

Avance y Perspectiva

Revista de divulgación del CINVESTAV

Biósfera Rara en Tapetes Microbianos Hipersalinos de Baja California Sur

Karina Galache · Sunday, July 11th, 2021

Categorías: Ciencias Naturales y de la Salud, Zona Abierta

“La secuenciación de nueva generación o de alto rendimiento, permite profundizar en la búsqueda de biomoléculas, metabolismos y linajes de microorganismos novedosos en tapetes microbianos hipersalinos”

Papel de los microorganismos en la naturaleza y su aprovechamiento

Los microorganismos son seres vivos estudiados principalmente por microscopía, técnicas de cultivo y secuenciación del ADN; pueden ser virus, bacterias, arqueas, micro-eucariotas como protistas y hongos; están en todas partes, pocos de ellos son patógenos y muchos más son inocuos y pueden ser aprovechados por el hombre. La existencia de los microorganismos se comprendió a través de su actividad, como la fermentación, y por su observación directa en muestras naturales, biopelículas y posteriormente en medios de cultivo y por microscopía. Las formas de cómo estudiarlos han cambiado de una visión enfocada en los individuos (cultivos puros) a una percepción de las comunidades en espacio y tiempo, a través de la secuenciación masiva de alto rendimiento en muestras ambientales como suelos, agua, agua de mar, salmuera, sedimentos, tractos digestivos de animales, raíces de plantas, entre otras.

El incremento en la comprensión de los microorganismos permite que hoy en día se usen para la obtención de energías alternativas, biocombustibles, o para la producción de bioplásticos, con propiedades similares a los plásticos de origen petroquímico, y para la degradación de constituyentes químicos del petróleo, entre otras aplicaciones biotecnológicas. Además, los microorganismos tienen funciones relevantes para el funcionamiento de los ecosistemas, ya que evitan la acumulación de la materia orgánica, mientras que otros usan la luz solar como fuente de energía para la generación de nutrientes que emplean otros grupos biológicos de los ecosistemas, cuya fertilización depende de la actividad de los microorganismos que tienen la capacidad de transformar el nitrógeno gaseoso atmosférico (N_2) en aminoácidos, constituyentes de proteínas y otros compuestos orgánicos nitrogenados como ácidos nucleicos y vitaminas.

Ambientes hipersalinos

Los ecosistemas o ambientes hipersalinos se caracterizan por presentar salinidades mayores a las del agua de mar (> 3.5%). Aunque son inhóspitos y extremos para el desarrollo de grupos biológicos como plantas y animales, una gran diversidad de microorganismos pueden desarrollarse en esas condiciones y son denominados “extremófilos”. Las planicies naturales que sufren periodos de inundación-deseccación, o estanques inundados artificialmente con agua de mar son ejemplos de ambientes hipersalinos, donde se desarrollan comunidades microbianas sobre la superficie de los sedimentos que, con la ayuda de sustancias viscosas producidas por algunos microorganismos, llamadas exopolisacáridos, forman biopelículas que derivan en macroestructuras llamadas tapetes microbianos laminados y endoevaporitas.

Exportadora de Sal, S.A. de C.V. (ESSA)

ESSA tiene 13 estanques o áreas interconectadas, con una profundidad de 0.5 a 1.0 m, que cubren una extensión de 19,627 ha, en las que se concentra el agua de mar procedente de la Laguna Ojo de Liebre. La salmuera de los estanques concentradores se transfiere a 32 vasos cristalizadores con un área de 2 465 ha, donde precipita y se cosecha la sal común de cloruro de sodio (NaCl), denominada halita. La salmuera restante de los cristalizadores se lleva a un espacio final de desechos, donde precipitan sales ricas en potasio, magnesio y sodio denominadas amargos. Los estanques concentradores de la ESSA están situados adyacentes a la Laguna Ojo de Liebre en la costa del océano Pacífico (27° 40' N, 113° 55' W). El agua de mar de la Laguna Ojo de Liebre es bombeada al estanque del Área uno, fluyendo por gravedad y uso de compuertas a los estanques de las áreas dos a la trece, alcanzando en esta última salinidades de hasta el 20%. Esta salmuera altamente concentrada pasa a los 32 cristalizadores donde alcanza la saturación de iones de Na⁺ y Cl⁻, por lo que precipitan cristales de cloruro de sodio cuando obtiene concentraciones de sales totales mayores al 30% (figura 1).



Figura 1. A. Vista aérea de Exportadora de Sal, S.A. de C.V. Fuente: elaborado por Ricardo Vázquez Juárez con Google Earth. La imagen muestra al fondo, en azul, el Océano Pacífico, que penetra en la Laguna Ojo de Liebre. En verde oscuro, se indica el remate de la Laguna, mientras que los grandes estanques de concentración de ESSA, donde se encuentran los tapetes microbianos, se indican en color verde claro. Los estanques pequeños de la parte superior de la imagen, son los cristalizadores de sal. B. Vista panorámica del estanque somero de ESSA, Área 1. Se observa en el piso del estanque estructuras poligonales correspondientes a los tapetes microbianos. Fuente: Alejandro López Cortés. C. Sección transversal de un tapete microbiano laminado. Se aprecian las capas verde, marrón, roja y negra en el primer centímetro del tapete, de arriba hacia abajo. Fuente: Alejandro López Cortés.

Características e importancia de los tapetes microbianos de Guerrero Negro, B.C.S.

Los tapetes microbianos miden de 1 a 5 cm de espesor y están compuestos por microorganismos, exopolisacáridos y minerales. Los que se encuentran en los vasos de concentración de la empresa Exportadora de Sal, S.A. de C.V. (ESSA), se caracterizan por presentar patrones de laminación

colorida, donde cada coloración corresponde a diferentes funciones ecológicas. La parte activa de estos tapetes se localiza en los primeros 5 mm de la superficie y muestran coloraciones verdes, naranjas, rojas y negras, mientras que la laminación inferior corresponde a crecimientos previos en proceso de degradación.

El primer término empleado fue “tapetes algales”, por su fácil detección bajo el microscopio, ya que la talla de las “algas azul-verdes”, como *Microcoleus*, *Lyngbya* y *Oscillatoria*, sobresalen ante el tamaño de las células minúsculas del resto de las bacterias. Sin embargo, el reconocimiento del nivel de organización celular procariota de las algas azul-verdes, que usan la luz como fuente de energía y el CO₂ como fuente de carbono, condujo a usar posteriormente el término de “tapetes cianobacteriales”. Hoy en día se les conoce con el nombre de “tapetes microbianos estratificados” que están constituidos por una inmensa diversidad metabólica de bacterias y arqueas. Se ha revelado que están constituidos por cientos de especies de microorganismos pertenecientes a más de 30 Phyla (categoría taxonómica superior) de Bacteria, representados por una gran variedad de capacidades para la obtención de energía (los que usan la luz, fotosintéticos; materia orgánica, quimiotrófos; materia inorgánica, litotrófos), diferentes adaptaciones a la salinidad (los que toleran, halotolerantes; los que la necesitan para crecer, halófilos) y al oxígeno (los que lo demandan para desarrollarse, aerobios; y aquéllos que le es tóxico, anaerobios). Además, existen por lo menos cinco Phyla de arqueas dominados por Haloarquea, que requieren altas concentraciones de sales para su crecimiento y reproducción. Las arqueas productoras de metano también han sido detectadas en bajas abundancias relativas, las cuales son de relevancia en la búsqueda de energías alternas a los combustibles fósiles.

Producción de metano en ambientes hipersalinos

La producción de metano por microorganismos, metanogénesis, es un proceso de gran importancia en la investigación biotecnológica hacia la búsqueda de fuentes alternativas de combustibles. Además, juega un papel central en la degradación completa de la materia orgánica. Aunque este proceso ha sido ampliamente estudiado, nuevas especies de arqueas metanogénicas han sido recientemente descubiertas, lo cual motiva a la aplicación de nuevas herramientas para contribuir con la comprensión de estos nuevos linajes filogenéticos.

El conocimiento que se tiene sobre la metanogénesis en ambientes hipersalinos de Baja California Sur, indica que son bajas las concentraciones de gas metano (0.25% al 26%) en muestras de gas ambiental, pero se han determinado las condiciones para estimular la producción de metano a escala de laboratorio, utilizando tapetes microbianos y trimetilamina como fuente de carbono. También, las arqueas metanógenas dominantes pertenecen a los géneros *Methanohalophilus*, *Methanococoides* y *Methanolobus*. Sin embargo, nuevas investigaciones revelaron dos nuevos linajes de arqueas metanógenas que probablemente utilicen H₂/CO₂, relacionados con el Orden Methanomicrobiales, emparentados con el género *Methanogenium*, que son estrictamente hidrógeno-tróficos.

Biósfera rara en los tapetes microbianos y nuevos phyla metanogénicos.

El desarrollo de métodos independientes de cultivo para evaluar diversidad microbiana y la

bioinformática proporcionan acceso a datos genómicos de un gran número de linajes, revolucionando el conocimiento de la diversidad y el potencial metabólico de los microorganismos en el ecosistema (figura 2). Actualmente, los tapetes microbianos albergan miles de especies de microorganismos, donde la gran mayoría son desconocidos, no cultivables, con bajas abundancias relativas, constituyendo la denominada “materia oscura microbiana”, o “biosfera rara”, término empleado arbitrariamente para referirse a la diversidad de miembros de una comunidad microbiana con abundancias relativas típicamente, entre 0.1 y 1.0 % de la comunidad total. No obstante, estos microorganismos desempeñan un papel esencial para el funcionamiento y estabilidad de la comunidad, actuando como reservorios casi ilimitados de diversidad genética y funcional e impulsando los ciclos biogeoquímicos a escala global.



Figura 2. Esquema de la metodología empleada en estudios metagenómicos, para la caracterización de la composición y estructura microbiana, anotación de genes funcionales y filogenia de comunidades microbianas de tapetes laminados. ADN= Ácido desoxirribonucleico; PCR = Reacción en Cadena de la Polimerasa. Fuente: elaborado por José Q. García Maldonado, Patricia J. Ramírez Arenas y Ricardo Vázquez Juárez.

La rareza se puede explicar desde varias perspectivas tanto bióticas, como abióticas. Dentro de los aspectos no estocásticos, que no dependen de un parámetro, la rareza puede tener su origen en la existencia de especies altamente especializadas y por lo tanto con un nicho muy restringido, que serán muy abundantes en pocos hábitats pero muy raros en otras condiciones. Por esta razón, cuando el interés es hacia la búsqueda de funciones emergentes en los ecosistemas, la biosfera rara es utilizada generalmente para la búsqueda de este tipo de información.

Hasta hace poco, todas las arqueas metanógenas estaban agrupadas en el Phylum *Euryarchaeota* y se clasificaban en dos clases (Clase I y Clase II). Sin embargo, nuevos órdenes de arqueas metanógenas bien establecidos han sido incorporados en este grupo de microorganismos, de los que destacan *Methanofastidiosa* y *Methanomassiliicoccales*, ambos incluidos en el Phylum *Euryarchaeota*, pero no en los metanógenos de Clase I o II. Además, miembros de *Bathyarchaeota* y *Verstraetearchaeota*, ambos del superphylum TACK, también pueden incluir microorganismos productores de metano. El análisis y descripción de estos linajes ha tenido un fuerte impacto en la sistemática de las arqueas metanógenas, lo que ha llevado a la propuesta de nuevos clados a diferentes niveles taxonómicos y ha proporcionado información clave para comprender el origen de este grupo de gran relevancia ecológica y las trayectorias evolutivas que han dado forma a la diversidad actual.

Dado que la presencia de linajes novedosos de arqueas metanógenas en tapetes microbianos de ambientes hipersalinos aún no se ha evaluado de forma sistemática, ampliar el conocimiento acerca de la distribución ambiental de este tipo de microorganismos seguramente contribuirá con su taxonomía y ecología.

Perspectivas

Se busca ampliar el conocimiento sobre la diversidad microbiana que incluye la biosfera rara y el metabolismo desconocido de las arqueas metanogénicas en ambientes hipersalinos, a través de enfoques metagenómicos e isotópicos, con la intención de expandir el conocimiento sobre las rutas metabólicas no exploradas involucradas en la producción del metano por la fracción de arqueas de baja abundancia relativa en tapetes microbianos. Se espera que el uso de enriquecimientos

promueva el desarrollo de metanógenos, que usan fuentes de carbono con un grupo CH_3 , dependientes de hidrógeno. Además, el análisis metagenómico de muestras ambientales permitirá ensamblar genomas de los microorganismos más representativos y dilucidar *in silico*, con diferentes programas bioinformáticos, las rutas metabólicas involucradas en la metanogénesis (figura 2). La metagenómica podría revelar la presencia de microorganismos con funciones de interés para posibles aplicaciones biotecnológicas.

Agradecimientos

Este trabajo contó con el apoyo del Consejo de Ciencia y Tecnología (CONACYT), Convocatoria Ciencia de Frontera 2019, Proyecto 848287.

This entry was posted on Sunday, July 11th, 2021 at 5:48 pm and is filed under [Ciencias Naturales y de la Salud, Zona Abierta](#)

You can follow any responses to this entry through the [Comments \(RSS\)](#) feed. Both comments and pings are currently closed.