

## Metagenómica: la microbiología del futuro

La metagenómica es un campo nuevo en el que se persigue obtener secuencias del genoma de los diferentes microorganismos, bacterias en este caso, que componen una comunidad, extrayendo y analizando su ADN de forma global. La posibilidad de secuenciar directamente los genomas de microbios, sin necesidad de cultivarlos abre nuevas posibilidades que suponen un cambio de rumbo en la Microbiología. Este hecho es una revolución científica debido a su alto rendimiento y el bajo coste. Permite acceder al genoma sin ver a los microorganismos ni cultivarlos.

Silvia Alguacil Martín

13/4/2010 12:14 CEST



Francisco Rodríguez en la EEZ-CSIC.

El ADN es la molécula que contiene toda la información que determina cuáles van a ser las funciones y la finalidad de una célula dentro de un organismo multicelular o esa célula como tal de forma independiente cuando se trata de organismos unicelulares.

Francisco Rodríguez Valera investigador del grupo de Genómica Evolutiva de la Universidad Miguel Hernández, San Juan de Alicante, ha impartido una charla en la Estación Experimental del Zaidín (EEZ), centro perteneciente al Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), donde ha manifestado la posibilidad de secuenciar directamente los genomas de microbios sin necesidad de cultivarlos. Este hecho abre posibilidades nuevas que suponen un cambio de rumbo en la

Microbiología.

“Desde que los grandes pioneros de esta ciencia sentaran las bases del cultivo puro nunca un cambio tecnológico había abierto tantas posibilidades. Por primera los investigadores pueden profundizar en el conocimiento del 99% de los microbios que son difícilmente cultivables” según ha declarado Francisco Rodríguez.

El grupo de investigación de Francisco está dedicado explorar la diversidad bacteriana en ambientes naturales, especialmente los ambientes acuáticos marinos, como el propio mar, lagunas costeras y ambientes hipersalinos derivados de la evaporación del agua de mar.

Para llevar a cabo este estudio, estos investigadores se valen del uso de marcadores moleculares de identidad, tales como el gen del ARN ribosomal amplificado por técnicas de PCR de muestras naturales. La PCR o reacción en cadena de la polimerasa permite obtener una gran cantidad de copias de un gen, en este caso del gen del ARN ribosomal, así estos científicos consiguen amplificar la cantidad de ADN para posteriormente identificar si existen copias similares en otros microorganismos.

### **Microorganismos "puros"**

Lo interesante de este estudio es que el hecho de obtener la secuencia de una gran cantidad de microorganismos de medios no impactados por los humanos. Así se puede lograr estudiar y almacenar el ADN de estos microorganismos en bibliotecas de ADN donde está toda la información genética constituyendo una reserva genética de gran interés.

“Ahora usamos sobre todo metagenómica como la estrategia para el estudio de los ambientes marinos y costeros hipersalinos. Esta estrategia tendrá sin duda un impacto profundo en el estudio de la diversidad de procariotas, las perspectivas del medio ambiente y la población”, afirma este investigador.

Estos investigadores también están interesados en estudiar cómo la diversidad se mantiene y se genera en las poblaciones de bacterias y cómo cambian con el tiempo. Esta dimensión de la evolución de una población de microorganismos es muy importante y en gran parte está inexplorada. La estructura de la diversidad es un problema

extraordinariamente complejo, pero es esencial para comprender y predecir otros temas de importancia primordial, como la propagación de la resistencia a los antibióticos o la aparición de nuevas infecciones bacterianas mortales.

## **Banco de ADN**

La metagenómica persigue obtener secuencias del genoma de los diferentes microorganismos, bacterias en este caso, que componen una comunidad, extrayendo y analizando su ADN de forma global. Este ADN del metagenoma representa a todos los genomas de las bacterias que conforman la población.

El procedimiento empleado actualmente, consiste en aislar el material genético, manipularlo para finalmente construir genotecas de ADN donde quedará almacenada toda la información genética obtenida.

Para poder aislar el ADN, la muestra a emplear debe ser representativa de la comunidad bacteriana. Las células de los microorganismos se rompen mediante el empleo de métodos físicos o químicos. Una vez que el ADN de dichas células se encuentra libre, se debe separar del resto de la muestra.

Una vez aislado, hay que manipular este ADN genómico que es relativamente grande. Se debe cortar en fragmentos más pequeños mediante el empleo de unas enzimas conocidas como endonucleasas de restricción. Posteriormente, los fragmentos se ligan a los vectores.

Estos vectores, que portan los fragmentos de ADN metagenómico, se introducen en organismos de fácil cultivo y expresión. Esto permite que el ADN de las bacterias que no crecerían o lo harían con dificultad en las condiciones del laboratorio, pueda expresarse y ser estudiado. Las células transformadas se hacen crecer sobre medios selectivos, de forma que sólo las células portadoras de los vectores puedan crecer.

Se consigue así la construcción de librerías metagenómicas donde se encuentra almacenada una gran cantidad de información genética de gran interés.

Así pues, los análisis de metagenómica de comunidades complejas ofrecen la oportunidad de examinar de una manera integral cómo

responden los ecosistemas a las perturbaciones ambientales.

La metagenómica se convierte así en una herramienta útil para acceder a la elevada biodiversidad de las muestras ambientales. La propiedad más valiosa de la metagenómica es la de proporcionar la capacidad de caracterizar de forma eficaz la diversidad genética presente en dichas muestras, obviando las dificultades encontradas en el cultivo en laboratorio de determinados microorganismos. La información que proporcionen las librerías metagenómicas enriquecerá el conocimiento y, por tanto, las aplicaciones prácticas en campos como la industria, la investigación terapéutica o la sostenibilidad del medio ambiente.

Derechos: **Creative Commons**

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)