

DE INTERÉS PARA TU CONOCIMIENTO

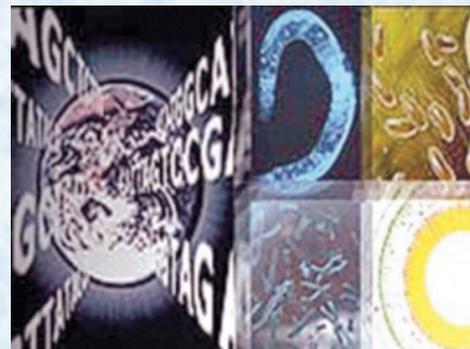
INICIATIVA GLOBAL SOBRE METAGENÓMICA¹

La ciencia de la metagenómica o genómica medioambiental es un campo emergente que consiste en el estudio de los genomas que se obtienen de muestras obtenidas directamente del medio ambiente, en lugar de cultivos clonales de organismos individuales. La metagenómica consiste en el análisis de ADN de diversas fuentes medioambientales como el suelo, el agua, la flora intestinal de una especie, etc. Esta nueva disciplina científica, quizás desde la invención del microscopio, presenta la gran oportunidad de revolucionar el entendimiento del mundo microbiano, de acuerdo al Consejo Nacional de Investigación de los Estados Unidos de América, en el reporte “Esparcido luz sobre miles de nuevos microorganismos puede llevar a nuevos conceptos biológicos así como, hacia aplicaciones prácticas para la salud humana, agricultura y administración medioambiental”.

Los microorganismos son esenciales para la vida sobre la tierra, transforman elementos claves en energía, mantienen el balance químico en la atmósfera, proveen a las plantas y animales con nutrientes, y realizan otras funciones necesarias para la supervivencia. Por ejemplo, en el cuerpo humano hay miles de millones de microbios benignos, que ayudan a digerir los alimentos, a descomponer las toxinas, y a pelear contra otros microbios causantes de enfermedades. Los microbios son usados comercialmente para muchos propósitos incluyendo para hacer antibióticos, remediar derrames de petróleo, incrementar la producción agrícola y producir biocombustibles.

Los estudios de la Metagenómica comienzan por la extracción de ADN de todos los microbios que viven en una muestra de un particular medioambiente; estos podrían ser miles o aun millones de organismos en una muestra. Los materiales genéticos extraídos consisten de millones de fragmentos de ADN al azar que pueden ser clonados en especies que puedan ser mantenidas en un laboratorio de bacterias. Esas bacterias son usadas para crear “bibliotecas” que incluyen a los genomas de todos los microbios encontrados en un hábitat, del medioambiente natural de los organismos.

Aun cuando los genomas encontrados están fragmentados, nuevas tecnologías de secuenciación del ADN están disponibles (el Proyecto Genoma Humano tardó 14 años para secuenciar 3,000 millones de pares de bases, tecnología del 2007, puede hacer un trabajo similar en 40 minutos), y hay computadoras más poderosas que están permitiendo a los científicos el que tenga sentido, unir las piezas de los rompecabezas metagenómicos. Ahora, pueden examinar secuencias de genes de miles de microorganismos previamente desconocidos, o inducir a las bacterias a producir proteínas que son seleccionadas por capacidades tales como producción de vitaminas o resistencia a los antibióticos.



La Metagenómica permitirá ver hacia adentro de un mundo microbiano previamente invisible, abriendo una frontera de la ciencia que hasta recientemente era inimaginable, dice Jo Handelsman, co-Presidente del Comité que escribió el reporte.

El reporte llama hacia una nueva Iniciativa Global sobre Metagenómica, de manera similar a como se realizó el Proyecto del Genoma Humano, que produjo el mapeo de nuestro material hereditario; en el reporte se recomienda seguir direcciones promisorias para estudios futuros. Concluyendo que el camino más efectivo que abarque todo para promover el campo de la Metagenómica, debe de contener unos pocos proyectos de gran escala coordinados internacionalmente y numerosos estudios de tamaño mediano y pequeño.

De acuerdo al reporte la meta de los grandes proyectos debería ser la caracterización en gran detalle de comunidades microbianas escogidas cuidadosamente en habitats de alcance mundial. Esos estudios podrían unir a científicos de múltiples disciplinas alrededor del estudio de una muestra particular, habitat, función o retos analíticos. Por ejemplo, un gran proyecto podría enfocarse sobre la comunidad asociada con el cuerpo humano, en donde otros podrían hacerlo en suelo y agua marina, o medio ambientes manejados, tales como sitios de procesamiento de sedimentos.

Los grandes proyectos sostenidos por unos diez años, deben ser Centros “Virtuales” colectando datos de científicos trabajando en muchos lugares en todo el mundo. Estos podrían servir como incubadoras para el desarrollo de técnicas novedosas y bases de datos de comunidades, que podrían informar a los investigadores que estuvieran realizando pequeños proyectos. Las bases de datos deben incluir no sólo la secuencia de genes, sino también información acerca del muestreo, técnicas de extracción de ADN, así como métodos computacionales y algoritmos, empleados para analizar los datos. En suma, los grandes proyectos podrían proveer la “gran ciencia” que llama la atención y que frecuentemente es útil para despertar el interés público.

1. Staff Writers (2007). Science Of Metagenomics Will Transform Modern Microbiology. Terra Daily, Washington, D.C., marzo 28. http://www.terradaily.com/reports/Science_Of_Metagenomics_Will_Transform_Modern_Microbiology_999.html