MARCADORES FILOGENÉTICOS ALTERNATIVOS AL GENE 16S rDNA EN ESTUDIOS DE DIVERSIDAD BACTERIANA

Sylvie Le Borgne Le Gall
Instituto Mexicano del Petróleo, Eje Central Lázaro Cardenas 152, Col. San bartola Atepehuacan, 07730
México D.F., fax: +52-55-9175-6239, sylvielb22@yahoo.fr

Palabras clave: 16S rDNA, bacterial diversity

Introducción. Actualmente el gene 16S rDNA es el gene "blanco" más utilizado en estudios de diversidad bacteriana en diferentes ambientes naturales o sometidos a intervención humana así como en estudios de filogenia bacteriana (1). El gene16 S rDNA es un marcador universal relativamente poco afectado por las presiones ambientales además de que posee una función esencial en la síntesis de las proteínas. Sin embargo, el uso de este gene puede presentar ciertas desventajas debido a que es tan conservado que no permite distinguir con precisión entre algunas especies bacterianas además este gene puede ser presente en más de una copia, lo cual dificulta la cuantificación de las especies en comunidades complejas. En consecuencia, algunas especies bacterianas pueden ser sobre o subestimadas. En el campo del diagnostico microbiológico molecular, este gene puede ser utilizado solamente cuando los organismos a evidenciar son suficientemente diferentes pero no cuando se trata de distinguir especies diferentes dentro de un genero. Los objetivos de este trabajo son: (i) revisar las ventajas y desventajas del empleo de los genes ribosomales para la identificación bacteriana, en particular en biotecnología ambiental y de alimentos e (ii) discutir el uso de genes diferentes al gene 16S rDNA como posibles alternativas.

Materiales y métodos. Una extensa revisión bibliográfica fue realizada utilizando las herramientas de búsqueda del NCBI (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Literature/). La búsqueda de secuencias fue realizada en la base de datos pública GenBank (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html). Se utilizaron secuencias tanto de DNA como de proteínas. Secuencias de bacterias tipo depositadas en colecciones fueron utilizadas y se trato en lo posible no tomar en cuenta secuencias de bacterias no cultivadas. Los alineamientos fueron realizados usando el programa Clustal W (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genbank/index.html) y los árboles filogenéticos fueron construidos utilizando las herramientas contenidas en el paquete informático MEGA2 (http://www.megasoftware.net/).

Resultados y discusión. Los estudios de diversidad bacteriana incluyen tanto el estudio de la composición genética de estos microorganismos como la detección de su presencia en diferentes hábitats y su función en los ecosistemas. Diversas bacterias son de interés para nosotros y tomaremos aquí como ejemplos, en microbiología ambiental las bacterias participando en la biocorrosion y en microbiología de alimentos, algunas bacterias lácticas. Estas bacterias presentan problemas en cuanto a su detección e identificación. Hemos identificado dos grandes enfoques para estudios de biodiversidad bacteriana dependiendo de la aplicación final del estudio, estos enfoques se muestran en la figura 1. Se presentará un listado y estudio comparativo de secuencias de lenta y rápida evolución aplicables.

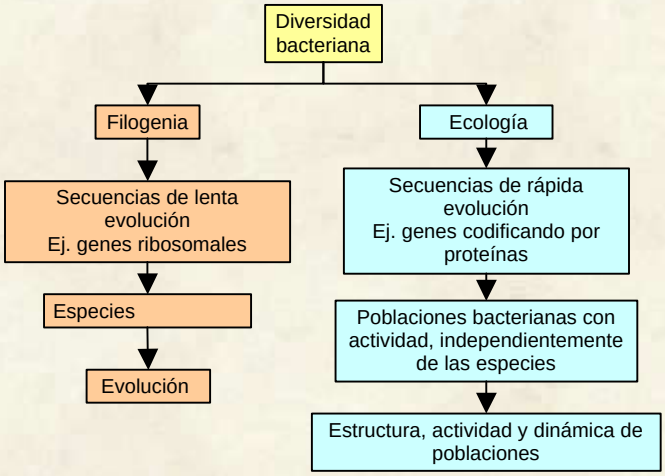


Fig. 1. Estimación de la diversidad bacteriana mediante secuenciación de DNA. .

Posibles genes a parte del gene 16S rDNA incluyen por ejemplo los que codifican para la subunidad β de la RNA polimerasa *rpoB*, la proteina RecA o la DNA girasa *gyrB*. En el caso de las bacterias sulfato-reductoras que intervienen en la Biocorrosión, se consideran los genes codificando por las enzimas APS reductasa, hidrogenasa y desulfitoreductasa. Es posible comparar la filogenia obtenida con los genes ribosomales y la obtenida con los otros genes obteniéndose clasificaciones congruentes y en algunos casos más precisas.

Conclusiones. Una variedad de genes diferentes del gene 16S rDNA pueden ser utilizados para estudios de diversidad bacteriana. Sin embargo, una limitante es que solo la base de datos de genes 16S rDNA es suficientemente amplia en comparación con la base de datos de otros genes. El uso de otros genes es valioso para diseñar reacciones de PCR específicas de especies bacterianas y pueden dar una visión más precisa de la filogenia de bacterias muy cercanas y difíciles de distinguir mediante análisis solo del gene 16S rDNA. Por otro lado, cuando se requiere detectar una actividad metabólica más que una especie o un grupo particular de bacterias, algunos genes codificando por enzimas responsables de esta actividad es posible.

Bibliografía.

1.- Woese, C.R. 1987. Bacterial evolution. Microbiol. Rev. **51**, 221-71.