



# 08-11-2021 Exploración de microbiomas en animales

Sesión 201

Autor: Gustavo Adolfo González Franco\* 

Licenciatura en Biotecnología, Facultad de Ciencias Biológicas,  
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México.

\*[gustavo.gonzalezfranco@viep.com.mx](mailto:gustavo.gonzalezfranco@viep.com.mx)

DOI: <http://doi.org/10.5281/zenodo.5655758>

**Editado por:** Yolanda Elizabeth Morales-García (Facultad de Ciencias Biológicas, BUAP)

## RESUMEN

Cuando nos referimos a microbiomas debemos pensar en el conjunto de microorganismos distintos que habitan un lugar en específico, puede dentro de otro ser vivo, como los intestinos de los animales; o superficies inertes como el suelo. Es importante no confundir microbioma con *microbiota*, al hablar de microbiota nos referimos solo al conjunto de microorganismos que habitan un lugar específico, por otra parte, el término *microbioma*, además de describir a este conjunto de bacterias, también engloba la riqueza genómica existente, el cómo interactúan dichos microorganismos entre sí, las sustancias que producen, etc. [1].

Los microbiomas son importantes ya que condicionan el comportamiento y las características del lugar en el que habitan. En animales, los microbiomas desempeñan una función muy importante en el mantenimiento de la salud al contribuir en la respuesta inmunitaria, ayudar en el metabolismo y absorción de nutrientes provenientes de la alimentación [2].

Debido esto, el estudio de los microbiomas en animales se ha vuelto muy importante, pero ¿Cómo se estudia un microbioma? Al tratarse de bacterias, en un inicio los métodos convencionales de microbiología eran la herramienta para la exploración de los microbiomas, sin embargo, no todas las bacterias lograban crecer en los medios de laboratorio, por lo que la información recabada era muy pobre. La tecnología de secuenciación, se vuelve una importante herramienta para la exploración de los microbiomas, al conocer las secuencias de ADN se puede indagar con mayor facilidad en lo que caracteriza a una bacteria o a un grupo de estas [3]. La primera tecnología de secuenciación es conocida como Sanger, que se fundamenta en la obtención de fragmentos de ADN de diferentes pesos moleculares gracias a la presencia de nucleótidos de paro, a pesar de haber sido una técnica revolucionaria, era costosa y tardada conforme los requerimientos de secuenciación aumentaban [4].

Las tecnologías de secuenciación de segunda y tercera generación, son conocidas como *tecnologías de secuenciación de nueva generación (NGS)*, tienen la característica de ser más eficientes y de menor costo, esto ha facilitado el avance científico en la caracterización de seres vivos de una manera muy específica, mediante su genoma [4,5,6,7,8].

**Palabras clave:** microbiomas; microbiota; animales; secuenciación masiva; NGS.

<https://sites.google.com/view/apcmac/2021-conferencias-conferences/08-11-2021-gagf>

## REFERENCIAS

[1] Moreno MC, Valladares J, Halabe J. Microbioma Humano. Rev. Fac. Med. [Internet]. 2018 [citado 2021 Oct 20]; 61(6): 7-19. Disponible en: [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0026-17422018000600007](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0026-17422018000600007)

[2] Burton MA, Ibarra LA, Ibarra E, Lamelas A. El potencial del microbioma en la ecología. INECOL. [Internet]. 2013 [citado 2021 Oct 20]. Disponible

en: <https://www.inecol.mx/inecol/index.php/es/2013-06-05-10-34-10/17-ciencia-hoy/853-el-potencial-del-microbioma-en-la-biotecnologia>

[3] Branco B, Mesa D, Caron LF. El microbioma del intestino porcino. Comunidad profesional porcina. Disponible en: [https://www.3tres3.com/articulos/el-microbioma-del-intestino-porcino\\_39096/#comments](https://www.3tres3.com/articulos/el-microbioma-del-intestino-porcino_39096/#comments)

[4] Rubio S, Pacheco RA, Melina A, Perdono S, García R. Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. Unive. Med. [Internet]. 2020 [citado 2021 oct 20]; 61(2): 49-63. Disponible en: [http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2011-08392020000200006](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2011-08392020000200006)

[5] Mantilla M], Torres RG. Enfoque metagenómico para la caracterización del microbioma de aves de corral, Revisión. Rev. Colomb. Biotecnol. [Internet]. 2019 [citado 2021 Oct 20]; 21(2): 77-97. Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/biote/v21n2/0123-3475-biote-21-02-77.pdf>

[6] Saura M, Romo M, Reinoso E, González O, Gonzalez C, Fernández A, Serrano M. Secuenciando genomas: La microbiota de los tractos reproductivos y su relación con la eficiencia reproductiva. Albéitar. [Internet]. 2021 [citado 2021 Oct 20]; 246: 14-16. Disponible en: [https://issuu.com/editorialservet/docs/albeitar246\\_mr](https://issuu.com/editorialservet/docs/albeitar246_mr)

[7] Margulies M, Egholm M, Altman W et al. Secuenciación del genoma en reactores de picolitros de alta densidad microfabricados. Nature. [Internet]. 2005 [citado 2021 oct 20]; 437: 376-380. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/nature03959#citeas>

[8] Schaffer A. TR10: Secuenciación de nanoporos [Internet]. MIT Technology Review. 2012 [citado 22 octubre 2021]. Disponible en: <https://www.technologyreview.es//s/2714/tr10-secuenciacion-de-nanoporos>