

DOMESTICACIÓN DE MICROORGANISMOS Y SU IMPACTO A LA SOCIEDAD EN LA ERA GENÓMICA

Domestication of microorganisms in the genomic era and the impact in the society

Autor: Chacón-Vargas, K¹.

¹Clark university. Worcester. Massachusetts, Estados Unidos.

Correo correspondencia:

kchaconvargas@clarku.edu

La domesticación hace referencia a los procesos de selección y cría de ciertos organismos o especies silvestres para la obtención de variantes específicas benéficas para el uso humano (Diamond 2002). Esta ha sido uno de las transiciones más significativas a nivel cultural, biológico y evolutivo para la especie humana (Larson et al. 2014; Marshall et al. 2014). Con el paso del hombre nómada a sedentario, la formación de pequeñas comunidades en las cuales se incorporaron tanto plantas como animales en la estructura social convirtiéndolas en propiedad heredable o comercializable y las modificaciones morfológicas como consecuencia de la selección artificial de rasgos específicos de ciertas especies, adaptaciones a ambientes modificados por humanos y las variantes domesticadas separadas de las especies silvestres (Clutton-Brock 1992; Fuller et al. 2009).

Evidencia arqueológica y molecular señalan que la revolución agro cultural del Neolítico trajo consigo innovaciones tecnológicas, organización y desarrollo para las comunidades humanas, íntimamente ligados a la crianza y uso de plantas y animales para convertirse en fuentes confiables de alimento, para caza, ropa entre otros usos (Frantz et al. 2016; Gibbons & Rinker 2015). Los parientes silvestres de las especies domesticadas debieron tener el potencial de vivir en el contexto ecológico humano de la época y expresar rasgos favorables para el uso humano, donde la selección humana ha jugado un papel en la modificación de las especies que se han adaptado a nichos específicos diseñados por el hombre aproximadamente desde hace 200.000 años (Larson 2014).

Diferentes estudios han ilustrado las bases genéticas que subyacen a esos fenotipos específicos en plantas y animales dado a su importancia biológica, agrícola y médica (Anderson et al. 2004; Fuller et al. 2009; Purugganan & Fuller 2009; Lin et al. 2014) y por ende donde se han enfocado la mayor cantidad de estudios. Sin embargo, hongos y bacterias fueron domesticados de manera paralela debido a las diferentes asociaciones especialmente con plantas, aunque los procesos que subyacen estos eventos de domesticación no han sido tan estudiados a pesar de su gran relevancia en la industria alimenticia y recientemente de biocombustibles (Cheeseman et al 2014; Gallone et al. 2016). Diversos trabajos señalan que los efectos de domesticación en microorganismos no pueden ser generalizados junto

con los efectos en animales y plantas debido a que las alteraciones, modificaciones y adaptaciones afectan principalmente sus rutas metabólicas en lugar de los aspectos morfológicos (Douglas & Klaenhammer 2010; Gibbons et al. 2012; Douglas & Klaenhammer 2014).

Los microorganismos son un modelo poco estudiado, pero han incrementado el interés en entender la arquitectura genética de las adaptaciones y los procesos evolutivos para mejoramiento de especies y su uso en la industria (Gibbons & Rinker 2015; Gibbons et al. 2012). Actualmente las nuevas tecnologías de secuenciación han facilitado indagar más a profundidad los cambios a nivel genómico (Jeffries 2005; He et al. 2014) permitiendo a su vez detectar efectos de domesticación como decaimiento de genoma, poliploidia, arreglos cromosómicos, duplicación de genes, pérdida o ganancia de rutas metabólicas y mutaciones benéficas que muestran ventajas en un ambiente artificial (Purugganan & Fuller 2009; Douglas & Klaenhammer 2010; Gallone et al. 2016) que llevan a unos fenotipos específicos como alta producción de etanol en el caso de la bacterias *Zymomonas mobilis*, *Escherichia coli* y el hongo *Saccharomyces cerevisiae* (He et al. 2014; Gallone et al. 2016), o consistencia o sabores específicos como *Saccharomyces cerevisiae* y varias especies del hongo filamentoso *Aspergillus* (Gibbons et al. 2012; Gibbons & Rokas 2013; Gallones et al. 2016)

***Aspergillus* como modelo de domesticación**

Aspergillus es un largo género de hongos filamentosos de gran relevancia en la industria, la tecnología, la medicina y la agricultura dado que varias de estas especies se usan como fábricas enzimáticas o modelos genéticos como *A. niger* y *A. nidulans* (Flippin et al. 2009), además de ser una representación en la naturaleza del extraño caso del doctor Jekyll y el señor Hyde*, debido a que unas de sus especies se usan en la fermentación de alimentos como *A. oryzae* y *A. sojae* mientras que sus parientes silvestres *A. flavus* y *A. parasiticus* son patógenos de humanos y plantas (Gibbons et al. 2012; Gibbons & Rokas 2013).

***Zymomonas mobilis* como modelo de domesticación**

Z. mobilis es una bacteria gran-negativa con una gran importancia en producción de biocombustible y la fermentación de alimentos dado su versatilidad para la producción de etanol metabolizando azúcares (Kremer et al. 2015; Gonçalves et al. 2016). Otras características como la optimización del nitrógeno en la atmósfera para los procesos metabólicos, la baja producción de biomasa, la alta tolerancia a etanol y la versatilidad para manipulaciones genéticas siguen incrementando su impacto en las diferentes industrias (Gunasekaran & Raj 1999; Kremer et al. 2015; Gonçalves et al. 2016; Zhao et al. 2016), en la producción de bebidas alcohólicas como cerveza, vino, cachaza o fermentadas como cidra (Seo et al. 2005; Kouvelis et al. 2009; Weir 2016)

Perspectivas

Aunque las herramientas moleculares y de secuenciación facilitan la producción de gran cantidad de información, las identificaciones de los diferentes linajes silvestres progenitoras siguen siendo un desafío. Por lo cual la incursión de análisis filogenómicos y de estructura poblacional representan una gran aproximación para identificar los orígenes y posibles eventos de domesticación de los diferentes linajes (Gibbons et al. 2012; Bing et al 2014; Gibbons & Rinker 2015). Uno de las grandes limitantes en este aspecto es la poca cantidad de genomas secuenciados representativos de las poblaciones lo que limita los estudios a comparaciones a nivel genómico de las cepas disponibles, sin embargo, con un amplio muestreo también se puede incursionar en aproximaciones metagenómicas para analizar los diferentes nichos compartidos por los diferentes linajes (características de fermentación, grados de tolerancia a diferentes ambientes, producción de etanol, etc) (Steensels & Vertrepen 2014; Gibbons & Rinker 2015)