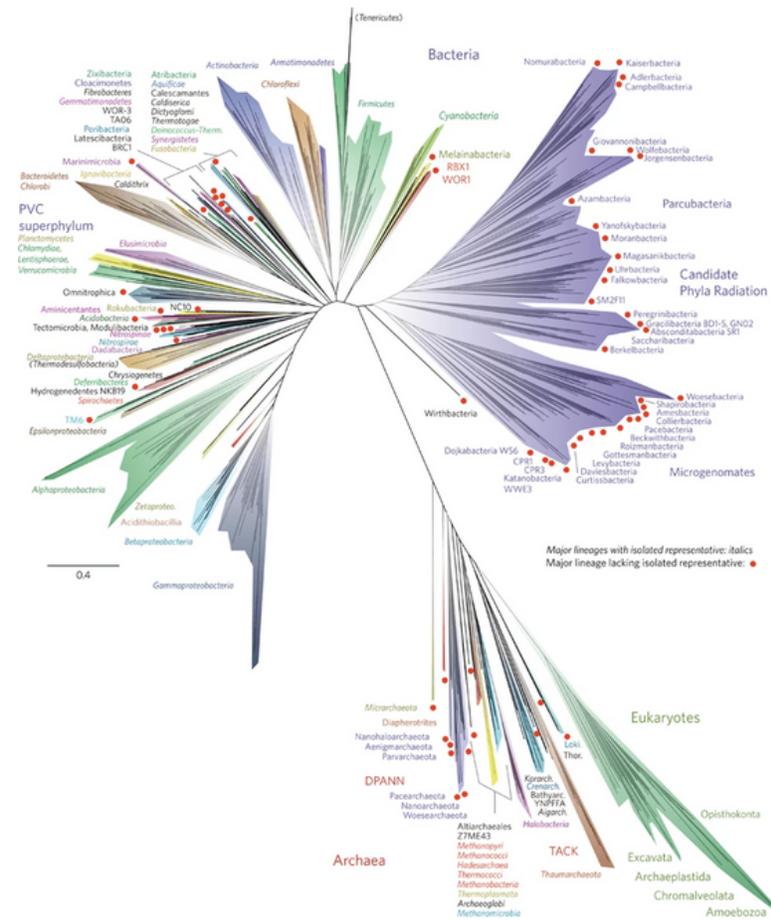


INTRODUCCIÓN A LA METAGENÓMICA



La ciencia detrás de esto: la Metagenómica.

Si los microorganismos son invisibles a simple vista, ¿cómo sabemos algo sobre ellos? Generalmente, existen tres formas comunes de identificar los microbios 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 idénticos bajo un microscopio. Incluso si usamos diferentes tipos de tintes para diferenciarlos, seguiría siendo un proceso largo y laborioso intentar observar cada microbio en una pequeña muestra de suelo, sin mencionar que de todos modos no podemos distinguirlos.

La segunda forma implica cultivar los microbios en un laboratorio. Si las 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, la gran mayoría de los microbios no se pueden cultivar en un laboratorio, a pesar de los grandes esfuerzos de los científicos. A veces se denomina a estos organismos como "*materia oscura microbiana*".

La tercera forma (que realmente ha iluminado 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). Algunos laboratorios de suelo ofrecen pruebas PLFA: es decir análisis de ácidos grasos fosfolípidos, que utiliza un tipo de biomolécula para obtener una imagen de la comunidad microbiana. Esto funciona, pero los resultados no son tan concluyentes.

En estos casos es preferible referirse al 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. 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 utilizan los científicos para descifrarlo se llama *secuenciación del genoma*.

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.

Introducción a la Metagenómica.

En Trace Genomics somos expertos en el microbioma del suelo . Al igual que su microbioma intestinal, la contraparte del suelo está compuesta por todos los microorganismos (o "microbios") que viven allí. Tener esta información es increíblemente valioso para quienes estén interesados en medir la salud del suelo, incluidos: agricultores, agrónomos, científicos y cualquier empresa que invierta en agricultura.

¿Cómo sabemos qué microbios hay en el suelo?

Existen algunas tecnologías diferentes que pueden arrojar luz sobre el mundo invisible de los microbios.



La secuenciación del ADN del suelo nos permite diferenciar microbios muy similares y también captura los organismos no cultivables.

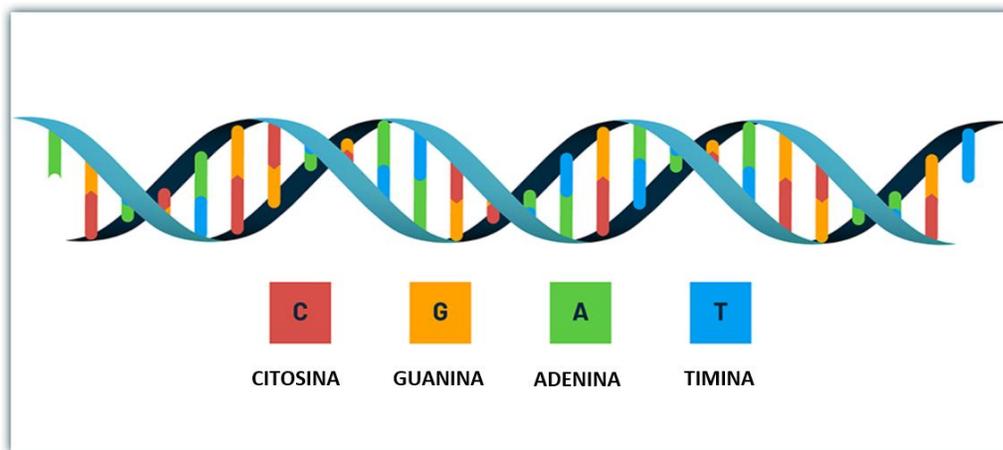
Los microbios cultivados en el laboratorio se pueden identificar utilizando diferentes métodos, pero la gran mayoría de los microbios no se pueden cultivar en el laboratorio.

Muchos microbios son visibles al microscopio, pero parecen idénticos y es imposible distinguirlos.

Debido a que proporciona la imagen más clara, Trace Genomics utiliza la secuenciación del ADN para comprender el microbioma del suelo. Para entender cómo hacemos eso, retrocedamos un poco...

¿Qué es el ADN?

El ADN se conoce como el "modelo de la vida" porque contiene toda la información necesaria para "construir" un organismo vivo. Es una molécula biológica formada por 4 componentes químicos diferentes llamados bases. Puedes pensar en ello como un idioma con 4 letras en el alfabeto.



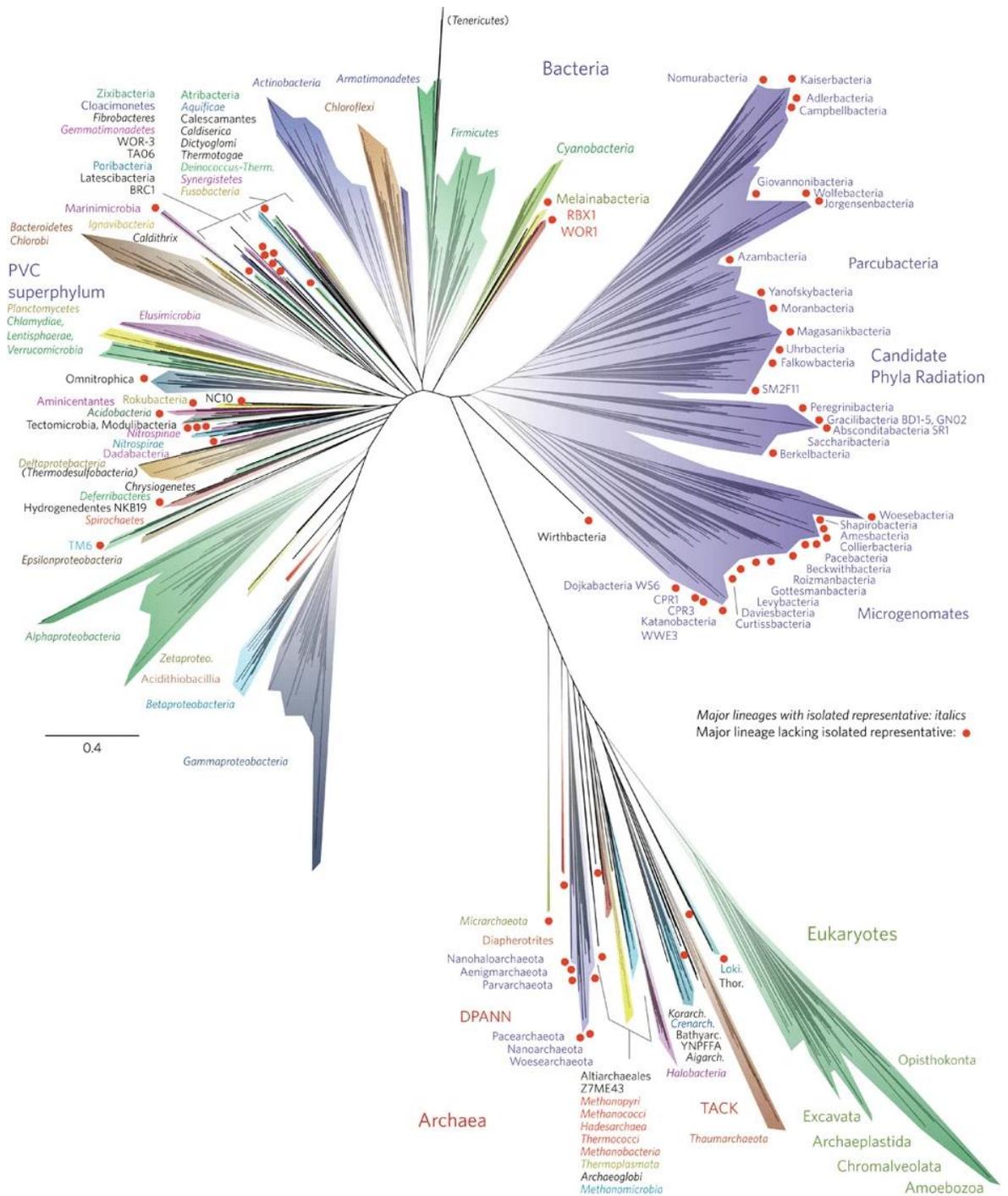
El orden de las bases en una molécula de ADN se puede leer como un manual de instrucciones. En el manual, cada capítulo tiene instrucciones para una pieza diferente de maquinaria (es decir, otra molécula biológica como una proteína), y el ADN que la codifica se llama gen. Todo el ADN de un organismo en particular se llama genoma, y el proceso que utilizan los científicos para leer un genoma se llama secuenciación de ADN.

Diferentes tipos de secuenciación de ADN ambiental.

Metagenómica

Secuenciar todo el ADN de un entorno se conoce como metagenómica. En los últimos 20 años, esta ha sido una herramienta de descubrimiento científico invaluable para comprender la verdadera amplitud del árbol de la vida. Debido a que la mayoría de los microbios no pueden cultivarse en el laboratorio ni diferenciarse bajo un microscopio, no teníamos idea de cuántas especies diferentes había. Desde el desarrollo de la metagenómica, los científicos han descubierto un tesoro de microorganismos de grupos enteros que antes eran desconocidos (imagen 1).

Imagen 1. Nuevo árbol de la vida que muestra una gran expansión (rama morada) procedente de la metagenómica.



Secuenciación de amplicones.

En lugar de secuenciar todo el ADN de un entorno, los científicos también pueden utilizar genes de “huellas dactilares” para ver qué tipos de microbios están presentes. Para cada uno de los grandes grupos de microbios (bacterias, arqueas, hongos y protistas), hay algunos genes que se encuentran en todos los miembros (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 todas las instancias de ese gen de un entorno. Es importante destacar que, si bien está bien conservado, el gen 16S también es lo suficientemente variable como para distinguir entre diferentes grupos de bacterias (aunque a menudo no es la diferencia entre especies).

Diferencias entre metagenómica y secuenciación de amplicones.

Si pensamos en el genoma de un solo organismo como un rompecabezas completo, un metagenoma del suelo es como tener 10.000 rompecabezas diferentes con sus piezas mezcladas en la misma caja. La secuenciación de amplicones es como buscar una pieza específica que todos los rompecabezas tengan en común, como la esquina superior izquierda, y usarla para identificar qué rompecabezas (genomas) están allí. La metagenómica analiza todas las piezas para intentar encontrar otra información útil, como cuántos genomas contienen ciertos genes funcionales (como el ciclo del nitrógeno o del fósforo).

NOTA 1. Los amplicones son fragmentos de ADN o ARN que son el origen y/o el producto de eventos de amplificación o replicación. Pueden formarse artificialmente, usando varios métodos como las reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) o las reacciones en cadena de la ligasa (LCR), o naturalmente por duplicación génica.

NOTA 2. La secuenciación de amplicones es una técnica que permite analizar un gran número de muestras simultáneamente con una alta cobertura, secuenciando el gran número de ampliaciones diferentes que resultan de la amplificación de una muestra habitual. Esta técnica se usa para detectar variaciones genéticas dentro de un gen u otras regiones específicas dentro de un genoma, entre otras aplicaciones.



LABORATORIOS A-L DE MÉXICO S.A. DE C.V.
Calle Esmeralda # 2847. Colonia Verde Valle. 44550 Guadalajara, Jalisco.
www.laboratoriosaldemexico.com.mx
Tel. 33 3123 1823 y 33 3121 7925. WhatsApp 33 28 03 79 60.
Información adicional: kcalderon@allabs.com.

Laboratorios de Agroecología con una visión social y solidaria.
VALORAMOS LA LIBERTAD DE INFORMACIÓN.
ESTE ARTÍCULO ES GRATUITO Y PUEDE SER REPRODUCIDO SIN NINGUNA LIMITANTE.