



## Bacterias, océanos y chapopote

### Puntos importantes

- Actualmente se conoce poco de la **metagenómica** de océanos debido a lo complicado y costoso que es 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 que comprende a una comunidad mixta de microorganismos. Dicha disciplina nos permite conocer a detalle los ambientes donde habitan, así como las funciones requeridas para sobrevivir en ellos. En los últimos años la mayoría de los metagenomas realizados corresponden exclusivamente a genomas terrestres. Esto se debe principalmente a dos razones. La primera de ellas es que obtener muestras del océano que conserven idealmente los microbios, es una tarea bastante complicada. La segunda, tiene que ver con los elevados costos que conlleva recolectar y preservar dichas muestras.

A pesar de estas complicaciones, los océanos constituyen el 70% de nuestro planeta y la gran diversidad de comunidades bacterianas en su interior 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. Su trabajo consiste en extraer el genoma de las bacterias del golfo de México, para posteriormente encontrar los elementos codificados en las diversas muestras. Pues los microorganismos de esta zona son capaces de desempeñar tareas realmente extraordinarias como la degradación de los hidrocarburos. Dichas funciones operan a través de metabolitos secundarios que a su vez poseen actividad antibiótica propia.

Empleando programas computacionales como *Kraken2*, se inició la búsqueda de los genes responsables de estos metabolitos. Una vez que se obtuvieron los resultados, se complementó el análisis de antibióticos con los datos recopilados en el proyecto Tara, cuya iniciativa consiste en capturar muestras de océanos en todo el mundo. A continuación se secuenciaron estos datos con la intención de descubrir agrupamientos que contienen una gran cantidad de genes codificantes para metabolitos secundarios. Estas regiones son conocidas como *Bacterial Gene Clusters* (BGCs) y sirven como blanco para el descubrimiento de antibióticos. Gracias a estos estudios, se encontró una gran variedad de antibióticos hidrofóbicos que pueden ser utilizados sobre la piel como ungüento, sin embargo estos resultados no fueron muy alentadores ya que los medicamentos más efectivos son aquellos que pueden ser ingeridos.

Debido a esto, la nueva meta consistió en buscar compuestos hidrofílicos sobre los datos. No obstante, los estudios de metagenómica implican una gran complejidad ocasionada por el alto grado de fragmentación en el genoma de las especies. Por lo que, para lidiar con esta problemática fue necesario respaldarse con algoritmos de agrupamiento como lo son el método k-means y ortho-MCL. Aunado a esto, el uso de controles bioinformáticos resultó imprescindible. Gracias a esta metodología, se lograron encontrar 140 BGCs nuevos entre los que se consiguió localizar un aproximado de 14 grupos de antibióticos que son fuertes candidatos.

Finalmente, es importante mencionar que las herramientas de cómputo avanzan velozmente. Debido a esto, innovaciones como la inteligencia artificial o el aprendizaje de máquina están siendo de gran ayuda en los estudios de metagenómica. 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 más consistente posible.