

ECOLOGÍA DE COMUNIDADES MICROBIANAS. INTRODUCCIÓN AL ANÁLISIS BIOINFORMÁTICO DE DATOS DE SECUENCIACIÓN MASIVA.

Vivimos en un planeta microbiano, miles de millones de microorganismos habitan cada rincón de nuestro medio ambiente, desde las profundidades de los océanos y mares hasta nuestros tejidos internos. Estos microorganismos forman complejas comunidades, las cuales soportan y dan vida a todos los ecosistemas de nuestro entorno.

La ecología microbiana trata fenómenos y procesos naturales, interacciones entre microorganismos, con otras especies y con el medio. El conocimiento que proporciona contribuye al avance de la ciencia, a la vez que ofrece vías para responder y hallar soluciones a muchos de los problemas más acuciantes a los que se enfrentan las sociedades humanas modernas.

La complejidad del tema exige que confluyan diferentes aproximaciones metodológicas para su estudio las que comprenden disciplinas tales como la química analítica, bioquímica, biología molecular, microbiología, fisiología y ecología.

Docente Responsable: Dra. Irma Morelli (CINDEFI-UNLP-CONICET; CIC-PBA).

Docentes participantes: Dra. Laura Madueño (CINDEFI-UNLP-CONICET).

Dra. Ana Carolina Agnello (CINDEFI-UNLP-CONICET).

Dra. Sabrina Festa (CINDEFI-UNLP-CONICET).

Objetivos

1. Aportar a los alumnos conocimientos sobre:

- La diversidad genética y funcional de los microorganismos.
- El papel de los microorganismos en los ciclos biogeoquímicos.
- Los microorganismos en sus hábitats naturales y los factores ambientales que afectan su distribución.
- Las leyes que rigen la estructura y dinámica de las comunidades microbianas y las principales relaciones que establecen los microorganismos entre ellos.

2. Actualizar conocimientos y familiarizar a los alumnos en los nuevos métodos de estudio de las comunidades microbianas:

- Determinación de diversidad. Secuenciación de amplicones de genes marcadores evolutivos.
- Dinámica funcional: qPCR y RT-PCR.
- Metagenómica, metatranscriptómica, metaproteómica, y metabolómica.
- Introducción al análisis bioinformático de datos genómicos.

3. Lograr que el estudiante adquiera conocimientos que pueda aplicar al tema de investigación que desarrolla mediante la discusión de casos y aplicaciones en distintas áreas como la agricultura, ecología, biotecnología, biorremediación etc.

Contenido

1. Los microorganismos y los ecosistemas:

Estructura y funcionamiento de los ecosistemas: el papel de los microorganismos.

Los microorganismos como productores primarios. Microorganismos fototróficos y quimiolitotróficos.

Los microorganismos como consumidores y descomponedores.

Flujo de energía. Circulación y transferencia de materia en los ecosistemas. Ciclos biogeoquímicos.

Ecología fisiológica de los microorganismos: adaptación a condiciones ambientales

2. Comunidades microbianas.

Estructura de comunidades microbianas, diversidad alfa y beta. Redundancia y homeostasis.

Dinámica de comunidades microbianas, estrategias k y r. Microorganismos pioneros. Sucesión primaria y secundaria. Estabilidad, resistencia y resiliencia.

3. Interacciones microbianas.

Interacciones entre microorganismos en el medio ambiente: dentro de una población, entre poblaciones, Quorum Sensing, biofilms. Comensalismo, sinergismo, mutualismo, competencia, parasitismos, predación.

Interacciones microorganismos-plantas. Interacciones con raíces de plantas. Fijación de nitrógeno. Interacción con las estructuras aéreas de las plantas. Patógenos de plantas.

Interacciones microorganismos-animales. Contribuciones microbianas a la nutrición animal. Otras relaciones simbióticas. Aspectos ecológicos de las enfermedades animales.

4. Métodos de estudios de las comunidades microbianas

Métodos de muestreo de muestras ambientales. Métodos de extracción de DNA, RNA y proteínas.

Determinación de número, masa y actividad microbiana. qPCR.

Métodos de secuenciación masiva. Estudios de diversidad. Secuenciación de amplicones de genes 16S RNA.

Metagenómica y metagenómica funcional.

Estudios funcionales, metatranscriptómica: RT-PCR y RNA-seq, metaproteómica y metabolómica. Uso de sondas marcadas con isótopos estables (DNA/RNA/Prot.-SIP).

5. Introducción al análisis bioinformático de datos de secuenciación masiva

Secuenciación masiva de genes marcadores (16S, 18S, ITS): Análisis bioinformático de secuencias, plataforma QIIME. Control de calidad de las secuencias, asignación de OTUs (bases de datos de referencia: Greengenes/Silva/RDP). Análisis de diversidad: curvas de rarefacción, análisis de coordenadas Principales Unifrac, cálculo de índices de diversidad. Predicción del potencial genético funcional de las comunidades microbianas a través del software PICRUSt.

Nociones básicas de secuenciación masiva de genes totales: Uso de software específicos aplicados al análisis del metagenoma para la bioprospección de genes de interés.

Trabajo Práctico

Estudio de la dinámica de la comunidad microbiana de un suelo por efecto de la contaminación.

Determinación del número de microorganismos: recuentos microbianos, cuantificación de genes 16S RNA y genes funcionales por qPCR. Medidas de actividades enzimáticas.

Determinación de la estructura de la comunidad microbiana. Extracción de DNA. Análisis bioinformáticos de secuencias de 16S RNA.

Duración

60 horas.

Modalidad

Teórico-Práctico.

Evaluación

Escrita.

Bibliografía

Madigan, M.E., Martinko, J.M. and Parker, J. 2017. (15ª ed). Brock Biología de los microorganismos. Prentice Hall, Menlo Park, CA.

Atlas, R.M. and R. Bartha. 2002. (4ª ed). Ecología microbiana y Microbiología ambiental. Addison Wesley, Madrid.

Barton, L.L and McLean R.J.C. 2019. Environmental Microbiology and Microbial Ecology. Wiley-Blackwell, Hoboken, NJ.

Guerrero, R. y M. Berlanga. 2002. La ecología microbiana se hace mayor de edad. Revista Latinoamericana de Microbiología <http://www.microbiologia.org.mx/divulgacion/4-EcolBac>

Boughner, L.A., Singh, P. (2016). Microbial ecology: where are we now? Postdoc J J Postdr Res Postdr Aff. 2016;4(11):3–17.

Clark, D. R., Ferguson, R. M. W., Harris, D. N., Matthews Nicholass, K. J., Prentice, H. J., Randall,...Dumbrell, A. J. 2018. Streams of data from drops of water: 21st century molecular microbial ecology. WIREs Water, 5, e1280. <https://doi.org/10.1002/wat2.1280>.

Prosser, J.I., et al. 2007. The role of ecological theory in microbial ecology. Nat. Rev. Microbiol. 5:384–392.

Hibbing, M. E., C. Fuqua, M. R. Parsek, and S. B. Peterson. 2010. Bacterial competition: surviving and thriving in the microbial jungle. Nat. Rev. Microbiol. 8:15–25.

Hugerth, L.W., Andersson, A.F., 2017. Analysing microbial community composition through amplicon sequencing: from sampling to hypothesis testing. Frontiers in Microbiology 8, 1561.

Langille MG, Zaneveld J, Caporaso JG, McDonald D, Knights D, et al. 2013. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences. *Nat Biotechnol.* 31:814–821. doi: 10.1038/nbt.2676.