

Secretos de un Suelo Sano 30

Identificación de Microorganismos

-Las técnicas metagenómicas-

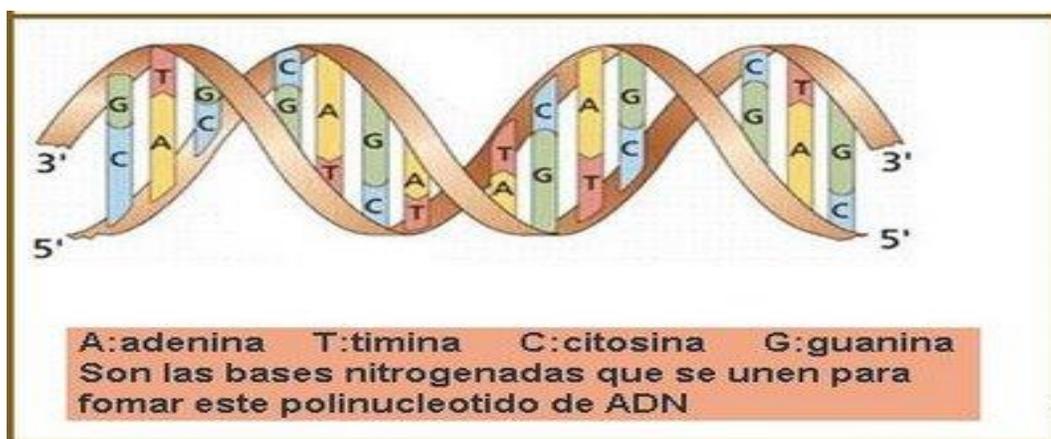
Cuidar el suelo es cuidar la vida



LABORATORIOS A-L DE MÉXICO S.A. DE C.V.
44550 Guadalajara. T. 33 3123 1823 y 33 3121 7925. WhatsApp 33 2803 960
www.laboratoriosaldemexico.com.mx. Más informes : kcalderon@allabs.com.

En el actual grado de avance científico, existen tres formas comunes de identificar los microorganismos que viven en un entorno determinado. El primero es la microscopía: observar microbios bajo un microscopio. Solo hay unas pocas formas diferentes que pueden tener los microbios, por lo que la mayoría de ellos parecen casi idénticos bajo el microscopio. Incluso si se utiliza diferentes tipos de tintes para diferenciarlos, seguiría siendo un proceso largo y laborioso intentar observar los microorganismos en las muestras de suelo. La segunda forma implica cultivar los microbios en el laboratorio. Si los cultivamos en placas de Petri, tienen características mucho más visiblemente diferentes que el tamaño y la forma de las células que vemos al microscopio. También podemos cultivarlos en placas de Petri que tienen diferentes fuentes de alimento o cambian de color cuando los microbios usan cierto tipo de metabolismo, y eso puede ayudarnos a diferenciarlos. Sin embargo, hay un alto porcentaje de microbios que no se pueden cultivar en un laboratorio. A veces se denomina a estos organismos como "*materia oscura microbiana*".

La tercera forma (que realmente ha significado un tremendo avance en la determinación de la diversidad de microbios en el suelo) es observar diferentes biomoléculas como huellas dactilares microbianas. Hay cuatro tipos principales de biomoléculas: carbohidratos, proteínas, lípidos (también conocidos como grasas) y ácidos nucleicos (que incluyen el ADN). A la biomolécula de ADN se le ha llamado como "el modelo de la vida" porque contiene toda la información necesaria para "construir" un organismo vivo. Se compone de 4 bloques de construcción químicos diferentes llamados bases (también conocidos como nucleótidos), y se pueden considerar como un lenguaje con 4 letras en el alfabeto. El orden de las bases en una molécula de ADN se puede leer como un manual de instrucciones. Así que utilizan los científicos para descifrarlo se llama secuenciación del genoma.



En el manual, cada capítulo tiene instrucciones para una pieza diferente de maquinaria (es decir, otra biomolécula como una proteína), y el ADN que la codifica se llama gen. Todo el ADN de un organismo en particular se llama genoma, y el proceso que se utiliza para leer un genoma se llama la secuenciación del ADN. Secuenciar todo el ADN de un entorno se conoce como metagenómica. *Trace Genomics* es la empresa norteamericana con una mayor experiencia en el análisis del microbioma del suelo.

Existen dos métodos diferentes para secuenciar el ADN en un entorno complejo para descubrir qué microbios hay allí. El primer método se llama secuenciación de ampliaciones y utiliza genes de huellas dactilares para identificar qué microbios están presentes. Para cada uno de los diferentes grupos microbianos (bacterias, arqueas, hongos y protistas) hay algunos genes que se encuentran en todos los miembros de un grupo (esto se denomina gen conservado). Por ejemplo, el gen 16S Rrna (o simplemente "16S") se conserva entre bacterias y arqueas, por lo que los científicos pueden secuenciar todos los genes 16S de un entorno. Hay suficiente diferencia entre los genes 16S para tener una buena idea de qué bacterias y arqueas hay, pero a veces no a nivel de especie. El segundo método se llama metagenómica e implica secuenciar todo el ADN de un entorno.

Durante los últimos 20 años, esta ha sido una increíble herramienta de descubrimiento científico para comprender el mundo microbiano. Dado que analiza todo el ADN, tiene una resolución mucho mayor que la secuenciación de ampliaciones. Pero, como se analiza todo el ADN, es mucho más difícil de hacer. Si pensamos en el genoma de un solo organismo como un rompecabezas, un meta genoma del suelo es como tener 10,000 (o más) rompecabezas diferentes con sus piezas todas mezcladas en la misma caja. La secuenciación de ampliaciones es como buscar una pieza específica que todos los rompecabezas tengan en común, como la esquina superior izquierda, y usarla para identificar qué rompecabezas (o genomas) están allí.

La metagenómica analiza todas las piezas para intentar encontrar otra información útil, como cuántos genomas contienen genes funcionales interesantes (como el ciclo del nitrógeno o del fósforo). Si bien el uso de la secuenciación de ampliaciones tiene ventajas (es decir, costo y simplicidad), en *Trace Genomics* decidimos crear un canal y una base de datos utilizando la metagenómica porque proporciona la mayor cantidad de información con el mayor grado de confianza.

Valoramos la libertad de información. Este artículo es gratuito y puede ser reproducido sin limitantes. Se solicita tan solo mencionar la fuente.