



Madrid, viernes 17 de diciembre de 2021

## Un estudio describe la distribución y el valor evolutivo de más de 300 millones de genes del microbioma global

- El trabajo, coliderado por investigadores del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM/INIA-CSIC), elabora un gran catálogo global de genes microbianos

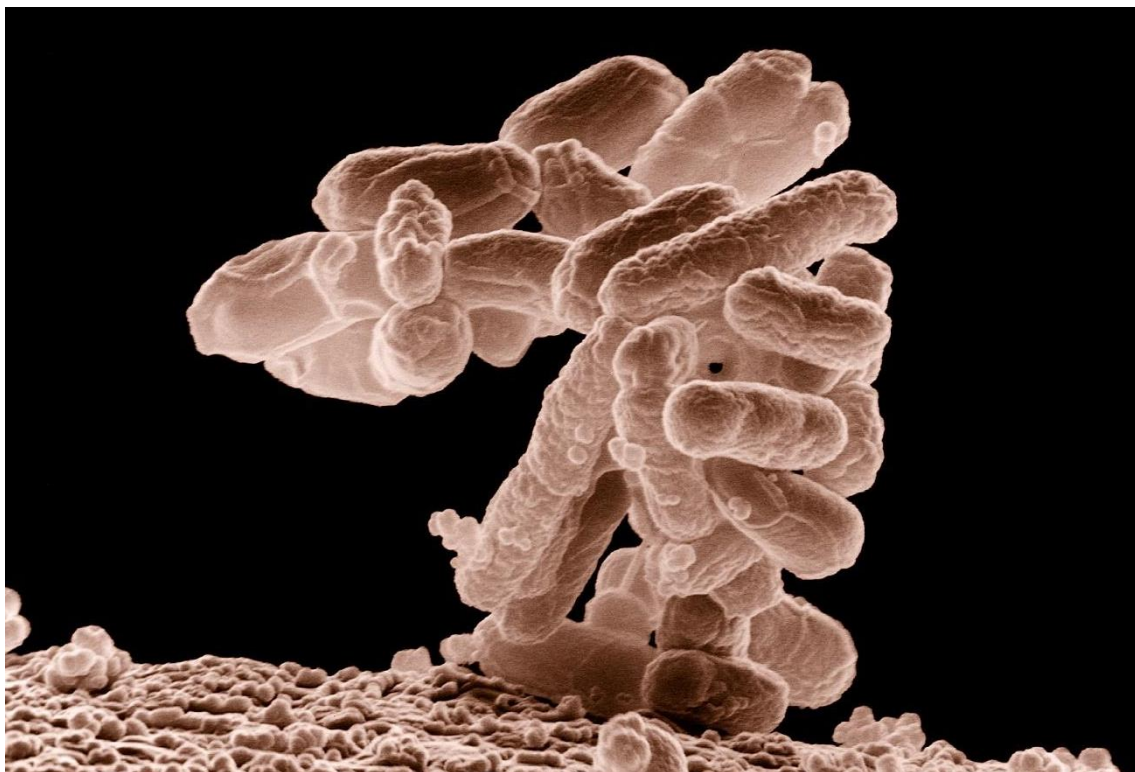


Imagen de microscopio de la bacteria *Escherichia coli*. / USDA

Un estudio internacional coliderado por investigadores del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (UPM/INIA-CSIC) ha elaborado un ambicioso catálogo de 303 millones de genes microbianos distribuidos a lo largo de todo el planeta. Este catálogo se ha construido a partir de 13.174 metagenomas de 14 grandes hábitats y ha mostrado que la mayoría de estos genes microbianos son específicos de un único hábitat.

Los resultados, [publicados en Nature](#), aportan un nuevo enfoque al estudio del microbioma del planeta: lo analiza como un sistema único y global, abriendo nuevas vías de investigación para

identificar funciones génicas desconocidas y estudiar la adaptación de determinados organismos a condiciones medioambientales específicas.

“Las comunidades microbianas dominan la vida en la Tierra y han dado forma al planeta tal y como lo conocemos”, explica **Jaime Huerta-Cepas** (Investigador INIA-CSIC) y codirector del estudio. “En las últimas décadas, la exploración de estas comunidades (conocidas como **microbiomas**) mediante técnicas de secuenciación masiva ha revelado una enorme biodiversidad microbiana, así como importantes implicaciones en el modelado de ecosistemas y en la salud humana y de las plantas”, añade.

Sin embargo, advierte **Huertas-Cepas**, aún se desconocen muchos aspectos sobre la dinámica y distribución ecológica de estos microbiomas a una escala global: ¿Pueden las mismas especies de microorganismos habitar ecosistemas diferentes? ¿Cuál es la variabilidad genética en el microbioma global? ¿Responden los cambios genéticos observados entre especies a adaptaciones específicas al medio?

“Estas son las cuestiones que hemos abordado en nuestro estudio”, indica el investigador. En el nuevo catálogo se presenta una perspectiva unificada del microbioma de 14 ecosistemas, y se analiza el valor funcional y adaptativo de más de 300 millones de genes bacterianos obtenidos a partir de 13.174 muestras de ADN.

El estudio, coliderado por los laboratorios de biología computacional del **Dr. Peer Bork** (EMBL, Alemania), **Luis Pedro Coelho** (Fudan University, China) y **Jaime Huerta-Cepas** (CBGP), describe la distribución biogeográfica y la presión selectiva a lo largo de este extenso catálogo de genes, cada uno de los cuales sería único a nivel de secuencia y representativo de una especie microbiana.

“Los resultados muestran que sólo una pequeña parte de dichos genes se distribuyen a lo largo de múltiples ecosistemas, apoyando así la hipótesis de que la adaptación al ambiente estaría sucediendo a niveles taxonómicos muy específicos”, indica **Huerta-Cepas**. Asimismo, el trabajo ahonda en el análisis de la variabilidad genética de los microorganismos desde el punto de vista de la genómica comparada, agrupando los genes del catálogo en grandes familias y cuantificando el posible grado de redundancia funcional entre ecosistemas.

Los resultados apuntan a que la mayoría de los genes observados serían variantes de una pequeña porción de todas las familias génicas exploradas, y la mayor parte de dichas variantes serían evolutivamente neutras. No obstante, el trabajo también estima que un pequeño porcentaje de estos genes (millones, en términos absolutos) podrían tener un alto valor adaptativo e incluso codificar para funciones moleculares aún desconocidas.

El trabajo ha contado con la participación de los investigadores **Álvaro Rodríguez del Río**, **Carlos Pérez Cantalapiedra** y **Joaquín Giner Lamia**, pertenecientes al laboratorio de [metagenómica comparada](#) del [CBGP](#), liderado por **Huerta-Cepas**.

Esta investigación ha contado con financiación del proyecto Centro de Excelencia Severo Ochoa, el programa INPHINIT de la Fundación La Caixa y fondos de la Agencia Estatal de Investigación.

Luis Pedro Coelho et al. [Towards the biogeography of prokaryotic genes](#). *Nature*. DOI: 10.1038/s41586-021-04233-4