coral Mucus Is a Hot Spot for Viral Infections", <i>Applied and Environmental Microbiology</i>, 81(17): 5773-5783.</p>	<p>Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).</p>

		proliferación viral, promoviendo el desarrollo de fagos tanto templados como virulentos.			
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) del moco coralino	<i>Pavona spp.</i> , <i>Pavona decussata</i> , <i>Fungia fungites</i> , <i>Sandalolitha robusta</i> , <i>Goniastrea pectinata</i> , <i>Lobophyllia flabelliformis</i> , <i>Lobophyllia hemprichii</i> , <i>Pavona frondifera</i> , <i>Acropora hyacinthus</i> , <i>Acropora pulchra</i> , <i>Echinopora lamellosa</i> , <i>Favites pentagona</i> y <i>Platygyra carnosa</i> .	Gracias al estudio impuesto por la PCR touchdown se examinó la variabilidad en la abundancia de epibiontes virales y bacterianos. En general, la abundancia viral fue significativamente mayor en el moco de coral que en el agua circundante.	Muestras recolectadas de sitios diferentes en la bahía de Ha Long, Vietnam: una estación fuertemente afectada por la actividad antropogénica (Isla Cat Ba) y una estación marina protegida (Long Isla Chau)	Pham <i>et al</i> , (2015) "Coral-associated viruses and bacteria in the Ha Long Bay, Vietnam", <i>Aquatic Microbial Ecology</i> , 76: 149-161	Posible infección del tipo directa (a considerar en nuevos estudios).
Ácidos nucleicos virales (mención) y VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus).	<i>Orbicella faveolata</i>	Mención importancia inmunológica contra virus latentes del holobionte coralino. El transcriptoma de referencia de <i>O. faveolata</i> tiene muchos de los componentes conservados evolutivamente necesarios para la señalización RLR, presentando una vía putativa para guiar la investigación futura sobre las respuestas inmunitarias de los corales a la infección viral.	Se obtuvieron muestras a 10 m de profundidad en el arrecife Media Luna en La Parguera, Puerto Rico	Anderson <i>et al</i> , (2016) "RNA-Seq of the Caribbean reef-building coral <i>Orbicella faveolata</i> (Scleractinia-Merulinidae) under bleaching and disease stress expands models of coral innate immunity", <i>Peer J</i> , DOI 10.7717/peerj.1616	Nuevo acropora metanálisis viral del tipo indirecta.
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) incluidos virus que tenían un diámetro de ~70, 120 y ~150 nm; todas estas VLP contenían núcleos densos en electrones como megavirus de 300 a 500 nm, retrovirus,	<i>Acropora Áspera</i> , <i>Acropora millepora</i> y <i>Symbiodinium spp.</i>	Se observó mediante microscopía electrónica de transmisión tres de las VLP dominantes identificadas en todas las capas de tejido y brotando de la epidermis. También se observaron unas VLP similares a megavirus asociadas con células endosimbióticas de algas dinoflageladas (<i>Symbiodinium</i>). Las similitudes de secuencia con un gammaretrovirus, herpesvirus	Muestras obtenidas de the tidal reef flat off of Heron Island, Queensland, Australia	Correa <i>et al</i> , (2016) "Viral Outbreak in Corals Associated with an In Situ Bleaching Event: Atypical Herpes-Like Viruses and a New Megavirus Infecting <i>Symbiodinium</i> ", <i>Frontiers in Microbiology</i> ,	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).

herpesvirus, virus nucleocitoplasmáticos de ADN grande (NCLDV), gammaretrovirus, circovirus, fagos, virus filamentosos y probablemente Pyramimonas orientalis virus		y miembros de los NCLDV, corroboraron estas identificaciones basadas en la morfología. Además, se secuencian similitudes con dos genes de diagnóstico, un MutS y un gen de ADN polimerasa B, más parecido al virus <i>Pyramimonas orientalis</i> , lo que demuestra la asociación de un megavirus cosmopolita con Symbiodinium. Al igual que varias otras partículas similares a virus en los tejidos del huésped, junto con secuencias filogenéticamente similares a los circovirus, fagos y virus filamentosos.		7:127. doi: 10.3389/fmicb.2016.00127	
Virus de RNA monocatenario (ssRNA) y el virus de RNA de <i>Heterocapsa circularisquama</i> (HcRNAV)	<i>Porites lutea</i> , <i>Acropora tenuis</i> , <i>Acropora hyacinthus</i> , <i>Acropora Millepora</i> , <i>Fungia fungites</i> , <i>Galaxea fascicularis</i> , <i>Coelastrea áspera</i> , <i>Pocillopora damicornis</i> , <i>Porites cylindrica</i> y <i>Symbiodinium spp.</i>	El análisis mediante PCR mostró que el 99,8% de las lecturas tenían la afinidad taxonómica más cercana con el gen MCP del virus, el virus de RNA de <i>Heterocapsa circularisquama</i> (HcRNAV) conocido por infectar dinoflagelados, lo que indica que los virus similares a dinornavirus se asocian comúnmente con las especies de corales estudiados. El análisis filogenético de las secuencias del gen MCP tiene una fuerte especificidad de especies de coral de las unidades de taxón operacional viral (OTU).	Muestras obtenidas del arrecife Davies y de la Isla Orpheus en Australia.	Montalvo-Proaño <i>et al.</i> , (2017) "A PCR-Based Assay Targeting the Major Capsid Protein Gene of a Dinornna-Like ssRNA Virus That Infects Coral Photosymbionts", <i>Frontiers in Microbiology</i> , 8:1665. doi: 10.3389/fmicb.2017.01665	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).
Ensamblajes virales de DNA y RNA de bacteriófagos con cola de Caudovirales, los virus ssDNA, especialmente los Microviridae, Iridoviridae, Phycodnaviridae, Mimiviridae, Poxviridae, Retroviridae, Alvernaviridae y Polydnaviridae	<i>Acropora tenuis</i> , <i>Fungia fungites</i> , <i>Coelastrea áspera</i> , <i>Galaxea fascicularis</i> , <i>Pocillopora verrucosa</i> , <i>Pocillopora damicornis</i> y <i>Pocillopora acuta</i>	Por medio de la PCR funcional indicó que existe en el tejido del coral (epidermis) una alta prevalencia de genes asociados a la latencia en los ensamblajes virales asociados al coral, varios genes metabólicos auxiliares (AMG) que son derivados del hospedador para la fotosíntesis (genes que codifican proteínas para el fotosistema II).	Muestras recolectadas en el arrecife de Trunk y en el arrecife de Davies a 120 km de la Isla Orpheus, en la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia	Weynberg <i>et al.</i> , (2017) "Coral-associated viral communities show high levels of diversity and host auxiliary functions", <i>Peer J</i> , DOI 10.7717/peerj.4054	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).
Virus dsDNA pertenecientes a Mimiviridae, Caudovirales y Phycodnaviridae y virus ssDNA	<i>Pocillopora acuta</i> y <i>Porites Lutea</i>	Los corales albergan ensamblajes virales específicos de cada especie con una baja identidad de secuencia con los genomas virales conocidos. Los genes virales centrales	Las muestras fueron obtenidas de la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia,	Laffy <i>et al.</i> , (2018) "Reef Invertebrate Viromics: Diversity, Host-Specificity & Functional	Posible infección del tipo directa (a considerar para más estudios).

pertenecientes a Circoviridae, Parvoviridae, Birnnaviridae y Microviridae		involucrados en la formación de la cápside, la estructura de la cola y los mecanismos de infección se observaron en todas las muestras de arrecife.	cerca de la Isla Orpheus	Capacity”, ‘Accepted Article’, doi: 10.1111/1462-2920.14110	
Bacteriofago virulento B_VspP_SBP1 de la familia Podoviridae	Solo se menciona que fue un coral.	El trabajo se realizó en una cepa de <i>Vibrio owensii</i> del tejido epidémico de Coral. No se menciona la relación que pueda tener, sin embargo, esta familia de virus se ha registrado como posible causante de infección viral en tejido de coral.	Se obtuvo de la bahía de Sanya, en el mar de China parte Meridional.	Sun <i>et al</i> , (2019) “Characterization, complete genome and proteome of a bacteriophage infecting a coral-derived <i>Vibrio</i> strain”, <i>Marine Genomics</i> , 47: 100674	Nuevo análisis viral del tipo de interacción indirecta.
Virus nucleocitoplasmáticos de DNA grande (NCLDV), bacteriófagos y posible nuevo virus del coral dsDNA.	<i>Pocillopora spp.</i>	Los metagenomas virales de los corales blanqueados tienen secuencias de virus eucariotas significativamente mayores, mientras que las secuencias de bacteriófagos son significativamente más abundantes en los metagenomas virales de colonias no blanqueadas. Se inicia el primer ensamblaje del genoma eucariota del virus del coral dsDNA que a partir de imágenes EM y nuestras anotaciones taxonómicas de las secuencias del metagenoma viral, se plantea la hipótesis de que este genoma representa un miembro nuevo y filogenéticamente distinto de los NCLDV. Este NCLDV es abundante en corales blanqueados, pero también está presente en corales aparentemente sanos, lo que sugiere que juega un papel en el inicio y / o severidad del blanqueamiento de los corales.	Muestras de los arrecifes de la Isla de Mo’orea, Polinesia Francesa.	Messyasz <i>et al</i> , (2020) “Coral Bleaching Phenotypes Associated With Differential Abundances of Nucleocytoplasmic Large DNA Viruses”, <i>Frontiers in Marine Science</i> , 7:555474. doi: 10.3389/fmars.2020.555474	Infección latente del tipo directa (Hace falta más estudios para corroborar).
Mimiviridae, Phycodnaviridae Myoviridae, Siphoviridae, Hepadnaviridae y Retroviridae	<i>Acanthastrea echinata</i> , <i>Acropora cytherea</i> , <i>Diploastrea heliopora</i> , <i>Fungia sp.</i> , <i>Galaxea fascicularis</i> , <i>Mycedium elephantotus</i> , <i>Pachyseris speciosa</i> , <i>Pavona varians</i> , <i>Plerogyra</i>	Los virus asociados a los corales a través de una encuesta metagenómica y metatranscriptómica determinaron que la composición viral del DNA y RNA fue diferente entre los huéspedes de coral y los rasgos biológicos como la estrategia del ciclo de vida del coral que se correlacionaron con patrones de diversidad viral. Los genes implicados en la virulencia bacteriana y los genes metabólicos auxiliares fueron comunes entre las secuencias	Recolección en el arrecife Al Fahal en el centro del mar Rojo.	Cárdenas <i>et al</i> , (2020) “Coral-Associated Viral Assemblages From the Central Red Sea Align With Host Species and Contribute to Holobiont Genetic Diversity”, <i>Frontiers in Microbiology</i> , 11:572534.	Infección latente del tipo indirecta (Hace falta más estudios para corroborar).

	<i>sinuosa</i> , <i>Pocillopora</i> <i>verrucosa</i> , <i>Porites lutea</i> y <i>Stylophora</i> <i>pistillata</i>	virales, lo que corrobora la contribución de los virus a la diversidad genética del holobionte.		doi: 10.3389/fmicb.2020.572534	
VLP's (virus like-particles o partículas similares a virus) con cápsidas icosaédricas de 186 electrones densos con un tamaño de 110-170 nm de dinoRNAV	<i>Pocillopora spp.</i>	Primer análisis temporal de un linaje viral de 'dinoRNAV' donde se detectaron 124 'aminotipos' (secuencias de aminoácidos únicos) de la proteína de la cápside principal de dinoRNAV en el coral. Diecisiete aminotipos de dinoRNAV se encontraron sólo en fragmentos tratados térmicamente, y 22 aminotipos se detectaron en abundancias relativas más altas en fragmentos tratados térmicamente exhibiendo una mayor diversidad alfa y dispersión bajo estrés por calor, proporcionando la primera evidencia empírica de que la exposición a altas temperaturas provoca que algunos dinoRNAV cambien de un modo de infección persistente a uno productivo dentro de los corales estresados por el calor.	Uso de muestras pertenecientes a la Universidad de Rice, en Houston Texas, Estados Unidos de América.	Grupstra <i>et al</i> , (2022) "Thermal stress triggers productive viral infection of a key coral reef symbiont", <i>ISME J</i> , doi: 10.1038/s41396-022-01194-y.	Posible infección vírica latente, nueva hipótesis de la relación y a corroborar con más estudios.

Se describen en total, de todos los trabajos recopilados, 49 especies de corales escleractinios distribuidos en 29 géneros y 14 familias (Tabla 1). Las especies de corales escleractinios reportadas para cada una de las investigaciones fueron recolectadas principalmente de la Gran Barrera de Arrecifes de Coral en Australia con un total de 30 especies siendo *Acropora millepora*, *Porites lutea*, *Pocillopora damicornis* y *Acropora tenuis* las especies con un mayor número de estudios. Para Vietnam con 16 especies siendo *Acropora cytherea*, *Fungia fungites* y *Acropora hyacinthus* mayormente estudiados., la zona del Caribe un total de 14 especies con *Orbicella faveolata* y *Porites astreoides* más estudiados y para el Mar Rojo 12 especies con *Acropora cytherea*, *Pocillopora verrucosa* y *Porites lutea*. Para las demás zonas fueron propiamente menos especies recolectadas, Estados Unidos de América con un total de 6, Reino Unido con 4 especies, Polinesia Francesa solamente 1 especie, en el mar de China 1 especie y 1 especie pertenecientes de Marine Biological Association (Tabla 1). Estos estudios fueron registrados entre los años 1993 y 2022 conforme a lo descrito en el presente trabajo; el recuento de investigaciones sobre el análisis de la interacción virus-coral ha ido en aumento en las últimas 2 décadas,

lo que ha contribuido a ampliar el panorama en el que se encuentra el tema con su propio lugar de desarrollo (país exactamente), esto para proporcionar una mejor descripción de las zonas con mayor impacto del estudio virus-coral. (Figura 1).

Tabla 1. Listado taxonómico de especies de corales escleractinios hermatípicos reportados en los diferentes estudios de la relación virus-coral.

Filo: Cnidaria
Clase: Anthozoa
Subclase: Hexacorallia
Orden: Scleractinia
Familia: Acroporidae
Género: Acropora
<i>Acropora millepora</i> (Ehrenberg, 1834)
<i>Acropora muricata</i> (Linnaeus, 1758)
<i>Acropora hyacinthus</i> (Dana, 1846)
<i>Acropora tenuis</i> (Dana, 1846)
<i>Acropora aspera</i> (Dana, 1846)
<i>Acropora cytherea</i> (Dana, 1846)
<i>Acropora pulchra</i> (Brook, 1891)
Género: Montipora
<i>Montipora capitata</i> (Dana, 1846)
Familia: Poritidae
Género: Porites
<i>Porites lutea</i> (Milne Edwards & Haime, 1851)
<i>Porites lobata</i> (Dana, 1846)
<i>Porites australiensis</i> (Vaughan, 1918)
<i>Porites compressa</i> (Dana, 1846)
<i>Porites cylindrica</i> (Dana, 1846)
<i>Porites astreoides</i> (Lamarck, 1816)
<i>Porites furcata</i> (Lamarck, 1816)
Familia: Pocilloporidae
Género: Pocillopora
<i>Pocillopora damicornis</i> (Linnaeus, 1758)
<i>Pocillopora verrucosa</i> (Ellis & Solander, 1786)
<i>Pocillopora acuta</i> (Lamarck, 1816)
Género: Stylophora
<i>Stylophora pistillata</i> (Esper, 1792)
Familia: Fungiidae
Género: Fungia
<i>Fungia fungites</i> (Linnaeus, 1758)
Género: Lithophyllon
<i>Lithophyllon repanda</i> (Dana, 1846)
Género: Sandalolitha
<i>Sandalolitha robusta</i> (Quelch, 1886)
Familia: Euphyllidae
Género: Galaxea
<i>Galaxea fascicularis</i> (Linnaeus, 1767)
Familia: Merulinidae
Género: Coelastrea
<i>Coelastrea áspera</i> (Verrill, 1866)
Género: Goniastrea
<i>Goniastrea pectinata</i> (Ehrenberg, 1834)
Género: Echinopora

Echinopora lamellosa (Esper, 1791)
 Género: Favites
Favites pentagona (Esper, 1790)
 Género: Platygyra
Platygyra carmosa (Veron, 2000)
 Género: Orbicella
Orbicella annularis (Ellis & Solander, 1786)
Orbicella franksi (Gregory, 1895)
Orbicella faveolata (Ellis & Solander, 1786)
 Género: Mycedium
Mycedium elephantotus (Pallas, 1766)
 Familia: Lobophyllidae
 Género: Lobophyllia
Lobophyllia flabelliformis (Veron, 2000)
Lobophyllia hemprichii (Ehrenberg, 1834)
 Género: Acanthastrea
Acanthastrea echinata (Dana, 1846)
 Familia: Agariciidae
 Género: Pavona
Pavona decussata (Dana, 1846)
Pavona frondifera (Lamarck, 1816)
Pavona varians (Verrill, 1864)
Pavona danai (Milne Edwards, 1860)
 Género: Agaricia
Agaricia tenuifolia Dana, 1846
 Familia: Montastraeidae
 Género: Montastraea
Montastraea cavernosa (Linnaeus, 1767)
 Familia: Faviidae
 Género: Colpophyllia
Colpophyllia natans (Houttuyn, 1772)
 Género: Manicina
Manicina areolata (Linnaeus, 1758)
 Género: Diploria
Diploria labyrinthiformis (Linnaeus, 1758)
 Género: Pseudodiploria
Pseudodiploria strigosa (Dana, 1846)
 Familia: Meandrinidae
 Género: Meandrina
Meandrina meandrites (Linnaeus, 1758)
 Familia: Diploastraeidae
 Género: Diploastrea
Diploastrea heliopora (Lamarck, 1816)
 Familia: Scleractinia incertae sedis
 Género: Pachyseris
Pachyseris speciosa (Dana, 1846)
 Familia: Plerogyridae
 Género: Plerogyra
Plerogyra sinuosa (Dana, 1846)

Diferentes análisis entre los años 1990 a 2005 gestionaron la capacitación, el planteamiento y la experimentación de nuevos elementos y parámetros que han demostrado el aumento

de publicaciones relacionadas con la interacción virus-coral entre los años 2005 a 2022. De acuerdo a la información anterior, el número de publicaciones ha ido en aumento desde el 200, y esto se puede corroborar con una tendencia creciente por año teniendo un mayor registro en el número de publicaciones que se han recabado (Figura 1).

NÚMERO DE TRABAJOS PUBLICADOS

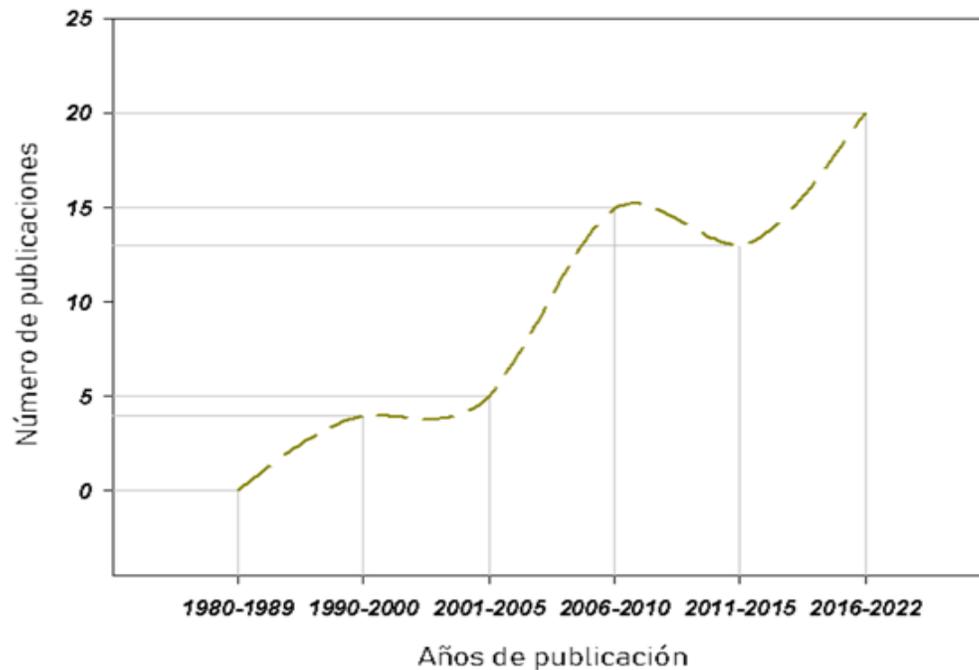


Fig 1. Número de trabajos publicados en la interacción virus-coral por año desde 1990 hasta el año 2022.

Los virus reportados y analizados en la interacción virus-coral se encuentran a nivel de familia, siendo los más predominantes Phycodnaviridae, Herpesviridae, Mimiviridae, Microviridae, Circoviridae y Retroviridae, así como también conjuntos de VLP's, Fagos y NCLDV's pertenecientes principalmente al Grupo I (DNA bicatenario), Grupo II (DNA monocatenario) y Grupo VI (RNA monocatenario retrotranscrito) de la clasificación de Baltimore para virus (Cuadro 2), lo que precisamente puede describir el tipo genético del virus que se requiere para producir una infección latente. Además, las familias menos predominantes fueron Poxviridae, Myoviridae, Siphoviridae, Podoviridae, Hepadnaviridae, Nanoviridae, Parvoviridae Baculoviridae, Tombusviridae, Iridoviridae, Alvernaviridae, Polydnaviridae y Birnaviridae.

Tabla 2. Listado taxonómico de clados de virus reportados en los diferentes estudios de la relación virus-coral.

Grupo I Virus de DNA bicatenario

Dominio: Varidnaviria

Reino: Bamfordvirae

Filo: Nucleocytoviricota

Clase: Megaviricetes

Orden: Algavirales

Familia: Phycodnaviridae

Orden: Imitevirales

Familia: Mimiviridae

Orden: Pimascovirales

Familia: Iridoviridae

Clase: Pokkesviricetes

Orden: Chitovirales

Familia: Poxviridae

Reino: Helvetiavirae

Filo: Dividoviricota

Clase: Laserviricetes

Orden: Ligamenvirales

Familia: Baculoviridae

Familia: Polydnaviridae

Dominio: Duplodnaviria

Reino: Heunggongvirae

Filo: Uroviricota

Clase: Caudoviricetes

Orden: Caudovirales

Familia: Myoviridae

Familia: Siphoviridae

Familia: Podoviridae

Filo: Plepoviricota

Clase: Herviviricetes

Orden: Herpesvirales

Familia: Herpesviridae

Grupo II Virus de DNA monocatenario

Dominio: Monodnaviria

Reino: Sangervirae

Filo: Phixviricota

Clase: Malgrandaviricetes

Orden: Petitvirales

Familia: Microviridae

Reino: Shotokuvirae

Filo: Cressdnaviricota

Clase: Arfiviricetes

Orden: Cirlivirales

Familia: Circoviridae

Orden: Mulpavirales

Familia: Nanoviridae

Filo: Cossaviricota

Clase: Quintoviricetes
Orden: Piccovirales
Familia: Parvoviridae

Grupo III Virus de RNA bicatenario

Dominio: Riboviria
Reino: Orthornavirae
Filo: Pisuviricota
Clase: Stepalviricetes
Orden: Stellavirales
Familia: Birnaviridae

Grupo IV Virus RNA monocatenario positivo

Dominio: Riboviria
Reino: Orthornavirae
Filo: Kitrinoviricota
Clase: Tolucaviricetes
Orden: Tolivirales
Familia: Tombusviridae
Filo: Pisuviricota
Clase: Pisoniviricetes
Orden: Sobelivirales
Familia: Alvernaviridae

Grupo VI Virus de RNA monocatenario retrotranscrito

Dominio: Riboviria
Reino: Pararnavirae
Filo: Artverviricota
Clase: Revtraviricetes
Orden: Ortervirales
Familia: Retroviridae

Grupo VII Virus de DNA bicatenario retrotranscrito

Dominio: Riboviria
Reino: Pararnavirae
Filo: Artverviricota
Clase: Revtraviricetes
Orden: Blubervirales
Familia: Hepadnaviridae

Las familias de virus con mayor número de menciones que describieron los trabajos analizados y recopilados en el presente trabajo nos muestra de forma significativa que la familia Phycodnaviridae ha sido catalogado como una familia de virus que, evidentemente, muestra su presencia en diferentes artículos publicados con un total de 6 menciones (Fig 2.), seguido por la familia Mimiviridae y Herpesviridae con 4 menciones, Herpesviridae, Microviridae, Circoviridae y Retroviridae con 3 menciones, Poxviridae, Myoviridae, Siphoviridae, Podoviridae y Hepadnaviridae con 2 menciones propiamente, y finalmente

Nanoviridae, Baculoviridae, Tombusviridae, Iridoviridae, Alvernaviridae, Polydnaviridae, Parvoviridae y Birnaviridae con una mención por artículo.

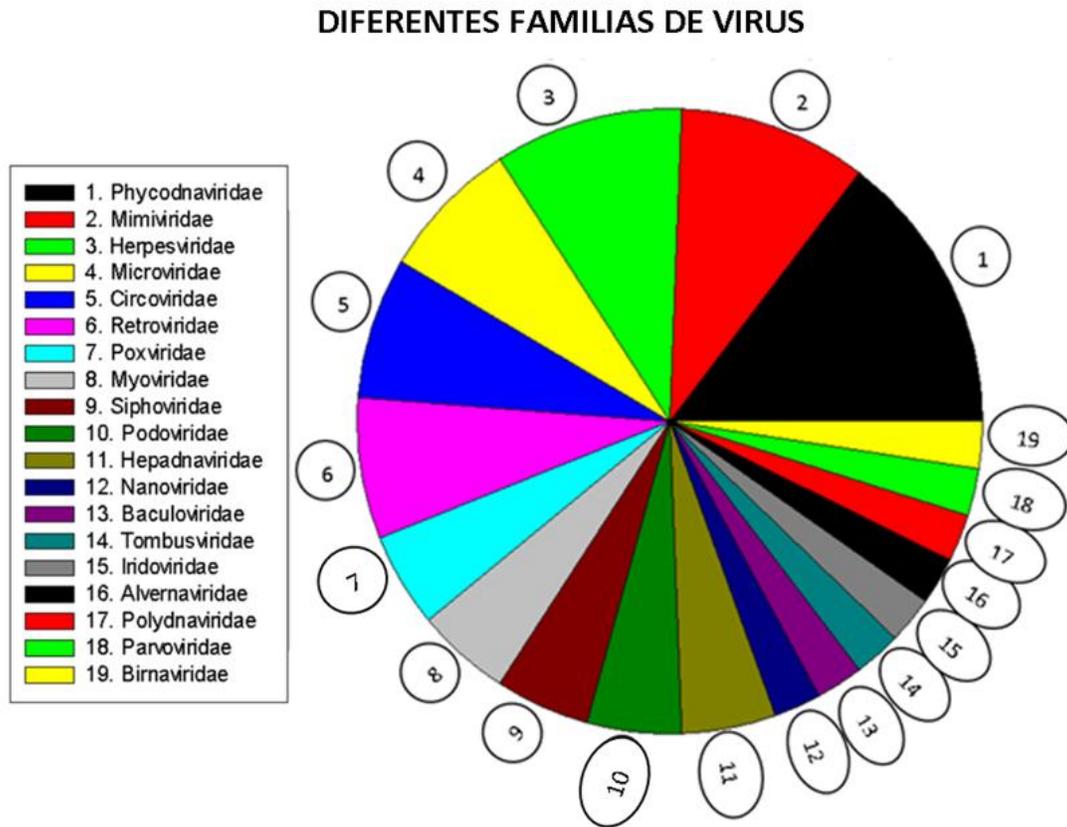


Fig 2. Número de menciones de las familias de virus en especies de corales escleractinios hermatípicos en los trabajos analizados. Se destaca: 1) Phycodnaviridae con 6 menciones; 2) Mimiviridae con 4 menciones; 3) Herpesviridae con 4 menciones; 4) Microviridae con 3 menciones; 5) Circoviridae con 3 menciones y 6) Retroviridae con 3 menciones.

Cada familia estuvo presente en diferentes especies de corales escleractinios hermatípicos, lo que promueve una diversidad específica por especie de coral mostrando familias de virus que solo son específicos para una sola especie de coral. En la mayoría de los trabajos sólo se reportan partículas parecidas a virus (VLP). Las especies de coral con más familias de virus reportadas son *Acropora millepora* con 13 familias de virus presentes y el grupo VLP, seguido por la especie *Pocillopora acuta* y *Galaxea fascicularis* con 11 familias de virus y el grupo VLP, *Porites lutea* con 10 familias de virus y el grupo VLP, *Pocillopora damicornis*, *Pocillopora verrucosa*, *Fungia fungites* y *Coelastrea áspera* con 8 familias de virus y el grupo VLP (Tabla 3). Hasta el momento se han reportado 19 familias de virus en 49 especies de corales hermatípicos, siendo la familia Phycodnaviridae la más común estando presente en 26 diferentes especies de coral escleractinios hermatípicos, seguido de la familia Retroviridae presente en 15 especies de coral, Mimiviridae en 14 especies, Microviridae,

Myoviridae, Siphoviridae y Hepadnaviridae en 9 especies de corales escleractinios hermatípicos, Poxviridae presente en 7 especies de corales escleractinios, Iridoviridae, Alvernnaviridae y Polydnviridae presente en 6 especies de corales escleractinios, Herpesviridae en 5 especies de corales escleractinios Parvoviridae y Birnaviridae en 2 especies propiamente y Nanonviridae, Baculoviridae, Tombusviridae y Podoviridae presente con una sola especie de corales escleractinios hermatípicos.

Tabla 3. Familias virales reportadas por especies de corales escleractinios hermatípicos descritos en los trabajos recopilados.

	PHY	MIM	HER	MIC	CIR	RET	POX	MYO	SIP	POD	HEP	NAN	BAC	TOM	IRI	ALV	POL	PAR	BIR	VLP	TOTAL		
<i>A. millepora</i>	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		1	1	1							1	14	
<i>A. muricata</i>																						1	1
<i>A. hyacinthus</i>																						1	1
<i>A. tenuis</i>	1			1																		2	2
<i>A. aspera</i>			1		1	1																1	4
<i>A. cytherea</i>											1											1	2
<i>A. pulchra</i>																						1	1
<i>M. capitata</i>																						1	1
<i>P. lutea</i>	1	1		1	1	1		1	1		1								1	1	1	11	
<i>P. lobata</i>																						1	1
<i>P. australiensis</i>																						1	1
<i>P. compressa</i>			1																			1	2
<i>P. cylindrica</i>																						1	1
<i>P. astreoides</i>	1																					1	2
<i>P. furcata</i>	1																					1	1
<i>P. damicornis</i>	1	1		1		1	1								1	1	1					1	9
<i>P. verrucosa</i>	1	1		1		1	1								1	1	1					1	9
<i>P. acuta</i>	1	1		1	1	1	1								1	1	1		1	1		1	12
<i>S. pistillata</i>																						1	1
<i>F. fungites</i>	1	1		1		1	1								1	1	1					1	9
<i>L. repanda</i>																						1	1
<i>S. robusta</i>																						1	1
<i>G. fascicularis</i>	1	1		1		1	1	1	1		1					1	1	1				1	12
<i>C. áspera</i>	1	1		1		1	1								1	1	1					1	9
<i>G. pectinata</i>																						1	1
<i>E. lamellosa</i>																						1	1
<i>F. pentagona</i>																						1	1
<i>P. carmosa</i>																						1	1
<i>O. annularis</i>	1		1																			1	3
<i>O. franksi</i>	1																					1	1
<i>O. faveolata</i>	1																					1	2
<i>M. elephantotus</i>	1	1			1			1	1		1											6	6
<i>L. flabelliformis</i>																						1	1
<i>L. hemprichii</i>																						1	1
<i>A. echinata</i>	1	1			1			1	1		1											6	6
<i>P. decussata</i>																						1	1
<i>P. frondifera</i>																						1	1
<i>P. varians</i>	1	1			1			1	1		1											6	6
<i>P. danai</i>																						1	1
<i>A. tenuifolia</i>	1																					1	1
<i>M. cavernosa</i>	1																					1	1
<i>C. natans</i>	1																					1	1
<i>M. areolata</i>	1																					1	1
<i>D. labyrinthiformis</i>	1																					1	1
<i>P. strigosa</i>			1																			1	1
<i>M. meandrites</i>	1																					1	1
<i>D. heliopora</i>	1	1			1			1	1		1											6	6
<i>P. speciosa</i>	1	1			1			1	1		1											6	6
<i>P. sinuosa</i>	1	1			1			1	1		1											6	6
TOTAL	26	14	5	9	4	15	7	9	9	1	9	1	1	1	6	6	6	2	2	33			

9. DISCUSIÓN

La línea de investigación enfocada a la interacción coral-virus es relativamente reciente en comparación con el desarrollo de este tipo de investigaciones en otras especies acuáticas. Si bien, la virología marina empezó a llamar el interés de los científicos en la década de los 80's, la primera mención de partículas similares a virus en un arrecife de coral fue descrito en el año 1991 por Van Etten y colaboradores (Véase cuadro 1) tomando en cuenta principalmente la significancia de las algas eucarióticas en especies de paramecios e hidras en un arrecife de Florida y en lagos de Carolina del Norte, Nebraska y Massachusetts, en Estados Unidos. Sin embargo, los trabajos publicados en el año 2001 por Wilson y colaboradores sobre la presencia de virus en dinoflagelados marinos (zooxantelas) asociado a la temperatura hizo que se registrara un aumento significativo con diferentes ramas asociadas a la interacción virus-coral y zooxantela. Desde el año 2004, la continuación del trabajo de Wilson y colaboradores proporcionó un avance significativo en esta área de investigación. El presente trabajo ha compilado un total de 50 trabajos en este tema, los cuales incluyen artículos de índole experimental, trabajos de revisión, tesis y trabajos relacionados con el tema. No obstante, estos estudios siguen el mismo patrón de poco avance científico desde 1990, en comparación con estudios similares en otras áreas. Es posible que existan publicaciones que aún siguen siendo poco conocidas y no se recabaron en el presente trabajo. Sin embargo, hasta donde sabemos, este trabajo es el compendio de estudios sobre la interacción virus-coral más amplio hasta el momento. Es posible que falten incluir menos de 20 trabajos experimentales y/o de revisión, que podrían corroborar lo recopilado y analizado en el presente estudio. De acuerdo a esto, se observa que todavía son pocos estudios realizados sobre el tema en el periodo de tres décadas, por lo que responder múltiples cuestiones acerca de las infecciones virales en corales escleractinios hermatípicos sigue siendo un estudio de tema por explorar.

Varios aspectos como la diversidad marina viral asociada a arrecifes coralinos y a los propios corales, la ecología y evolución de la interacción hospedero-patógeno, son temas poco conocidos como resultado de los escasos estudios realizados sobre ellos. Entre estos se incluye el evento del blanqueamiento del coral, el cual podría ser resultado de una afección viral en la relación coral-zooxantela-microbiota asociada (además de las causas antropogénicas) como un nuevo problema en la salud de los corales. Estos estudios van encaminados hacia el enfoque "determinista" con nuevos análisis que incluyen estudios desde el punto de vista de la inmunología de corales, diversidad viral marina, etapas de desarrollo con mayor carga viral en los corales, especificidad por especie, coevolución

coral-virus, entre otros. Esto sugiere que la interacción coral-virus sea estudiada a profundidad de manera interdisciplinaria para aumentar el conocimiento de esta área (véase figura 1). Ejemplo de esto es el estudio de Vega Thurber y colaboradores (2017) mencionando que muchos de los avances en la comprensión del papel que tienen los virus en la ecología de los arrecifes son escasos, y son varios desafíos para comprender la virología de los arrecifes tropicales que involucran metodología e información, carece de muchas de las herramientas moleculares, genómicas y de manipulación para realizar tanto estudios amplios como experimentos reduccionistas. Para ello, la actualización de análisis experimentales sobre la importancia de los virus en el coral y su holobionte, el aumento de nueva información y análisis complejos sobre la ecología de virus implicados en las enfermedades coralinas puede resolver la función de los virus y su interacción con los corales.

Las especies de coral con más familias de virus reportadas son *Acropora millepora* con 13 familias de virus presentes y el grupo VLP, seguido por la especie *Pocillopora acuta* con 11 familias de virus y el grupo VLP, *Galaxea fascicularis* con 11 familias de virus y el grupo VLP y *Porites lutea* con 10 familias de virus y el grupo VLP (Tabla 3). Esta información recabada para en el presente trabajo muestra que cada una de las familias de virus presentan vías diferentes de reproducción de acuerdo a su clasificación y que tienen diferencias marcadas en su estructura y forma de interacción con los corales, de acuerdo a la especie viral y su interacción con órganos y células diana del holobionte coralino, como por ejemplo la CSM, epidermis, tejido gástrico, microbioma y sus zooxantelas. De acuerdo a lo analizado el grupo de partículas similares a virus (VLP) tiene una distinción significativa predominante presente en 33 especies de corales escleractinios hermatípicos. Sin embargo, al ser catalogado un grupo base frecuente y con un rango taxonómico indeterminado, el análisis resultante puede implicar en la generalización de grupos de virus con importancia biológica (Vega Thurber et al., 2017). Existen diversos estudios sobre virus que trabajan grupos específicos a nivel de familia, entre ellos la familia Phycodnaviridae el cual es un grupo predominante presente en 26 especies de corales escleractinios hermatípicos. Esta familia de virus está correlacionada con huéspedes de algas, (por ejemplo, los virus de *Chlorella*, los virus de las algas pardas y los virus de las micromonas) con un estatus que ha predominado en dinoflagelados, incluyendo a *Symbiodinium* spp. (Van Etten et al., 1995). Existen diversos estudios sobre virus que trabajan grupos específicos a nivel de familia. Para este trabajo, se recopiló la existencia de 19 familias de virus que se encuentran entre 49 especies de corales hermatípicos, siendo la familia

Phycodnaviridae la más común estando presente en 26 diferentes especies de coral escleractinios hermatípicos. Esta familia de virus está correlacionada con huéspedes de algas, (por ejemplo, los virus de *Chlorella*, los virus de las algas pardas y los virus de las micromonas) con un estatus que ha predominado en dinoflagelados, incluyendo a *Symbiodinium spp.* (Van Etten *et al.*, 1995). La familia Retroviridae está presente en 15 especies de coral. Esta familia de virus previamente se había informado de la existencia de virus retrotranscriptasa abundantes en presencia de corales (Correa *et al.*, 2016). La familia Mimiviridae está presente en 14 especies. Se sugiere que esto es debido a que el virus prefiere a células dinoflageladas del género *Symbiodinium* que están bajo estrés por calor (Brüwer *et al.*, 2017). Las familias Microviridae, Myoviridae, Siphoviridae y Hepadnaviridae están presentes en 9 especies de corales escleractinios hermatípicos. La presencia de estos virus indica que las diferentes formas de replicación viral (de acuerdo a la clasificación de Baltimore para cada familia) no están asociadas a un solo tipo específico de reproducción viral, por lo que el blanqueamiento coralino es conducido por un estado de enfermedad o se ve agravado el blanqueamiento por la misma enfermedad (Littman *et al.*, 2011).

Esto quiere decir que solo se han trabajado con familias que, dando paso a un patrón lineal, solo se busca el grupo de virus que ya se describió con anterioridad. La importancia por descubrir familias no descritas en alguna especie de coral escleractinio hermatípico juega un papel importante en la ecología viral adyacente al coral, los patrones de establecimiento (epidermis, la gastrodermis, CSM, microbioma o zooxantelas) y en la capacidad de algunas familias de producir una enfermedad latente y daño tisular a la especie de coral. Cada una de estas familias de virus ayudan a interpretar el consorcio viral que fluye en el agua circundante del coral, así como también patrones específicos relacionados con componentes del holobionte coralino, y que no solo se fundamenta con las familias más abundantes. Sin embargo, muchos de los VLP's descritos pueden sugerir que existe una variedad de huéspedes potenciales en el CSM como bacterias, cianobacterias, hongos, algas (incluidas zooxantelas) y el coral. Para esto, los flujos mediados en la columna de agua pueden estimular la proliferación de diferentes microorganismos y, en el proceso, puede alterar las concentraciones de nutrientes esenciales en la columna de agua y el bentos, lo que puede estimular la producción viral posterior (Lawrence *et al.*, 2015). Las acciones humanas que afectan los factores abióticos, específicamente la eutrofización y las anomalías térmicas, aumentan la producción viral en los corales en detrimento del huésped y el hábitat. Algunos cambios ambientales aumentan la producción viral en los corales, lo

que luego conduce a una mayor degradación de los arrecifes (Wilson *et al.*, 2001). Las infecciones virales de los corales hospedadores y su microbiota pueden cambiar la composición de los consorcios virales y conducir a la transferencia de nutrientes de un compartimento del arrecife a otro; por lo tanto, es probable que la producción viral en los corales funcione como una "puerta giratoria" que conecta el bentos del arrecife con la columna de agua adyacente (Jokiel y Coles, 1990). Cada uno de los parámetros que conforman la dinámica del virus-huésped en los ecosistemas de arrecifes de coral plantean la hipótesis de un "vórtice viral" (Vega Thurber *et al.*, 2017) que puede afectar la salud general del arrecife, esto debido a que existe un equilibrio proporcionado que es estimado en la abundancia de virus marinos arrecifales y sus posibles efectos sobre los corales, sus zooxantelas (*Symbiodinium*) y organismos bacterianos, por lo que los virus pueden contribuir al declive de los arrecifes mediante diferentes vías: mortandad directa del huésped a través de la infección y posterior lisis celular o tisular; mortandad indirecta del huésped a través de alteraciones mediadas por virus en el flujo de materia disuelta y particulada en el medio ambiente (Vega Thurber *et al.*, 2011). Este flujo impulsa a los ecosistemas de arrecifes oligotróficos a ser más productivos, lo que conlleva al desarrollo de diferentes cambios comunitarios perjudiciales, así como también la pérdida de la integridad, resistencia y función del arrecife (Kline *et al.*, 2006).

Las especies descritas de corales escleractinios hermatípicos para México (Cuadro 1) correspondiente con los estudios recabados para esta revisión descritas son: *O. annularis*, *O. franksi*, *O. faveolata*, *P. astreoides*, *P. lutea*, *P. furcata*, *P. australiensis*, *D. labyrinthiformis*, *D. strigosa*, *P. verrucosa*, *P. damicornis*, *P. varians*, *M. cavernosa*, *C. natans*, *M. meandrites* y *M. areolata* se encuentran en las litorales del Pacífico y el Atlántico mexicano. Sin embargo, no existe ningún trabajo para México que describa la relación de estos corales escleractinios hermatípicos con los virus, por lo que sí existe evidencia de presencia viral en esas especies de corales escleractinios de los trabajos recabados, debería también presentarse en esas mismas especies para México. Esto ayudaría a fundamentar una nueva hipótesis sobre esta relación virus-coral en las investigaciones mencionadas contra las especies descritas que se muestran para México y podría generar nueva información sobre la ecología de los virus, tanto del Océano Pacífico mexicano como del Golfo de México. De este modo, las investigaciones proveen nueva información para corroborar las hipótesis de las infecciones en los corales (Cuadro 1). Cabe destacar que las investigaciones recabadas en el presente trabajo muestran distintos panoramas sobre el desarrollo de los virus en arrecifes de coral, principalmente concluyendo con la

interpretación de la posibilidad infecciosa en corales escleractinios hermatípicos por acción vírica. Sin embargo, cada investigación hace hincapié en proceder a ampliar los trabajos para corroborar este argumento de infección mediada por los virus, por lo cual una afirmación sobre este hecho no está cien por ciento descrita por el momento.

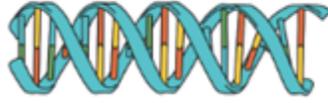
10. CONCLUSIONES

Los diferentes análisis de investigación mostrados en esta tesis recapitulan una actualización del conocimiento que se tiene hasta el momento sobre la relación de corales hermatípicos escleractinios y familias de virus en el impacto directo e indirecto de afecciones virales que puede llegar a presentar nuevos retos por descubrir. Comprender el tema desde un estado del arte permitió resolver cuestiones sobre las especies de corales que llegan a presentar respuestas ante diversas familias de virus, desde el compendio de múltiples investigaciones con un orden sistematizado para el enfoque de estudio, el desarrollo experimental, técnicas estandarizadas y distribución de las especies, hasta presentar el número de familias de virus por especie de coral registrados hasta el momento con sus nombres científicos correspondientes actualizados. Este estudio permitió denotar el conocimiento acumulado que existe en la actualidad y poder disuadir a futuro nuevos registros con bases fundamentadas, así como una futura investigación a desarrollar en territorio mexicano sobre este tema. Los diferentes hechos antropogénicos causados a los arrecifes de coral han desatado diferentes problemas relacionados con la salud de los mismos como el blanqueamiento coralino, aumentando el riesgo progresivo de la pérdida de este ecosistema. Desde este punto de vista, el presente trabajo nos ha enfocado en procesos naturales que se han ido maximizando hasta causar un desequilibrio ecológico causados por el humano. Hay que avanzar en expandir nuevos conocimientos acerca del tema enfocados principalmente en las familias de virus y su reproducción en diferentes medios del coral y su holobionte. Este trabajo permitirá dar una conceptualización para el desarrollo de investigaciones en México.

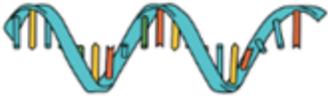
11. ANEXOS

CLASIFICACIÓN DE BALTIMORE

Íconos representativos de cada grupo para las familias de virus presentes en el trabajo.



Grupo I Virus de DNA bicatenario



Grupo II Virus de DNA monocatenario



Grupo III Virus de RNA bicatenario



Grupo IV Virus de RNA monocatenario positivo



Grupo VI Virus de RNA monocatenario retrotranscrito



Grupo VII Virus de DNA monocatenario retrotranscrito

FICHA DESCRIPTIVA

TIPO DE VIRUS

VLP'S (Virus like-particles)

Taxonomía : No asignada

Diagnosis

Proteínas virales que son derivadas de las proteínas estructurales de un virus. Algunas proteínas están insertadas dentro de una bicapa lipídica. Estas partículas se asemejan al virus del que derivan, pero carecen del ácido nucleico viral, lo que significa que no son infecciosas (Warfield et al., 2003).

Interacción con Corales

Estas proteínas han sido los principales vestigios virales de la posible infección vírica hacia el coral, provocando múltiples problemas al coral y a su supervivencia. Su presencia en diferentes partes del coral (Superficie de la microcapa del coral, epidermis, gastrodermis, zooxantelas) ha llevado a múltiples investigaciones la razón de ser de su presencia en el coral.

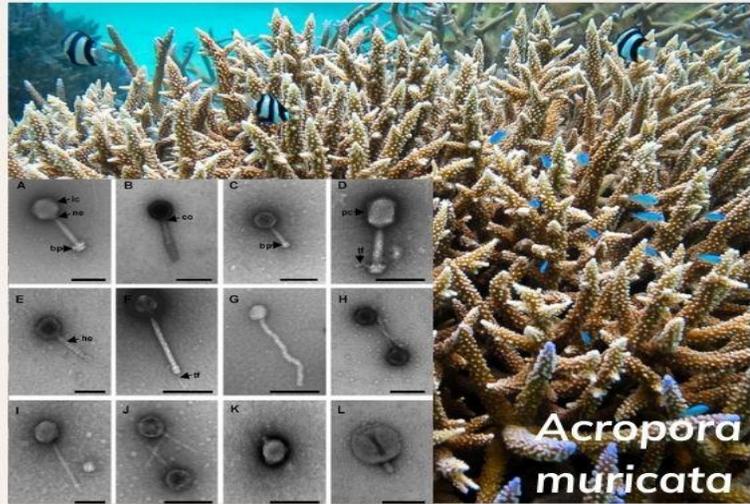


IMAGEN VLP OBTENIDA DE Davy y Patten, 2007, Morphological diversity of virus-like particles within the surface microlayer of scleractinian corals.

Distribución

Global, presente en todos los océanos y continentes a excepción de la Antártida y el Polo Norte (No hay investigación que lo confirme).

OBSERVACIONES PARTICULARES

Los vlp's pueden llegar a confundirse con un virus replicativo, estos presentan un genoma viral a primera instancia y los vlp's solo son pequeños rastros de que su presencia se encontraba en ese punto en específico.

Literatura

- Davy, J. E., N. L. Patten., (2007) Morphological diversity of virus-like particles within the surface microlayer of scleractinian corals, "Aquatic Microbial Ecology", 47: 37-44.
- Warfield, K. L., C. M. Basio., B. C. Welcher., E. M. Deal., M. Mohamadzadeh., A. Shmlajohn., M. J. Aman., S. Bavari., (2003) Ebola virus-like particles protect from lethal Ebola virus infection. "PNAS", 100(26): 15889-15894.

FICHA DESCRIPTIVA

FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA PHYCODNAVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Varidnaviria

Reino: Bamfordviridae

Filo: Nucleocytoviricota

Clase: Megaviricetes

Orden: Algavirales



Diagnosis

Los virus de esta familia presentan genomas de DNA bicatenario. El tamaño del genoma está comprendido entre 160 y 560 kpb con una morfología icosaédrica, una membrana lipídica interna y reproducción por replicación total o parcialmente, en el citoplasma de la célula hospedera. Pertenecen al super-grupo de grupo nucleocitoplasmáticos de DNA pertenecientes al grupo I de la clasificación de Baltimore (Van Etten y Graves, 2002).

Interacción con el coral

Este grupo de virus afecta principalmente a algas marinas o de agua dulce. Se ha encontrado profunda relación con este virus y las zooxantelas presentes en tejidos epidérmico del coral.

Distribución del virus

Global, desde el Ecuador, Trópicos y hasta llegar a zonas frías (menos los polos) y aguas continentales

Distribución del Coral hospedero

Mar Caribe, Barrera de Arrecifes de Coral (Australia) y Mar Rojo en corales como *Orbicella annularis*, *Montastraea avemosa*, *Orbicella faveolata*, *Porites Astreoides*, etc.

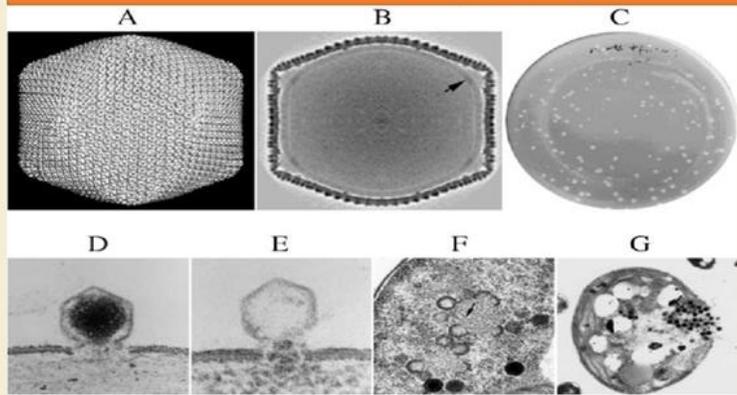


IMAGEN Phycodnaviridae OBTENIDA DE Van Etten y Graves, 2002. Phycodnaviridae- large DNA algal viruses

Literatura

- Van Etten, J. L., M. V. Graves., D. G. Muller., W. Boland., N. Delaroque., (2002) Phycodnaviridae- large DNA algal viruses, "Arch. Virol", 147: 1479-1516.

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA MIMIVIRAE

Taxonomía:

Dominio: Varidnaviria
Reino: Bamfordviridae
Filo: Nucleocytoviricota
Clase: Megaviricetes
Orden: Imitevirales



Diagnos

Virus de DNA de doble cadena con una cápside de entre 400 y 500 nm de diámetro. Presenta 1 181 404 pb (el mayor genoma viral conocido) y aproximadamente 911 ORF. Posee 911 genes que codifican proteínas por lo que supera a los 4 genes codificantes mínimos requeridos para la existencia de los virus. Se integra dentro de un grupo de virus de origen monofilético, denominado virus nucleocitoplasmáticos de ADN de gran tamaño (NCLDV) (Suzan-Monti *et al.*, 2006)

Interacción con el coral

Existe en el tejido del coral (epidermis) una alta prevalencia de genes asociados a la latencia en los ensamblajes virales asociados al coral, varios genes metabólicos auxiliares (AMG) que son derivados del hospedador para la fotosíntesis (genes que codifican proteínas para el fotosistema II), y también la presencia de los virus a la diversidad genética del holobionte

Distribución del virus

Global, presente en diversos hábitats terrestres y marinos (a excepción de los Polos)

Distribución del Coral hospedero

Barrera de Arrecifes de Coral en Australia, parte centro del Mar Rojo en corales *Pavona varians*, *Podlopora verrucosa*, *Porites lutea*, etc.

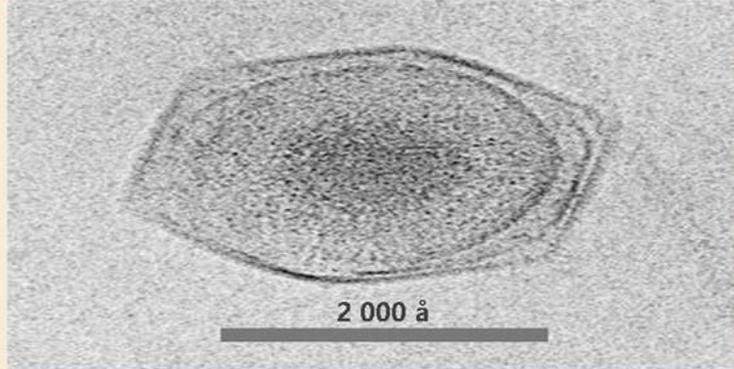


IMAGEN Mimiviridae OBTENIDA DE Xiao *et al.*, 2017, Cryo-EM reconstruction of the Cafeteria roenbergensis virus capsid suggests novel assembly pathway for giant viruses

Literatura

- *Xiao, C., M.G. Fischer., D. M. Bolotauro., N. Ulloa-Rondeau., G.A. Avila., C. A. Suttle., (2017) Cryo-EM reconstruction of the Cafeteria roenbergensis virus capsid suggests novel assembly pathway for giant viruses, "Scientific Reports" 7: 5484.
- *Suzan-Monti, M., B. La Scola., D. Raoult., (2006) Genomic and evolutionary aspects of Mimivirus, "Virus Res", 117(1): 145-155

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA HERPESVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Duplodnaviria
Reino: Heungongvirae
Filo: Pevloviricota
Clase: Herviviricetes
Orden: Herpesvirales



Diagnos

El diámetro de este virus es de 150 a 200 nm. Cápside con simetría icosaédrica formada por 162 capsómeros, la cual resguarda de 120 a 230 kpb; este número de pares de bases dan lugar al DNA vírico lineal, de doble cadena. Posee una membrana de glicoproteínas intermediaria, se unen a receptores de la célula hospedera para medir la fusión de ambas membranas. Se encuentra un espacio denominado tegumento con enzimas virales en la cápside y membrana. Usan la organización del genoma, la estrategia de replicación, la diseminación intracelular en presencia de anticuerpos antivirales (Carfi *et al.*, 2001)

Interacción con el coral

Las secuencias similares al herpes se detectaron principalmente en el tejido epidérmico y gastrodérmico del coral como *Porites compressa* y *Diploria strigosa*.

Distribución del virus

Global, desde el Ecuador hasta antes de los círculos Polares y después de los Trópicos.

Distribución del Coral hospedero

Hawaii en Estados Unidos de América, en Trinidad y Tobago como *Orbicella annularis*.

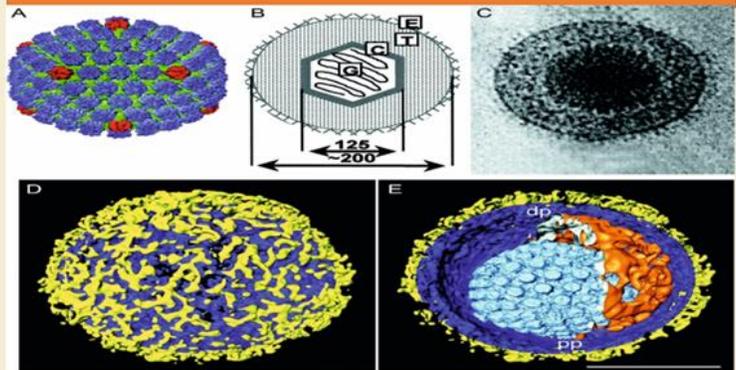


IMAGEN Herpesviridae OBTENIDA DE Zhou *et al.*, 2000. Seeing the herpesvirus capsid at 8.5 Å.

Literatura

- *Carfi, A., S. H. Willis., J. C. Withbeck., C. Krummenacher., G. H. Cohen., R. J. Eisenberg., D. C., Willey., (2001) Herpes simplex Virus Glycoprotein D Bound to the human Receptor HveA, "molecular cell", 8: 169-179.
- *Zhou, Z. H., M. Dougherty., J. Jakana., J. He., F. J. Rixon., W. Chiu., (2000) Seeing the herpesvirus capsid at 8.5 Å, "Science", 288: 877-880.

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA MICROVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Monodnaviria

Reino: Sangervirae

Filo: Phixviricota

Clase: Malgrandaviricetes

Orden: Petivirales



Diagnóstico

La cápside está definida estructuralmente por una simetría icosaédrica regular. Carecen de cola y de envoltura viral. El genoma DNA monocatenario es circular y tiene un tamaño de 4.5-6 kpb. Genoma de DNA de cadena sencilla como ácido nucleico por lo que se incluyen en el Grupo II de la Clasificación de Baltimore. Estos virus se pueden dividir en tres grandes clados de acuerdo con el tamaño de su genoma con denominación de cepas de laboratorio: X174, G4 y 3 (Roux *et al.*, 2012).

Interacción con el coral

Existe en el tejido del coral (epidermis) una alta prevalencia de genes asociados a la latencia en los puentes virales asociados al coral, genes derivados del hospedador para la fotosíntesis. Los genes virales específicos involucrados en la formación de la cápside, la estructura de la cola y los mecanismos de infección se han observado en diferentes especies de coral.

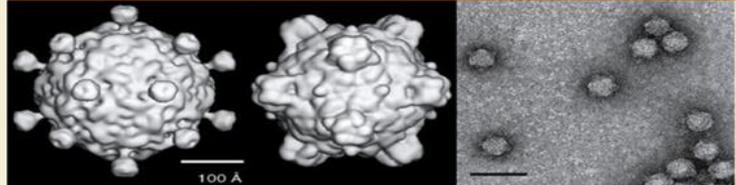


IMAGEN Microviridae OBTENIDA DE Zandrew *et al.*, 2012. Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses

Literatura

- *Andrew, M. Q. K., M. J. Adams, E. B. Carstens, E. J. Lefkowitz, (2012) *Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*, Editorial Elsevier, p.385-393.
- *Roux, S., M. Krupovic, A. Poulet, D. Debros, F. Enault, (2012) Evolution and Diversity of the Microviridae Viral Family through a Collection of 81 New Complete Genomes Assembled from Virome Reads, "PLoS ONE", 7(7): e40418. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040418>

Distribución del virus

Se les considera pertinentes con alta diversidad (marinos y terrestres), pero no en lugares donde la prevalencia de seres vivos es casi nula.

Distribución del Coral hospedero

Barrera de Arrecifes de Coral, Australia, en especies como *Pocillopora verrucosa* y *Pocillopora damicornis*.

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA RETROVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Riboviria

Reino: Paramavirae

Filo: Artverviricota

Clase: Revtraviricetes

Orden: Ortervirales



Diagnóstico

Virus con un genoma de RNA monocatenario de polaridad positiva, se replican de forma inusual por medio de una forma intermedia de DNA bicatenario. El proceso se lleva a cabo mediante una enzima: la retrotranscriptasa o transcriptasa inversa, que dirige la síntesis de DNA a través de RNA y posee una importancia extraordinaria en la manipulación genética. Una vez que se ha pasado de RNA monocatenario a DNA, se inserta dentro del DNA propio de la célula infectada donde se comporta como un gen más (Belshaw *et al.*, 2004).

Interacción con el coral

Se observó mediante microscopía electrónica de transmisión tres de las VLP dominantes identificadas en todas las capas de tejido y brotando de la epidermis. También se observaron unas VLP similares a megavirus asociadas con células endosimbióticas de algas dinoflageladas (*Symbiodinium*).

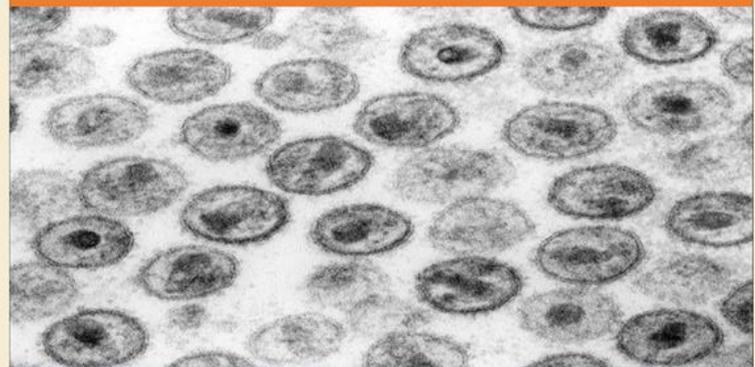


IMAGEN Retroviridae OBTENIDA DE Callaway, C. S. 1985. Transmission electron microscopic (TEM) image reveals some of the ultrastructural morphology exhibited by numerous human immunodeficiency virus-1 (HIV-1) viral particles.

Literatura

- *Belshaw, R., V. Pereira, A. Katzourakis, G. Talbot, J. Paces, A. Burt, M. Tristram, (2004) Long-term reinfection of the human genome by endogenous retroviruses, "Proc Natl Acad Sci USA", 101(14):4894-4899.
- *Callaway, C. S., (1985) Transmission electron microscopic (TEM) image reveals some of the ultrastructural morphology exhibited by numerous human immunodeficiency virus-1 (HIV-1) viral particles. Copyright Restrictions: None - This image is in the public domain and is free of any copyright restrictions.

Distribución del virus

Se les considera pertinentes con alta diversidad (marinos y terrestres), pero no en lugares donde la prevalencia de seres vivos es casi nula.

Distribución del Coral hospedero

Barrera de Arrecifes de Coral, Australia, en el Mar Rojo y en especies como *Pocillopora verrucosa* y *Porites lutea*.

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA MYOVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Duplodnaviria

Reino: Heunggongvirae

Filo: Uroviricota

Clase: Caudoviricetes

Orden: Caudovirales



Diagnosis

Los viriones de esta familia tienen formas icosaédricas con cabeza y cuello. No presentan envoltura vírica. Sus genomas son lineales de DNA bicatenario, de alrededor de 33-244 kpb y con secuencias terminalmente redundantes. El contenido de GC es ~ 35%. El genoma codifica 200-300 proteínas que se transcriben en operones. La 5-hidroximetilcitosina puede estar presente en el genoma (en lugar de timidina). El genoma codifica de 40 a 415 proteínas (Andrew *et al.*, 2012).

Interacción con el coral

El mayor número general de secuencias similares a myoviridae en el metagenoma de corales blanqueados podrían indicar que estos virus no son socios beneficiosos, y que el blanqueamiento podría conducir a un estado de enfermedad por parte del virus.

Distribución del virus

Se les considera pertinentes con alta diversidad (marinos y terrestres), pero no en lugares donde la prevalencia de seres vivos es casi nula.

Distribución del Coral hospedero

Barrera de Arrecifes de Coral, Australia, en el Mar Rojo y en especies como *Pocillopora verrucosa* y *Porites lutea*.

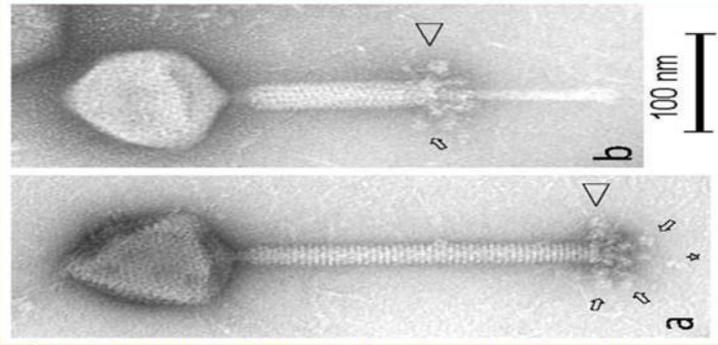


IMAGEN Myoviridae OBTENIDA DE Kyrkou *et al.*, 2019. Expanding the Diversity of Myoviridae Phages Infecting *Lactobacillus plantarum*—A Novel Lineage of Lactobacillus Phages Comprising Five New Members

Literatura

- *Kyrkou, I., A. B. Carstens, L. Ellegaard-Jensen, W. Kot, A. Zervas, A. M. Djuhuus, H. Neve, M. Hansen, L. H. Hansen, (2019) Expanding the Diversity of Myoviridae Phages Infecting *Lactobacillus plantarum*—A Novel Lineage of Lactobacillus Phages Comprising Five New Members, "Viruses", 11 (7): 611.
- *Andrew, M. Q. K., M. J. Adams, E. B. Carstens, E. J. Lefkowitz, (2012) Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses, Editorial Elsevier, p.p 385-393.

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA SIPHOVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Duplodnaviria

Reino: Heunggongvirae

Filo: Uroviricota

Clase: Caudoviricetes

Orden: Caudovirales



Diagnosis

Las cápsides presentan geometrías icosaédricas con cabeza-cola (denominado morfotipo B1) o del tipo alargada (denominado morfotipo B2). No presentan envoltura vírica y su tamaño es de 60 nm aproximadamente. Presentan colas filamentosas coo característica de esta familias y bandas cruzadas no contráctiles, mayormente con fibras terminales y subterminales cortas. Los genomas de DNA lineal bicatenario presentan 50 kpb de longitud y con 70 genes aproximadamente (Andrew *et al.*, 2012).

Interacción con el coral

El mayor número general de secuencias similares a myoviridae en el metagenoma de corales blanqueados podrían indicar que estos virus no son socios beneficiosos, y que el blanqueamiento podría conducir a un estado de enfermedad por parte del virus.

Distribución del virus

Se les considera pertinentes con alta diversidad (marinos y terrestres), pero no en lugares donde la prevalencia de seres vivos es casi nula.

Distribución del Coral hospedero

Barrera de Arrecifes de Coral, Australia, en el Mar Rojo y en especies *Pocillopora verrucosa* y *Porites lutea*.

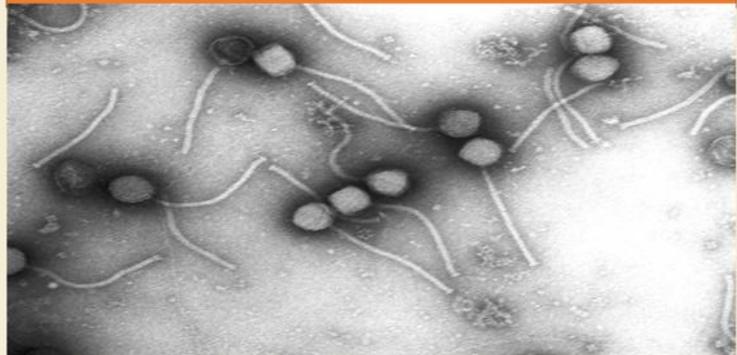


IMAGEN Siphoviridae OBTENIDA DE Fischetti y Schuch, 2004. New antibiotics-Resistances is futile, Negative stain electron micrograph of the gamma phage from which the PlyGlytic enzyme was cloned for use to control B. anthracis.

Literatura

- *Fischetti, V., R. Schuch, (2004) New antibiotics-Resistances is futile, "Plos Biology", 2(2):e53.
- *Andrew, M. Q. K., M. J. Adams, E. B. Carstens, E. J. Lefkowitz, (2012) Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses, Editorial Elsevier, p.p 385-393...

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA HEPADNAVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Riboviria

Reino: Paramvirae

Filo: Artverviricota

Clase: Revtraviricetes

Orden: Blubervirales



Diagnosis

Esta familia de virus presentan un genoma relativamente corto de DNA, con forma circular, mide aproximadamente 3.2 kpb y presenta parcialmente una doble hélice y una hélice simple. Consiste en dos segmentos diferentes de DNA, con una orientación de sentido negativo y la otra, más corta, con un sentido positivo. Como su replicación involucra un RNA intermedio, se le considera perteniente un DNA bicatenario retrotranscrito (Andrew *et al.*, 2012)

Interacción con el coral

La composición viral del DNA y RNA fue diferente entre los huéspedes de coral y los rasgos biológicos como la estrategia del ciclo de vida del coral que se correlacionaron con patrones de diversidad viral. Los genes implicados en la virulencia bacteriana y los genes metabólicos auxiliares fueron comunes entre las secuencias virales, lo que corrobora la contribución de los virus a la diversidad genética del holobionte coralino.

Distribución del virus

Se les considera pertinentes con alta diversidad (marinos y terrestres), pero no en lugares donde la prevalencia de seres vivos es casi nula.

Distribución del Coral hospedero

Mar Rojo y diferentes zonas de Vietnam en especies como *Pavona varians* y *Porites lutea*.

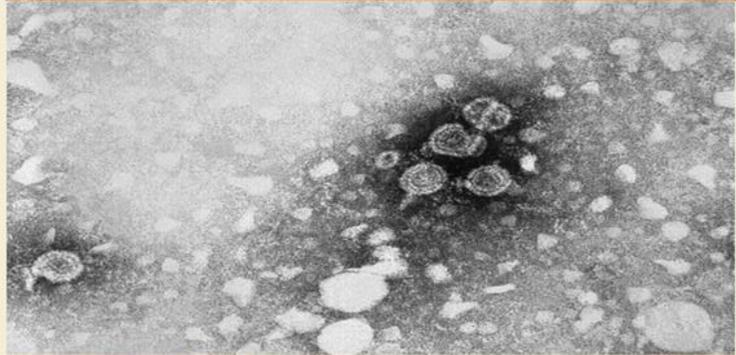


IMAGEN Hepadnaviridae OBTENIDA DE Palmer. 1981 micrograph of hepatitis B virions, also known as Dane particles, CDC.

Literatura

*Palmer, E., (1981) TEM micrograph of hepatitis B virions, also known as Dane particles, CDC. Copyright Restrictions: None - This image is in the public domain and thus free of any copyright restrictions.
*Andrew, M. Q. K., M. J. Adams, E. B. Carstens, E. J. Lefkowitz, (2012) *Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*, Editorial Elsevier, p.p 385-393.

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA POXVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Varidnaviria

Reino: Bamfordviridae

Filo: Nucleocytoviricota

Clase: Pokkesviricetes

Orden: Chitovirales



Diagnosis

Son virus gigantes que presentan una cápside estructuralmente simétrica y compleja, con un tamaño aproximado de 350 nm x 270 nm. Presentan una silueta con características ovaladas y en forma de tabiques, membrana externa con formaciones corpusculares y crestales (función desconocida).

Poseen un genoma de DNA con cadena lineal doble, entre 130 - 375 kpb. (Prescott, 1999).

Interacción con el coral

Las secuencias similares a Poxviridae en el metagenoma del coral blanqueado podrían indicar que estos virus no son socios beneficiosos y que el blanqueamiento podría conducir a un estado de enfermedad. Por medio de la PCR funcional indicó que existe en el tejido del coral (epidermis) una alta prevalencia de genes asociados a la latencia en los ensamblajes virales asociados al coral.

Distribución del virus

Global, desde el Ecuador, Trópicos y hasta llegar a zonas frías (menos los polos) y aguas continentales

Distribución del Coral hospedero

Gran Barrera de Arrecifes de Coral (Australia) en corales como *Pocillopora verrucosa* y *Pocillopora damicornis*.

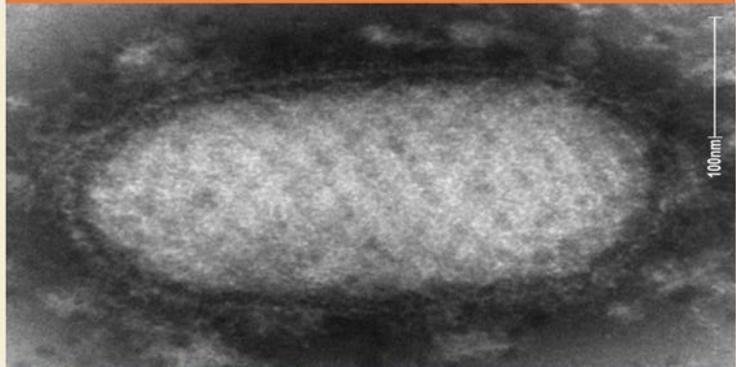


IMAGEN Poxviridae OBTENIDA DE Goldsmith. 2007. Negative-stained transmission electron micrograph (TEM) image depicted the ultrastructural details of an Orf-virus, a member of the genus Parapoxvirus.

Literatura

*Goldsmith, C., (2007) Negative-stained transmission electron micrograph (TEM) image depicted the ultrastructural details of an Orf-virus, a member of the genus Parapoxvirus. Copyright Restrictions: None - This image is in the public domain and thus free of any copyright restrictions.
*Prescott, L. M., (1999) *Microbiología*, McGraw-Hill Interamericana de España, Madrid, España.

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA IRIDOVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Varidnaviria
Reino: Bamfordviridae
Filo: Nucleocytoviricota
Clase: Megaviricetes
Orden: Pimascovirales



Diagnos

Presentan un genoma de DNA de cadena doble. Puede tener un tamaño aproximado de entre 130 nm a 190 nm, en el citoplasma los viriones maduros se ensamblan en el como un compartimento celular. Su genoma presenta una longitud de entre 150.000-280.000 nucleótidos. Esta familia de virus se compone de tres dominios: una membrana intermedia lipídica, una cápside protéica exterior, y un núcleo central que contiene los complejos DNA-proteínas (algunos pueden tener envoltura exterior) (Chinchar *et al.*, 2017).

Interacción con el coral

Las secuencias similares a Iridoviridae, por medio de la PCR funcional indicó que existe en el tejido del coral (epidermis) una alta prevalencia de genes asociados a la latencia en los ensamblajes virales asociados al coral.

Distribución del virus

Global, preferentemente en Trópicos y aguas continentales.

Distribución del Coral hospedero

Gran Barrera de Arrecifes de Coral (Australia) y Panamá en corales como *Pocillopora verrucosa*, *Pocillopora damicornis* y *Porites astreoides*.

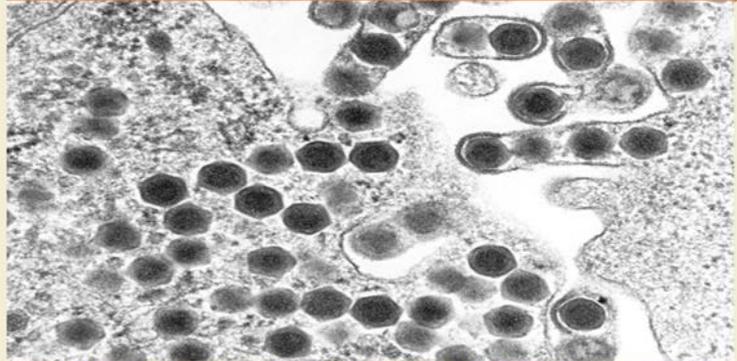


IMAGEN Iridoviridae OBTENIDA DE Electron Microscopy UnitAAHL, CSIRO 2014. Transmission electron micrograph of ranaviruses gathering close to the cell border where they can be seen leaving the cell via a process called budding

Literatura

•Chinchar, V. G., P. Hick, J. Huang, J. A. Ince, J. K. Jancovich, R. Marschang, Q. Qin, K. Subramaniam, T. B. Waltzek, R. Withington, T. Williams, Q. Y. Zhang, (2017) *ICTV Virus Taxonomy Profile: Iridoviridae*, "Journal of General Virology", 98: 890-891.
•Electron Microscopy UnitAAHL, CSIRO, 2014. Transmission electron micrograph of ranaviruses gathering close to the cell border where they can be seen leaving the cell via a process called budding

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA ALVERNIVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Riboviria
Reino: Orthornavirae
Filo: Pisuviricota
Clase: Pisoniviricetes
Orden: Sobelivirales



Diagnos

Presentan una cápside con geometría icosaédrica esférica, con un diámetro aproximado de 34 nm. El genoma es lineal y no está segmentado (4.4 kpb). La entrada en la célula huésped se logra mediante la penetración y la replicación sigue el modelo de replicación III de la clasificación de Baltimore. Los protistas sirven como huésped natural y su replicación viral se produce en el citoplasma. (Viralzone, 2008)

Interacción con el coral

Las secuencias similares a Iridoviridae, por medio de la PCR funcional indicó que existe en el tejido del coral (epidermis) una alta prevalencia de genes asociados a la latencia en los ensamblajes virales asociados al coral.

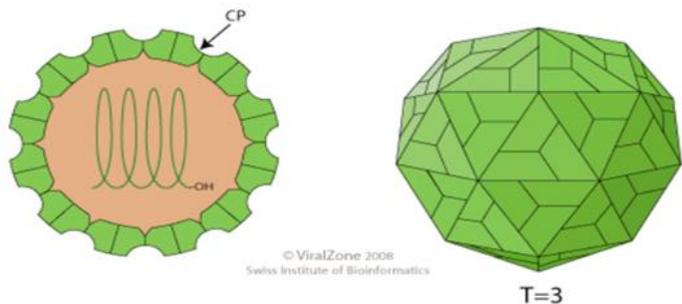
Distribución del virus

Global, preferentemente en Trópicos y aguas continentales.

Distribución del Coral hospedero

Gran Barrera de Arrecifes de Coral (Australia) en corales como *Pocillopora verrucosa* y *Pocillopora damicornis*.

VIRION



© ViralZone 2008
Swiss Institute of Bioinformatics

IMAGEN Alverniviridae OBTENIDA DE Viralzone, 2008. (<https://viralzone.expasy.org/>) el día 01/02/2023.

Literatura

•Viralzone, (2008) Family Alverniviridae, obtenido de <https://viralzone.expasy.org/>, el día 01/02/2023

FICHA DESCRIPTIVA FAMILIAS DE VIRUS

FAMILIA POLYDNAVIRIDAE

Taxonomía:

Dominio: Varidnaviria

Reino: Helvetiavirae

Filo: Dividoviricota

Clase: Laserviricetes

Orden: Ligamenvirales



Diagnos

Presentan una nucleocápside y una envoltura forrada de una o dos capas. Sus genomas consisten en múltiples tamaños variables de dsDNA segmentado, cada segmento con DNA de cadena doble circular superenrollado. Estos virus pueden contener secuencias homólogas de DNA que son compartidos entre dos o más segmentos de DNA y tamaños de genoma agregados, no redundantes. Su tamaño va desde aproximadamente 190 hasta más de 500 kbp (Andrew *et al.*, 2012).

Interacción con el coral

Las secuencias similares a Iridoviridae, por medio de la PCR funcional indicó que existe en el tejido del coral (epidermis) una alta prevalencia de genes asociados a la latencia en los ensamblajes virales asociados al coral.

Distribución del virus

Global, preferentemente en Trópicos y aguas continentales.

Distribución del Coral hospedero

Gran Barrera de Arrecifes de Coral (Australia) en corales como *Pocillopora verrucosa* y *Pocillopora damicornis*.

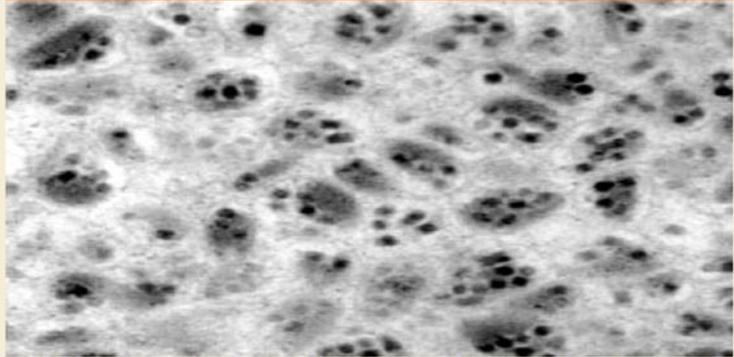


IMAGEN Polydnviridae OBTENIDA DE Chen y Gundersel-Rindal, 2003. Virus particles of *G. indiensis* polydnvirus. The virions are formed by 5 to 10 nucleocapsids enclosed by only one viral envelope.

Literatura

*Andrew, M. Q. K., M. J. Adams., E. B. Carstens., E. J. Lefkowitz., (2012) *Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*, Editorial Elsevier, p.p 385-393.
*Chen, Y. P., Gundersel-Rindal., (2003) *Morphological and genomic characterization of the polydnvirus associated with the parasitoid wasp G. indiensis*, "Journal of General Virology" 84: 2051-2060.

12. LITERATURA CITADA

- Azuero, E. B., (2007) *Detección de virus en tejidos sanos y enfermos en diferentes especies de corales en el Caribe*, Tesis para obtener el título de licenciado en Biología, Universidad de los Andes, Facultad de ciencias.
- Andrew, M. Q. K., M. J. Adams., E. B. Carstens., E. J. Lefkowitz., (2012) *Virus Taxonomy: Ninth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses*, Editorial Elsevier, p.p 385-393.
- Anderson, D. A., M. E. Walz., E. Weil., P. Tonellato., M. C. Smith., (2016) *RNA-Seq of the Caribbean reef-building coral *Orbicella faveolata* (Scleractinia- Merulinidae) under bleaching and disease stress expands models of coral innate immunity*, "Peer J", DOI 10.7717/peerj.1616.
- Belshaw, R., V. Pereira., A. Katzourakis., G. Talbot., J. Paces., A. Burt., M. Tristem., (2004) *Long-term reinfection of the human genome by endogenous retroviruses*, "Proc Natl Acad Sci USA", 101(14):4894-4899
- Brusca, R.C., G. J. Brusca., (2005) *Invertebrados*, Editorial McGraw-Hill, Madrid, España. p.p 241-287.
- Bourne, D., Y. Lida., S. Uthicke., C. Smith-Keune., (2008) *Changes in coral-associated microbial communities during a bleaching event*, "The ISME Journal", 2: 350-363.

- Bascones-Martínez, A., X. Pousa-Castro., (2009) Herpesvirus, "Av. Odontoestomatol 2011", 27 (1): 11-24.
- Bettarel, Y., N. T. Thuy., T. Q. Huy., P. K. Hoang., T. Bouvier., (2012) *Observation of virus-like particles in thin sections of the bleaching scleractinian coral Acropora cytherea*, "Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom", 93 (4): 909-912.
- Brüwer, J. D., S. Agrawal., T. J. Liew., M. Aranda., C. R. Voolstra., (2017) *Association of coralalgal symbionts with a diverse viral community responsive to heat shock*, "BMC Microbiology " 17:174, doi 10.1186/s12866-017-1084-5.
- Callaway, C. S., (1985) Transmission electron microscopic (TEM) image reveals some of the ultrastructural morphology exhibited by numerous human immunodeficiency virus-1 (HIV-1) viral particles. Copyright Restrictions: None - This image is in the public domain and thus free of any copyright restrictions.
- Chávez, E., E. Hidalgo., (1987) *Los arrecifes coralinos del Caribe Noroccidental y Golfo de México en el contexto socioeconómico*. Instituto de Ciencias del Mar y Limnología.
- Carfí, A., S. H. Willis., J. C. Withbeck., C. Krummenacher., G. H. Cohen., R. J. Eisenberg., D. C. Wiley., (2001) *Herpes Simplex Virus Glycoprotein D Bound to the Human Receptor HveA*, "Molecular cell", 8: 169-179.
- Chen, Y. P., Gundersel-Rindal., (2003) *Morphological and genomic characterization of the polydnavirus associated with the parasitoid wasp G. indiensis*, "Journal of General Virology" 84: 2051-2060.
- Calderón, L. E., (2006) *Distribución y aspectos taxonómicos de los corales pétreos (Anthozoa: Scleractinia) del Pacífico mexicano*. Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada. Informe final SNIB-CONABIO proyecto AS007. México D. F.
- Campbell, N. A., J. B. Reece., (2007) *Biología*, Editorial Médica Panamericana, Madrid España. p.p 334-343.
- Correa, A. MS., R. M. Welsh., R. L. Vega Thurber., (2013) *Unique nucleocytoplasmic dsDNA and β ssRNA viruses are associated with the dinoflagellate endosymbionts of corals*, "The ISME Journal", 7: 13-27.
- Correa, A. MS., T. D. Ainsworth., S. M. Rosales., A. R. Thurber., C. R. Butler., R. L. Vega Thurber., (2016) *Viral Outbreak in Corals Associated with an In Situ Bleaching Event: Atypical Herpes-Like Viruses and a New Megavirus Infecting Symbiodinium*, "Frontiers in Microbiology", 7:127. doi: 10.3389/fmicb.2016.00127.
- Chinchar, V. G., P. Hick., J. Huang., I. A. Ince., J. K. Jancovich., R. Marschang., Q. Qin., K. Subramaniam., T. B. Waltzek., R. Withington., T. Williams., Q. Y. Zhang., (2017) *ICTV Virus Taxonomy Profile: Iridoviridae*, "Journal of General Virology", 98: 890–891.
- Chen, L., S. Yuan., Q. Liu., G. Mai., J. Yang., D. Deng., B. Zhang., C. Liu., Y. Ma., (2018) *In Vitro Design and Evaluation of Phage Cocktails Against Aeromonas salmonicida*, "Frontiers in Microbiology", 9: :1476. doi: 10.3389/fmicb.2018.01476.

- Cárdenas, A., J. Yen. M. Ziegler., J. P. Payet., R. McMinds., R. Vega Thurber., C. R. Voolstra., (2020) *Coral-Associated Viral Assemblages From the Central Red Sea Align With Host Species and Contribute to Holobiont Genetic Diversity*, "Frontiers in Microbiology", 11:572534. doi: 10.3389/fmicb.2020.572534.
- Davy, S. K., S. G. Burchett, A. L. Dale., P. Davies., J. E. Davy., C. Muncke., O. Hoegh-Guldberg., W. H., Wilson., (2006) *Viruses: agents of coral disease?*, "Diseases of Aquatic Organisms", 69: 101-110.
- Davy, J. E., N. L. Patten., (2007) *Morphological diversity of virus-like particles within the surface microlayer of scleractinian corals*, "Aquatic Microbial Ecology", 47: 37-44.
- Electron Microscopy Unit AAHL, CSIRO., 2014. Transmission electron micrograph of ranaviruses gathering close to the cell border where they can be seen leaving the cell via a process called budding
- Fischetti, V., R. Schuch., (2004) *New antibiotics-Resistances is futile*, "Plos Biology", 2(2): e53.
- Goldsmith, C., (2007) Negative-stained transmission electron micrograph (TEM) image depicted the ultrastructural details of an Orf virus, a member of the genus Parapoxvirus. Copyright Restrictions: None - This image is in the public domain and thus free of any copyright restrictions.
- Grupstra, C. G. B., L. I. Howe-Kerr., A. J. Veglia., R. L. Bryant., S. R. Coy., P. L. Blackwelder., A. M. S. Correa., (2022) *Thermal stress triggers productive viral infection of a key coral reef symbiont*, "ISME J", doi: 10.1038/s41396-022-01194-y.
- Horta-Puga, G., J. P. Carricart-Ganivet., (1993) *Corales pétreos recientes (Milleporina, Stylasterina y Scleractinia) de México*. pp. 68-80 En Biodiversidad Marina y Costera de México, S. I. Salazar-Vallejo., N. E. González (eds). Com. Nal. Biodiversidad y CIQRO, México, 865 pp.
- Jokiel, P. L., S. L. Coles., (1990) *Response of Hawaiian and other Indo-Pacific reef corals to elevated temperature*, "Coral Reefs" 8: 155–162.
- Kline, D. I., Kuntz, N. M., Breitbart, M., Knowlton, N., Rohwer, F., (2006) *Role of elevated organic carbon levels and microbial activity in coral mortality*, "Mar. Ecol. Prog. Ser". 314: 119–125.
- Klaus, J., Janse, I., Heikoop, J., Sanfors, R., Fouke, B., (2007) *Coral microbial communities, zooxanthellae and mucus along gradients of seawater depth and coastal pollution*. "Environ. Microbiol". 9(5): 1291-1305.
- Kyrkou, I., A. B. Carstens., L. Ellegaard-Jensen., W. Kot., A. Zervas., A. M. Djurhuus., H. Neve., M. Hansen., L. H. Hansen., (2019) *Expanding the Diversity of Myoviridae Phages Infecting Lactobacillus plantarum—A Novel Lineage of Lactobacillus Phages Comprising Five New Members*, "Viruses", 11 (7): 611.
- Lewis, J. B., (1977) *Processes of organic production on coral reefs*, "Biol. Rev." 52: 305-347.
- Lohr, J., C. B. Munn., W. H. Wilson., (2007) *Characterization of a Latent Virus-Like Infection of Symbiotic Zooxanthellae*, "Appl. Environ. Microbiol", 73 (9): 2976-2981.

- Littman, R., B. L. Willis., D. G., Bourne., (2011) *Metagenomic analysis of the coral holobiont during a natural bleaching event on the Great Barrier*, "Environmental Microbiology Reports", 3 (6): 651-660.
- Lawrence, S. A., W. H. Wilson., J. E. Davy., S. K. Davy., (2014) *Latent virus-like infections are present in a diverse range of Symbiodinium spp. (Dinophyta)*, "J. Phycol", 50: 984-997.
- Lawrence, S. A., S. P. Wilkinson., J. Davy., W. N. S. Arlidge., G. J. Williams., E. Wilson., G. Aeby., S. K. Davy., (2015) *Influence of local environmental variables on the viral consortia associated with the coral Montipora capitata from Kaneohe Bay, Hawaii, USA*. "Aquatic Microbial Ecology". 74(3): 251–262.
- Lin, D. M., B. Koskella., H. C. Lin., (2017) *Phage therapy: An alternative to antibiotics in the age of multi-drug resistance*, "World J Gastrointest Pharmacol Ther", 8(3): 162-173.
- Laffy, P. W., E. M. Wood-Charlson., D. Turaev., S. Jutz., C. Pascelli., E. S. Botté., S. C. Bell., T. Pierce., K. D. Weynberg., M. J. H. van Oppen., T. Rattei., N. S. Webster., (2018) *Reef Invertebrate Viromics: Diversity, Host-Specificity & Functional Capacity*, 'Accepted Article', doi: 10.1111/1462-2920.14110.
- López-Goñi, I., (2020) *Virus y pandemias*, Editorial Guadalmazán, Madrid, España, 300 pp.
- Marhaver, K. L., R. A. Edwards., F. Rohwer., (2008) *Viral communities associated with healthy and bleaching corals*, "Environmental Microbiology", 10 (9): 2277-2286.
- Montalvo-Proaño, J. P. Buerguer., K. D. Weynberg., M. J. H. van Oppen., (2017) *A PCR-Based Assay Targeting the Major Capsid Protein Gene of a Dinornal-Like ssRNA Virus That Infects Coral Photosymbionts*, "Frontiers in Microbiology", 8:1665. doi: 10.3389/fmicb.2017.01665.
- Messyasz, A., S. M. Rosales., R. S. Mueller., T. Sawyer., A. MS. Correa., A. R. Thurber., R. Vega Thurber., (2020) *Coral Bleaching Phenotypes Associated With Differential Abundances of Nucleocytoplasmic Large DNA Viruses*, "Frontiers in Marine Science", 7:555474. doi: 10.3389/fmars.2020.555474.
- Nguyen-Kim, H., Y. Bettarel., T. Bouvier., C. Bouvier., H. Doan-Nhu., L. Nguyen-Ngoc., T. Nguyen-Thanh., H. Tran-Quang., J. Brune., (2015) *Coral Mucus Is a Hot Spot for Viral Infections*, "Applied and Environmental Microbiology", 81(17): 5773-5783.
- Palmer, E., (1981) TEM micrograph of hepatitis B virions, also known as Dane particles, CDC. Copyright Restrictions: None - This image is in the public domain and thus free of any copyright restrictions.
- Paul, J. H., M. F. DeFlaun., W. H. Jeffrey., (1986) *Elevated levels of microbial activity in the coral surface microlayer*, "Mar. Ecol. Prog. Ser." 33, 29–40.
- Paul, J. H., J. B. Rose., S. C. Jiang., C. A. Kellogg., L. Dickson., (1993) *Distribution of Viral Abundance in the Reef Environment of Key Largo, Florida*, "Applied and Environmental Microbiology", 59(3): 718-724.
- Prescott, L. M., (1999) *Microbiología*, McGraw-Gill Interamericana de España, Madrid, España.

- Patten, N. L., P. L. Harrison., J. G. Mitchell., (2008) *Prevalence of virus-like particles within a staghorn scleractinian coral (Acropora muricata) from the Great Barrier Reef*, "Coral Reefs", 27: 569-580.
- Pollock, F. J., E. M. Wood-Charlson., M. J. H. van Oppen., D. G. Bourne., B. L. Willis., K. D. Weynberg., (2014) *Abundance and morphology of virus-like particles associated with the coral Acropora hyacinthus differ between healthy and white syndrome-infected states*, "Mar. Ecol. Prog. Serv", 510: 39-43.
- Pham, T. T., V. T. Chu., T. V. H. Bui., T. T. Nguyen., Q. H. Tran., T. N. M. Cung., C. Bouvier., J. Brune., S. Villeger., T. Bouvier., Y. Bettarel., (2015) *Coral-associated viruses and bacteria in the Ha Long Bay, Vietnam*, "Aquatic Microbial Ecology", 76: 149-161.
- Raina, J. B., E. A. Dinsdale., B. L. Willis., D. G. Bourne., (2010) *Do the organic sulfur compounds DMSP and DMS drive coral microbial associations?*, "Trends in Microbiology", 18 (3): 101-108.
- Roux, S., M. Krupovic., A. Poulet., D. Debross., F. Enault., (2012) *Evolution and Diversity of the Microviridae Viral Family through a Collection of 81 New Complete Genomes Assembled from Virome Reads*, "PLoS ONE", 7(7): e40418. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040418>.
- Rodrigues, R. A. L., F. G. de Souza., B. L. de Azevedo., L. C. F. da Silva., J. S. Abrahão., (2021) *The morphogenesis of different giant viruses as additional evidence for a common origin of Nucleocytoviricota*, "Current opinion in virology", 49: 102-110.
- Seymour, J. R., N. Patten., D. G. Bourne., J. G. Mitchell., (2005) *Spatial dynamics of virus-like particles and heterotrophic bacteria within a shallow coral reef system*, "Mar. Ecol. Prog. Serv", 288: 1-8.
- Suzan-Monti, M., B. La Scola., D. Raoult., (2006) *Genomic and evolutionary aspects of Mimivirus*, "Virus Res", 117(1): 145-155.
- Shors, T., (2009) *Virus: Estudio molecular con orientación clínica*, Editorial Medica Panamericana, Buenos Aires, Argentina. pp 71-83.
- Sánchez, J.A., J. López-Angarita., (2012) *Perspectivas en la ecología de arrecifes coralinos*, Editorial Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia. pp 53-103.
- Soffer, N., M. E. Brandt., A. MS. Correa., T. B. Smith., R. Vega Thurber., (2014) *Potential role of viruses in white plague coral disease*, "The ISME Journal", 8: 271-283.
- Santana, A., C. N. Hernández., (2016) *Introducción a R*, Departamento de Matemáticas, ULPGC.
- Sun, X., S. Huang., L. Long., (2019) *Characterization, complete genome and proteome of a bacteriophage infecting a coral-derived Vibrio strain*, "Marine Genomics", 47: 100674.
- Torres, G., C. Palacios., T. Calderón., S. Recalde., (2006) *Interacción del Fitoplancton y Zooplancton y sus Condiciones Oceanográficas durante el Verano Austral 2004 (Isla Greenwich-Antártica)*, "Revista Tecnológica ESPOL". 19(1): 153-160.

- Van Etten, J. L., L. C. Lane., R. H. Meints., (1991) *Viruses and viruslike particles of eukaryotic algae*, "Microbiological reviews", 55 (4): 586-620.
- Van Etten, J. L., R. H. Meints., (1999) Giant viruses infecting algae, "Annual Review of Microbiology", 53: 447-494.
- Van Etten, J. L., M. V. Graves., D. G. Muller., W. Boland., N. Delaroque., (2002) *Phycodnaviridae-large DNA algal viruses*, "Arch. Virol", 147: 1479-1516.
- Vega Thurber, R. L., K. L. Barott., D. Hall., H. Liu., B. Rodríguez-Mueller., C. Desnues., R. A. Edwards., M. Haynes., F. E. Angly., L. Wegley., F. L. Rohwe., (2008) *Metagenomic analysis indicates that stressors induce production of herpes-like viruses in the coral Porites compressa*, "PNAS", 105 (47): 18413-18418.
- van Oppen, M. J. H., J. A. Leong., R.D. Gates., (2009) *Coral-virus interactions: A double-edge sword?*, "Symbiosis", 47: 1-8.
- Vega Thurber, R. V., A. MS. Correa., (2011) *Viruses of reef-building scleractinian corals*, "Journal of Experimental Marine Biology and Ecology", 408: 102-113.
- Vega Thurber, R. V., J. P. Payet., A. R. Thurber., A. M. S. Correa., (2017) *Virus-host interactions and their roles in coral reef health and disease*, "Nat. Rev. Microbiol." 15: 205-216.
- Wilson, W. H., I. Francis., K. Ryan., S. K. Davy., (2001) *Temperature induction of viruses in symbiotic dinoflagellates*, "Aquat Microb Ecol", 25:99-102.
- Warfield, K. L., C. M. Bosio., B. C. Welcher., E. M. Deal., M. Mohamadzadeh., A. Shmlajohn., M. J. Aman., S. Bavari., (2003) *Ebola virus-like particles protect from lethal Ebola virus infection*, "PNAS", 100(26): 15889-15894.
- Wilson, W. H., A. L. Dale., J. E. Davy., S. K. Davy., (2004) *An enemy within? Observations of virus-like particles in reef corals*, "Coral Reefs", 24:145-148.
- Wegley, L., R. Edwards., B. Rodriguez-Bitro., H. Lius., F. Rohwer., (2007) *Metagenomic analysis of the microbial community associated with the coral Porites astreoides*, "Environmental Microbiology", 9 (11): 2707-2719
- Weynberg, K. D., E. M. Wood-Charlson., C. A. Suttle., M. J. H. van Oppen., (2014) *Generating viral metagenomes from the coral holobiont*, "Frontiers in microbiology", 5:1-11.
- Weynberg, K. D., P. W. Lafy., E. M. Wood-Charlson., D. Turaev., T. Rattei., N. S. Webster., M. J. H. van Oppen., (2017) *Coral-associated viral communities show high levels of diversity and host auxiliary functions*, "Peer J", DOI 10.7717/peerj.4054.
- Xiao, C., M.G. Fischer., D. M. Bolotaulo., N. Ulloa-Rondeau., G. A. Avila., C. A. Suttle., (2017) *Cryo-EM reconstruction of the Cafeteria roenbergensis virus capsid suggests novel assembly pathway for giant viruses*, "Scientific Reports" 7: 5484.
- Zhou, Z.H., M. Dougherty., J. Jakana., J. He., F. J. Rixon., W. Chiu., (2000) *Seeing the herpesvirus capsid at 8.5 Å*, "Science", 288: 877-880.