

Analizan las cacas de 180 especies y descubren 1.000 microbios desconocidos



Investigadores de Israel y Estados Unidos han secuenciado las heces de más de 180 especies del reino animal para conocer su microbiota intestinal y han hallado una diversidad microbiana en la que han identificado casi 1.000 especies microbianas desconocidas hasta ahora, según publican en la revista 'Science'.

El conjunto de datos resultante permite echar un vistazo a la función de la microbiota intestinal en animales con una serie de adaptaciones y rasgos, y podría proporcionar un recurso prometedor que en gran medida no se ha explotado para el descubrimiento de nuevas funciones biológicas, terapéuticas y aplicaciones biotecnológicas, según señalan los autores en su estudio.

En comparación con los humanos, la microbiota de los animales salvajes sigue siendo prácticamente desconocida. Sin embargo, los animales presentan una amplia gama de adaptaciones y comportamientos que pueden funcionar debido a su microbioma, como la capacidad de comer alimentos infectados por patógenos o venenosos, o de tener inmunidad a enfermedades específicas.

El mapeo de la microbiota de los animales salvajes -un reservorio natural de

patógenos tanto de los animales como de los seres humanos- también podría aportar información valiosa sobre el momento y las vías de transmisión de patógenos a la población humana e informar sobre las estrategias de conservación, especialmente en lo que respecta a la reintroducción de animales cautivos en la naturaleza.

Gracias a varios equipos de investigadores repartidos por cuatro continentes, el investigador Doron Levin, de la compañía israelí Wild Biotech, el Instituto de Ciencias Weizmann también en Israel, y las Universidades Stanford y Rockefeller, en Estados Unidos, utilizaron el ensamblaje de-novo del metagenoma para analizar muestras fecales frescas de una colección diversa de taxones, incluyendo peces, aves y mamíferos con una amplia variedad de hábitats, comportamientos y rasgos.

A continuación, construyeron una base de datos con anotaciones funcionales que contenía más de 5.000 genomas de 1.209 especies bacterianas, el 75% de las cuales no habían sido descritas anteriormente.

Utilizando la nueva base de datos, los autores descubrieron una serie de asociaciones entre la composición microbiana y el contenido de genes funcionales de un animal y su taxonomía, dieta, actividad, estructura social y vida útil. Por ejemplo, identificaron varias proteasas en la microbiota de los buitres, algunas nuevas, que permiten a las aves descomponer las toxinas bacterianas nocivas que probablemente proliferan en su dieta de carroña en descomposición.

«Cada vez es más evidente que los microbiomas animales son una rica fuente de funciones biológicas que pueden tener un impacto biotecnológico», escriben los autores.