



Bacterias, océanos y chapopote

Puntos importantes

- Actualmente se conoce poco de la **metagenómica** de océanos debido a lo complicado y costoso que obtener las muestras.
- Se realizaron análisis genómicos en el **golfo de México**, pues este posee microorganismos con funciones extraordinarias.
- La metagenómica en océanos presenta un problema conocido como **efecto botella**, cuando las comunidades bacterianas cambian cuando la muestra es envasada.
- En Europa se llevo a cabo el **proyecto Tara** que consistió en la toma de muestras y secuenciación de todos los océanos.
- Se realizaron análisis bioinformáticos con el propósito de encontrar los llamados **Bacterial Gene Clusters (BGCs)**.
- Se utilizaron **algoritmos de agrupamiento** para poder clasificar por familias los genes encontrados dentro de los *BGCs*.
- Los **Pan BGCs** son de gran importancia ya que ayudan a encontrar los *BGCs* y genes *Core*, *Shell* y *Cloud* dentro de una comunidad bacteriana.

Resumen

La metagenómica es el estudio del ADN sobre una comunidad mixta de organismos. Dichos análisis son de gran importancia ya que nos permiten conocer detalladamente los ambientes que un grupo de microorganismos habita, así como también nos ayuda a encontrar las funciones requeridas para sobrevivir en cada ecosistema. En los últimos años se han hecho una gran cantidad trabajos de metagenómica sobre genomas terrestres. Esto principalmente se debe a dos razones, la primera de ellas es que obtener muestras que conserven de manera ideal los microorganismos del océano es una tarea bastante complicada. La segunda, tiene que ver con los costos que conlleva recolectar y preservar dichas muestras, lo cual debido a todo el equipo y tecnología requerido no hace nada barato.

A pesar de estas complicaciones, los océanos constituyen el 70% de nuestro planeta y la gran diversidad de comunidades bacterianas que

presenta podrían ser fundamentales para el desarrollo de nuevos fármacos. Es por este motivo que el Dr. Lorenzo Segovia y su equipo se encargan de estudiar los secretos que guardan los genomas microbianos del fondo marino. Dichos análisis, se realizaron a partir de muestras recolectadas en el golfo de México, las cuales fueron purificadas para extraer el genoma de las bacterias en dicha región. Posteriormente, se busco encontrar los elementos codificados en las diversas muestras, pues los microorganismos de esta zona son capaces de desempeñar tareas extraordinarias como la degradación de hidrocarburos. Por lo que, para descubrir los genes de interes suelen utilizarse programas computacionales como *Kraken2*.

Una vez que se obtuvieron los resultados de esta investigación, se realizaron análisis para busqueda de antibioticos sobre los datos recopilados en el proyecto Tara, el cual captura muestras de oceanos en todo el mundo. Posteriormente, se secuenciaron estos datos con la intención de encontrar regiones conocidas como *Bacterial Gene Clusters* (BGCs). Es bien conocido que los BGCs suelen contener una gran cantidad de genes codificantes para metabolitos secundarios, por esta razon son un blanco ideal en la busqueda de nuevos antibióticos. Como consecuencia de estos estudios, se encontro gran variedad de lantibioticos hidrofobicos que pueden ser utilizados en ungüentos.

A pesar de estos resultados, cabe destacar que los estudios de metagenomica implican un alto grado de complejidad debido a que los genomas de las especies en el medio suelen estar muy fragmentados, lo cual impide hacer estudios de asociación precisos. Por lo que, para lidiar con esta problemática es necesario respaldarse de algoritmos de agrupamiento como lo son el metodo k-means y ortho-MCL. Aunado esto, contrario a las creencias populares, el uso de controles en la bioinformatica es imprescindible. Gracias a estas precauciones tomadas, se lograron encontrar 140 BGCs nuevos entre los que se logro localizar un aproximado de 14 grupos de antibioticos que son fuertes candidatos.

Finalmente, es importante mencionar que las herramientas de computo avanzan rapidamente. Debido a esto innovaciones como la inteligencia artificial o el aprendizaje de maquina estan siendo de gran ayuda en los estudios de metagenomica, un ejemplo de esto es la llegada de las herramientas que permiten generar los Pan BGCs y el programa MAGs que procura realizar el metagenoma mas consistente posible.