



Cuaderno n° 117. La Metagenómica

Como manifestara el investigador estadounidense Stephen Jay Gould (1941-2002): “...en la Tierra no vivimos en la Era del Hombre o de los humanos, vivimos hoy, y siempre, en la Era de la Bacterias”. Las bacterias (Reino procariota) son, y siempre han sido, la forma de vida predominante en la Tierra. Se cree que fueron los primeros habitantes del planeta, hace 3.500 millones de años, lo que significa que son 2.000 millones de años más antiguos que los organismos eucariotas, y tienen una tasa de reproducción mucho más rápida.

Los procariotas pueden vivir en ambientes muy diversos. La piel humana, por ejemplo, alberga a unos 100 mil microbios por cm², hay microorganismos que viven en volcanes a 250°C, otros en ambientes ácidos (pH entre 1 y 2), otros a profundidades entre 5 y 10 Km. de la superficie terrestre soportando presiones enormes. Son fundamentales para el planeta porque fabrican y mantienen la composición de la atmósfera y del suelo, convierten elementos clave como carbón, nitrógeno, y azufre en formas accesibles para otros seres vivos y, contribuyen a formar la mayor biomasa del planeta.

Todo esto convierte a los microorganismos en el foco de importantes proyectos de investigación. Incluso, los científicos destacan la importancia del estudio no sólo de los microorganismos como individuos sino de las comunidades de microbios, los cuales desarrollan tareas complejas esenciales para la salud de los seres humanos y la sustentación del planeta.

Conocer por ejemplo el genoma de una comunidad entera de bacterias podría aportar datos útiles acerca de la diversidad ambiental, la evolución de poblaciones, la respuesta del ecosistema a los cambios, la influencia de los microorganismos en otros seres vivos y en el ambiente, y sus posibles aplicaciones. Del estudio del ADN de comunidades de microorganismos, se ocupa la **Metagenómica**, un campo nuevo en el que se busca obtener y analizar secuencias del genoma de los diferentes microorganismos que componen una comunidad.

Qué es la metagenómica

Si bien la humanidad se benefició enormemente a partir de descubrimiento y estudio de los microbios desde el siglo 17, esos beneficios provienen de conocer una minúscula fracción de los millones de especies de microbios que existen en el ambiente. La principal causa reside en que los métodos tradicionales con los que se estudian habitualmente los microbios, se basan en el aislamiento y el cultivo de estos organismos. Y, considerando que no todos pueden cultivarse en el laboratorio, se “pierde” hasta un 99% de los microbios de una muestra.

El campo emergente de la metagenómica abre las puertas para explorar microbios no estudiados hasta la fecha y, más innovador aún, para investigar comunidades



microbianas enteras. La **metagenómica**, también llamada **genómica ambiental** o **genómica de comunidades**, es una rama de la genómica (ver cuaderno n° 114) en la que se estudian los genomas de comunidades enteras de microbios, sin la necesidad de aislarlos previamente. Es así como la metagenómica se convierte en una herramienta ventajosa y posibilita la construcción de bibliotecas genómicas de muestras complejas de diversos microorganismos.

Esta tecnología se basa en la extracción, secuenciación y análisis de ADN microbiano extraído directamente de comunidades de muestras de diversos ambientes, como agua, suelo, tracto digestivo, etc. (ver cuaderno n° 67 y 114). La metagenómica permite obtener así información no sólo de la estructura de la comunidad (riqueza de especies, diversidad y distribución) sino también de la función potencial de la comunidad.

La iniciativa de concretar proyectos metagenómicos requiere de la colaboración entre múltiples centros de investigación en todo el mundo, de la mejora de las tecnologías de secuenciación de genes y el aprovechamiento de las herramientas más actualizadas de bioinformática. El avance tecnológico es un requisito para la secuenciación de metagenomas ya que los secuenciadores que se venían utilizando, incluso con el proyecto Genoma Humano (ver Cuaderno n° 55), no resultan totalmente poderosos para secuenciar metagenomas en corto tiempo.

Cómo se trabaja en metagenómica

La metagenómica incluye una amplia variedad de técnicas y estrategias de trabajo. La mayoría de estos estudios constan de algunos primeros pasos comunes:

- Los investigadores obtienen una muestra de un ambiente particular (suelo, agua de mar, la boca de un ser humano, etc.) y se realiza una extracción de ADN de todos los microbios presentes en la muestra (ver cuaderno n° 34, 67). También es posible extraer proteínas o ARN de las muestras. La mayoría de los proyectos de metagenómica se enfocan en los microbios que tienen pequeñas cantidades de ADN, como bacterias o Arqueas (identificadas como una división mayor de organismos en 1977; pueden vivir en ambientes extremos; ver Cuaderno n° 57).
- Una vez que el ADN es extraído se lo secuencia para estudios comparativos o para búsquedas de genes en particular. Se induce una replicación de ADN del microorganismo para crear una "Biblioteca" la cual contiene porciones de genomas de todos los microorganismos de una muestra. Actualmente, las técnicas más nuevas permiten secuenciar directamente el ADN de una muestra, y evita la necesidad de crear una biblioteca, es decir que no contiene "volúmenes" (genomas) separados de cada especie, sino que consiste en una mezcla de millones de fragmentos de ADN al azar de todos los microorganismos muestreados de una comunidad.
- Luego, el tratamiento de la biblioteca de genomas (metagenoma), depende del objetivo de búsqueda (ver gráfico 1). En proyectos de metagenómica basado en

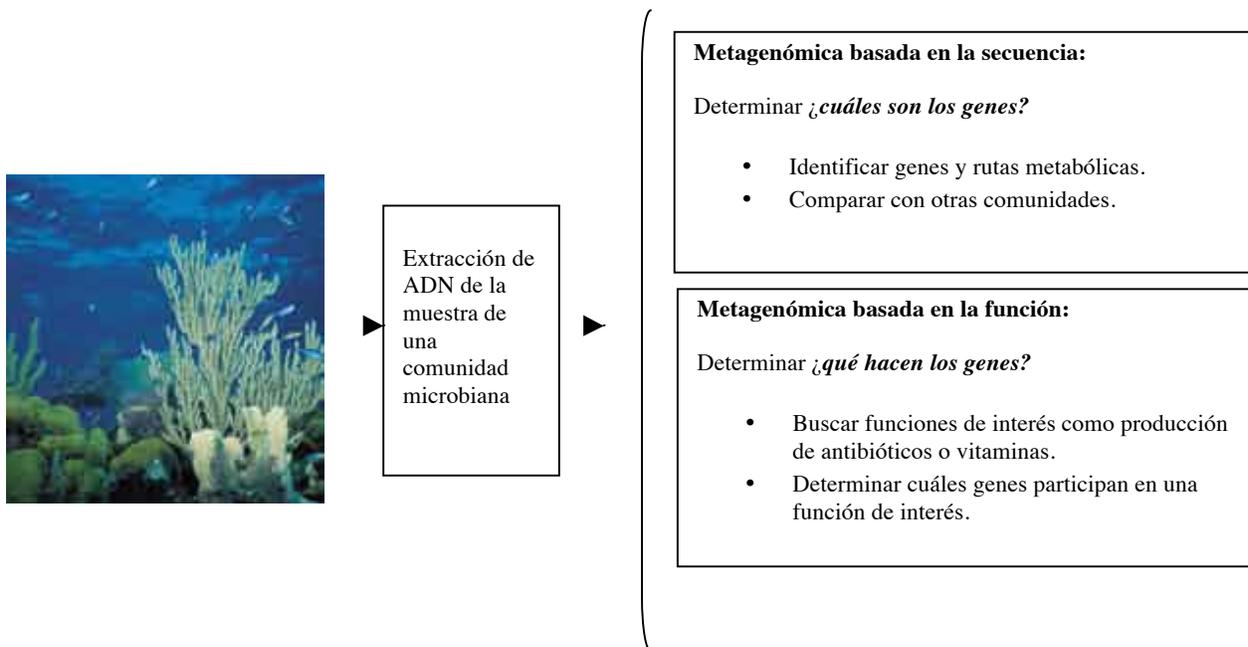
"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.

secuencias, los investigadores se focalizan en encontrar la secuencia genética completa -el patrón de bases nitrogenadas (A, C, G, T) en las cadenas de ADN – de los microorganismos descubiertos en la muestra. La secuencia puede entonces ser analizada de diferentes formas. Por ejemplo, los investigadores pueden usar la secuencia de una comunidad para determinar el genoma completo de especies microbianas individuales.

O los investigadores podrían usar la secuencia para analizar el genoma de una comunidad como un todo, lo cual ofrece información sobre la ecología de la población y la evolución.

- Los proyectos de metagenómica basados en la función, exploran los productos que producen los microorganismos en una comunidad natural. De esta forma es posible extraer directamente ADN a partir de una comunidad microbiana e identificar nuevas proteínas y metabolitos. A través de estos métodos los científicos pueden identificar funciones desconocidas hasta hoy (debido a que previamente el estudio se basaba sólo en microorganismos cultivados en laboratorio).

Gráfico 1. Objetivos de la metagenómica



Aplicaciones y proyectos de metagenómica en marcha

La metagenómica tiene un enorme potencial, y día a día se constituye en una herramienta estratégica en distintas áreas de la medicina, ciencias de la vida y de la Tierra. Existen diversos proyectos de este tipo, con objetivos y alcances diferentes.

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



Desde un punto de vista biotecnológico, se han podido obtener enzimas y metabolitos con propiedades novedosas de interés industrial. También diversas empresas farmacéuticas están adoptando esta metodología para obtener nuevos antibióticos. Otro punto que determina la utilidad de la metagenómica es la capacidad de ensamblado e interpretación de la información obtenida de los metagenomas. Esto constituye el mayor desafío de la bioinformática en el diseño de nuevas estrategias para lidiar con una mezcla de genomas resultantes de cientos de microorganismos presentes en una muestra tomada de algún ambiente.

- Uno de los proyectos de este tipo es el estudio metagenómico de los microorganismos del Mar Sargasso (publicado en la Revista Científica *Science* en 2004). El pionero en genómica, Craig Venter, junto con otros científicos, analizaron los microorganismos de una muestra de agua del Mar Sargasso (Bermudas) y secuenciaron sus genomas. Encontraron más de 1 millón de genes nuevos e infirieron que correspondían a unas 1.800 especies. El trabajo en el Mar Sargasso, un lugar donde se suponía que había baja densidad de especies, ha demostrado que aún hay mucho por hacer para llegar a entender la complejidad del océano y sus habitantes. Más sorprendente aún fue el descubrimiento de 800 genes nuevos para fotorreceptores (moléculas que usan los organismos para captar luz). Hasta ahora, sólo se han descrito alrededor de 150 fotorreceptores en las especies conocidas. Este descubrimiento puede llevar al empleo de nuevas fuentes de energía. Los fotorreceptores pueden ser útiles en la conversión de energía lumínica en hidrógeno. Por otra parte este estudio también puede servir para encontrar bacterias útiles para los procesos de biorremediación (uso de microbios para limpiar contaminantes del medio ambiente; ver Cuadernos nº 36, 46, 88). Craig Venter y sus colegas del Instituto de Investigación Genómica, en la Universidad del Sur de California y de la Estación Biológica de Bermudas trabajaron juntos formando parte de una gran expedición en el barco *Sorcerer II*. A continuación el plan es navegar alrededor del mundo tomando y analizando diferentes muestras de agua.

- Un proyecto basado en “metagenómica” podría ayudar a la detección y tratamiento de las enfermedades buco dentales, a través del análisis de las complejas comunidades bacterianas de la cavidad bucal. El proyecto está siendo realizado por científicos del Instituto de Investigación Genómica (TIGR) y de la Universidad de Stanford, y está subsidiado por el Instituto Nacional de Investigación Dental y Craneofacial (NIDCR), que forma parte de los Institutos Nacionales de Salud (NIH) de los Estados Unidos. En los últimos años, los nuevos métodos de detección revelaron que existen más de 400 especies de bacterias en la cavidad oral. Sin embargo, apenas 150 de estas especies han sido identificadas y cultivadas en el laboratorio. Con la nueva estrategia, se podrán identificar fragmentos del material genético (ADN) de todos los microbios, incluyendo los hasta ahora desconocidos. La idea es comparar, por ejemplo, la diversidad

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



microbiana que tiene una persona sana en su boca y compararla con la de una persona que sufre enfermedad periodontal (infección crónica de las encías). Además, los investigadores podrán analizar qué genes se activan o se inactivan cuando la enfermedad está presente. Las muestras están siendo colectadas a partir de diferentes sitios de la boca de diferentes personas, por el laboratorio de Gary Armitage de la Universidad de California en San Francisco. Se espera que el análisis revele la existencia de miles de genes y grandes fragmentos de ADN (hasta genomas enteros) de bacterias desconocidas hasta el momento. Usando las técnicas de “microarrays” o micromatrices (ver cuaderno n° 114), los científicos podrán examinar los patrones de expresión génica de las comunidades bacterianas.

- Por otra parte, la metagenómica augura una aplicación valiosa en la mejora del tratamiento de las aguas residuales, uno de los procesos biotecnológicos mediado por microbios más importante del planeta. Investigadores del Instituto de Genómica DOE JGI del Departamento de Energía de Estados Unidos, junto con otros de la Universidad de Wisconsin-Madison, y de la Universidad de Queensland, Australia, publicaron el primer estudio metagenómico de un proceso de tratamiento de aguas residuales, mediante el cual se intenta generar secuencias de ADN directamente de las muestras de aguas residuales, con el objetivo de tener un “mapa” de los genes que hay presentes en el proceso. La presencia de estos genes se relaciona con las posibles vías metabólicas que ocurren en ese ambiente particular, y esto ayudará a entender cómo funciona el sistema y así poder revertir o corregir fallas y accidentes en el tratamiento de aguas. Este es el primer paso de una estrategia más amplia que estudia a las comunidades microbianas con el objetivo de establecer modelos predictivos que sirvan para entender cómo funcionan estas comunidades. Como ejemplo, han logrado secuenciar los genes de la bacteria *Accumulibacter phosphatis*, clave en la remoción del exceso de fósforo de las aguas residuales, sin la necesidad de tenerlo como cultivo puro. Esta bacteria juega un papel vital en este proceso, ya que puede acumular enormes cantidades de fósforo. La secuencia de su genoma también permitirá entender cómo y por qué estos organismos acumulan fósforo, y ayudará a optimizar el proceso de remoción del exceso de fósforo de las aguas residuales.

- Un nuevo proyecto de metagenómica del Centro de Secuenciación en la Escuela de Medicina Baylor, en Houston, se propone secuenciar el genoma de todos los microbios residentes en el cuerpo humano, sin la necesidad de aislarlos y cultivarlos in vitro. Comparando las comunidades microbianas en personas de diferentes edades, orígenes, y condiciones de salud, los investigadores esperan encontrar la manera de prevenir o tratar las enfermedades.

- Otros proyectos metagenómicos se aplican al drenaje ácido de minas y otros

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



ambientes extremos, al cuerpo humano y el rumen de bovinos, al suelo, y en microbios que ayudan al crecimiento de los cultivos o participan en la degradación de la celulosa. Se espera que próximamente los organismos eucariotas sean incluidos en proyectos de metagenómica a medida que surjan nuevas técnicas que faciliten el trabajo con muestras grandes de ADN.



CONSIDERACIONES METODOLÓGICAS

Si bien el tema que aborda este Cuaderno se refiere a la extracción y secuenciación del ADN de bacterias, el planteo más novedoso desde el punto de vista conceptual, se refiere al estudio del ADN, no de los individuos ni de las especies, sino de las comunidades. Una comunidad está integrada por varias especies que habitan un mismo lugar y que interactúan entre sí y con el ambiente físico de diferentes maneras. Es decir que la metagenómica basa su interés y su utilidad en el estudio de las poblaciones que integran la comunidad, y no del individuo. Es interesante plantear con los alumnos, el paralelismo entre este aspecto que plantea la metagenómica, con el abordaje actual de la Evolución, que también centra la temática del cambio y la adaptación en torno a las poblaciones en lugar de considerar el proceso evolutivo como cambios que ocurren a nivel individual. De hecho, en el estudio del proceso evolutivo resulta fundamental el análisis genético de los restos fósiles, ya que aporta datos en cuanto al parentesco evolutivo entre especies y sus cambios en el tiempo.

Del mismo modo, el comportamiento y las interacciones entre los seres vivos en el ecosistema pueden conocerse a partir de estudiar el nivel molecular (genético). Es interesante plantear que ambas disciplinas (genética y ecología) pueden complementarse para entender en complejo funcionamiento de un ecosistema.

La metagenómica, por lo tanto, se puede incorporar al diseño curricular, al estudiar el tema **origen de la vida, evolución y ecosistemas**.

El proceso evolutivo habría llevado a la formación de nuevas especies a partir de las primeras bacterias que habitaron el planeta. Desde ese momento las bacterias y el resto de los seres vivos comparten el ecosistema mayor, la Tierra, estableciendo entre ellos complejas relaciones. A partir del estudio del ADN de las comunidades (metagenómica), es posible conocer aspectos genéticos que determinan no solo las características y funciones de los organismos sino de las relaciones que establecen entre ellos y con el ambiente, y que permiten la supervivencia de los individuos, y la persistencia del ecosistema en el tiempo.

En este planteo es importante considerar el concepto de **sistema**, que no se aplica solo a la biología. El concepto de sistema se aplica tanto a una célula, como a un organismo, a un ecosistema, y también a un sistema educativo o informático, entre otros. El **sistema** es un conjunto de componentes, cada uno de ellos con una función particular, que interactúa con el resto, y que dependen unos de otros para mantener la integridad y el funcionamiento del sistema en su totalidad. Si un componente falla, el sistema en su totalidad puede verse afectado. El tema de la metagenómica puede

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



incorporarse en el aula como una nueva forma de estudiar un sistema ecológico, o ecosistema. Es decir que el conocimiento del ADN permitiría interpretar el funcionamiento del ambiente como un sistema. Los diferentes tipos de ADN que se encuentran en una muestra, pertenecientes a diferentes especies serían los componentes de este sistema, que interactúan entre sí, y permiten que el sistema se sustente. Un cambio en la composición de este metagenoma podría afectar a la comunidad en su totalidad.

Es decir que el estudio del ecosistema a partir de la interacción entre factores bióticos y abióticos (como se plantea habitualmente en la escuela) tiene ahora un nuevo enfoque basado en el estudio del ADN de la comunidad.



ACTIVIDADES

Actividad 1: Lectura y análisis de una novedad científica

Esta actividad propone interpretar el concepto de metagenómica y su relación con la biotecnología a partir de la lectura de una noticia sobre aplicación con beneficios económicos y ecológicos. Se sugiere complementar o ampliar la Actividad con la información que aportan los Cuadernos n° 22, 58, 90, 102, 113 y 116.

Fuente: <http://www.argenbio.org/index.php?action=notas¬e=4749>

Publicado el: 25-06-2009

Biocombustibles: metagenómica para encontrar nuevas enzimas que degradan biomasa

Usan a la metagenómica para encontrar nuevos genes y enzimas que puedan transformar a la biomasa lignocelulósica en azúcares fermentables.

Uno de los cuellos de botella en la producción de etanol a partir de la lignocelulosa de la biomasa es el paso de sacarificación, en el que la celulosa de la biomasa se degrada en azúcares simples capaces de ser empleados por las levaduras para la fermentación. La celulosa es una larga cadena de moléculas de glucosa conectadas entre sí por uniones denominadas glicosídicas. Las enzimas capaces de romper estas uniones (las glicosil-hidrolasas) son potencialmente útiles para la producción de etanol a partir de biomasa, y son descubiertas, generalmente, a través de programas de screening o rastreo, que incluyen el cultivo de microorganismos en el laboratorio. Pero más recientemente ha surgido la metagenómica como una estrategia para el descubrimiento de genes y enzimas sin la necesidad de cultivar a los microorganismos correspondientes.

Con la ayuda de técnicas de biología molecular se obtiene el ADN de comunidades microbianas enteras (por ejemplo, de muestras de suelo), y se buscan genes que puedan codificar para enzimas que degradan la biomasa. En un trabajo reciente, Luen-Luen Li y sus colegas del Laboratorio Nacional Brookhaven, de Estados Unidos, publicaron una revisión sobre la aplicación de la metagenómica a la búsqueda de genes relacionados con la producción de biocombustibles en comunidades microbianas complejas. Uno de los hallazgos del trabajo señala que la metagenómica del sistema digestivo de las termitas contiene más secuencias de glicosil-hidrolasas que otras muestras, como la microflora humana, por ejemplo.

Guía de preguntas para analizar la nota

- 1) ¿Qué es un biocombustible?
- 2) ¿De dónde proviene el bioetanol?
- 3) ¿Cuál es el proceso biotecnológico implicado en la producción de bioetanol y qué microorganismo participan?
- 4) ¿Qué tipo de enzimas participan en la sacarificación de la celulosa y cuál es su modo de acción?
- 5) ¿Cuál es el paso en la producción de biocombustibles que se considera, según esta nota, el “cuello de botella”? ¿Qué significa y por qué se produce?

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



- 6) ¿Qué aplicación tiene la metagenómica en la mejora de estos procesos biotecnológicos?
- 7) ¿De qué organismo se hizo la toma de muestras para el análisis de metagenómica, en el caso de esta nota, y por qué?
- 8) ¿Cuál es el beneficio ambiental, evidenciado en este artículo, relativo a la aplicación de la metagenómica?

RESPUESTAS

1) Los biocombustibles son combustibles que provienen de la degradación de biomasa, o materia orgánica. A diferencia de los combustibles fósiles, que provienen de la materia orgánica acumulada durante enormes períodos de tiempo, los biocombustibles provienen de una fuente renovable (ver cuaderno n° 58).

2) El bioetanol es un alcohol y su mayor parte se fabrica a partir de almidones que son convertidos en azúcares, y los azúcares se transforman por fermentación en etanol. La caña de azúcar es la fuente más atractiva para la producción de etanol, ya que los azúcares que contiene son simples y fermentables directamente por las levaduras.

3) La fermentación de azúcares simples y su conversión en etanol constituye un mecanismo biotecnológico en el que participan ciertas levaduras. A su vez, los hidratos de carbono complejos como el almidón o celulosa, deben ser convertidos en azúcares simples (sacarificación) por la actividad de enzimas para luego ser fermentados en etanol.

4) Las glicosil-hidrolasas son enzimas que tienen la capacidad de convertir la celulosa en azúcares simples por ruptura de las uniones glicosídicas de la celulosa

5) Muchos cultivos son ricos en almidón, un hidrato de carbono complejo que necesita ser primero transformado en azúcares simples para que las bacterias puedan degradarlo. Este proceso se denomina sacarificación, e introduce un paso más en la producción, con el consecuente aumento en los costos. Las materias primas ricas en celulosa, como los desechos agrícolas y forestales, son más abundantes y baratas, sin embargo la conversión de la celulosa en azúcares fermentables (sacarificación) es un proceso complejo y costoso que hace que la obtención de etanol a partir de desechos no sea hasta el momento rentable.

6) Mediante la metagenómica es posible realizar una búsqueda y análisis rápido de la información genética de diversos microorganismos que puedan resultar en fuentes de enzimas más eficientes para la sacarificación de carbohidratos complejos.

7) Las muestras se tomaron del tracto digestivo de termitas. Estos insectos poseen en su tracto digestivo ciertas bacterias capaces de degradar la celulosa en forma rápida y



eficiente. Mediante la metagenómica es posible identificar los microorganismos que produzcan glicosil-hidrolasas capaces de degradar la celulosa.

8) Los microorganismos identificados dentro del tracto de las termitas y que participan en la degradación de la madera, por ejemplo, podrían proveer de nuevas formas para transformar los desechos vegetales en combustibles de origen vegetal como los desechos agrícolas o forestales, constituyendo una fuente de energía alternativa de menor costo y renovable.

Actividad 2: SOPA de letras

Encontrar en la grilla de letras las palabras que se correspondan con las siguientes definiciones:

- 1) Molécula biológica presente en los seres vivos que lleva la información genética
- 2) Desde el punto de vista molecular, es la secuencia de ADN completa necesaria para la producción de una proteína o un ARN funcional.
- 3) Macromoléculas formadas por muchos aminoácidos enlazados por uniones peptídicas.
- 4) Toda la información genética contenida en una célula u organismo
- 5) Subdisciplina de la genética que se ocupa del mapeo, secuenciación y análisis de las funciones de genomas completos.
- 6) Aparato que permite conocer la secuencia exacta de un fragmento de ADN.
- 7) Reino al que pertenecen los organismos unicelulares, como bacterias y arqueas, que se caracteriza por la ausencia de núcleo y de otras estructuras celulares especializadas.
- 8) Término que hace referencia a diferentes técnicas de estudio en biología en cuya denominación se aplica el sufijo “*oma*” que significa “*conjunto de*”.
- 9) Tipo de células que presentan un núcleo rodeado de membrana como los animales, hongos y vegetales.
- 10) Rama de la genómica en la que se estudian los genomas de comunidades enteras de microbios, sin la necesidad de aislarlos previamente.

Términos que responden a las definiciones:

- 1) ADN (ÁCIDO DESOXIRRIBONUCLEICO);
- 2) GEN;
- 3) PROTEÍNA;
- 4) GENOMA;
- 5) GENÓMICA;
- 6) SECUENCIADOR;

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



- 7) PROCARIOTA;
- 8) ÓMICAS;
- 9) EUCARIOTA;
- 10) METAGENÓMICA.

A	Z	F	G	E	R	C	F	I	N	T	E	S	A
P	R	O	T	E	I	N	A	V	A	A	S	T	S
A	K	H	A	D	N	O	R	A	D	B	O	C	Y
G	E	N	I	T	R	O	N	R	A	I	M	C	I
A	D	F	G	R	R	T	M	A	R	N	I	E	T
A	R	S	P	E	A	I	A	A	E	A	C	O	O
P	P	O	G	E	N	N	C	P	R	O	A	I	O
E	U	C	A	R	I	O	T	A	T	T	S	P	A
E	U	D	S	E	R	O	M	Z	F	U	I	G	D
A	R	T	M	P	G	E	T	I	R	T	H	N	M
R	O	D	A	I	C	N	E	U	C	E	S	E	U
E	C	I	M	O	A	T	I	O	T	A	N	F	N

RESPUESTA

A	Z	F	G	E	R	C	F	I	N	T	E	S	A
P	R	O	T	E	I	N	A	V	A	A	S	T	S
A	K	H	A	D	N	O	R	A	D	B	O	C	Y
G	E	N	I	T	R	O	N	R	A	I	M	C	I
A	D	F	G	R	R	T	M	A	R	N	I	E	T
A	R	S	P	E	A	I	A	A	E	A	C	O	O
P	P	O	G	E	N	N	C	P	R	O	A	I	O
E	U	C	A	R	I	O	T	A	T	T	S	P	A
E	U	D	S	E	R	O	M	Z	F	U	I	G	D
A	R	T	M	P	G	E	T	I	R	T	H	N	M
R	O	D	A	I	C	N	E	U	C	E	S	E	U
E	C	I	M	O	A	T	I	O	T	A	N	F	N

Actividad 3. Completar las oraciones según corresponda

"El Cuaderno de Por Qué Biotecnología" es una herramienta didáctica creada y desarrollada por el equipo pedagógico del Programa Educativo Por Qué Biotecnología. Su reproducción está autorizada bajo la condición de que se aclare la autoría y propiedad de este recurso pedagógico por parte del Programa Educativo Por Qué Biotecnología.



- 1) La [REDACTED] también llamada genómica ambiental o [REDACTED] es una rama de la genómica en la que se estudian los genomas de comunidades enteras de microbios, sin la necesidad de aislarlos previamente.
- 2) Una vez que el [REDACTED] es extraído de una muestra ambiental, se crea una "[REDACTED]" la cual contiene porciones de genomas de todos los microorganismos de una muestra.
- 3) En proyectos de metagenómica basada en secuencias, los investigadores se focalizan en encontrar la [REDACTED] completa de los microorganismos descubiertos en una muestra.
- 4) Los proyectos de [REDACTED] exploran los productos que los microorganismos en una comunidad producen, es decir qué es lo que los genes expresan.
- 5) La [REDACTED] es una disciplina de la genética que se ocupa del mapeo, secuenciación y análisis de las funciones de genomas completos de organismos.
- 6) Los [REDACTED] son organismos capaces de vivir en ambientes extremos como aquellos dónde se dan altas temperaturas de hasta 100°C, o pH de 1 o 2, o salinos

RESPUESTA

- 7) La **METAGENÓMICA**, también llamada genómica ambiental o **GENÓMICA DE COMUNIDADES**, es una rama de la genómica en la que se estudian los genomas de comunidades enteras de microbios, sin la necesidad de aislarlos previamente.
- 8) Una vez que el **ADN** es extraído de una muestra ambiental, se crea una "**BIBLIOTECA**" la cual contiene porciones de genomas de todos los microorganismos de una muestra.
- 9) En proyectos de metagenómica basada en secuencias, los investigadores se focalizan en encontrar la **SECUENCIA GENÉTICA** completa de los microorganismos descubiertos en una muestra.



- 10) Los proyectos de **METAGENÓMICA BASADA EN LA FUNCIÓN** exploran los productos que los microorganismos en una comunidad producen, es decir qué es lo que los genes expresan.
- 11) La **GENÓMICA** es una disciplina de la genética que se ocupa del mapeo, secuenciación y análisis de las funciones de genomas completos de organismos.
- 12) Los **EXTREMÓFILOS** son organismos capaces de vivir en ambientes extremos como aquellos dónde se dan altas temperaturas de hasta 100°C, o pH de 1 o 2, o salinos



MATERIAL DE CONSULTA

Plancton bacteriano de los océanos.

Comenzamos a entender la importancia de este grupo de organismos, que destaca por su abundancia, funciones ecológicas y diversidad.

José M. González, Carlos Pedrós-Alió y Josep M. Gasol.

Investigación y Ciencia, diciembre 2008.

http://www.investigacionyciencia.es/Archivos/12-08_Gonzalez.pdf

Las bacterias intestinales de las termitas secuenciadas en masa.

http://www.porquebiotecnologia.com.ar/doc/reportes/result_indiv.asp?id=2833

Pirosecuenciación, una alternativa novedosa para la secuenciación masiva de genomas complejos.

<http://www.smb.org.mx/XXVICONGRESO/text/Carteles/Lunes/Lu105.pdf>

Modelo analógico para educadores del genoma (M.A.E.G)

<http://www.entm.purdue.edu/extensiongenomics/GAME/spanish/lesson4.html>

La grandeza de la vida. La expansión de la excelencia de Platón a Darwin. Gould SJ.
Barcelona: Crítica, 1997. Capítulo 14, p. 178-229.

Libro electrónico. Ciencias de la Tierra y del medio ambiente. Luis Echarri Prim. España.

<http://www.esi.unav.es/asignaturas/ecologia/Hipertexto/indice.html>

Plantas, bacterias, hongos, mi mujer, el cocinero y su amante. Sobre interacciones biológicas, los ciclos de los elementos y otras historias. Luis G. Wall
Colección Ciencia que Ladra. UNQ. Siglo XXI. 2005.