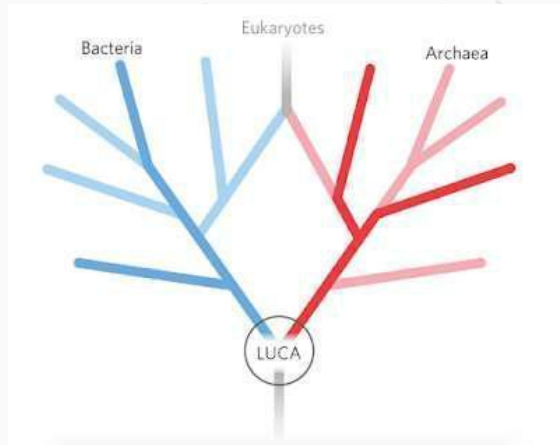


UNIDAD 1: DESARROLLO EVOLUTIVO DEL MUNDO MICROBIANO

3. Evolución del mundo microbiano

Figura 1
Evolución microbiana



Fuente: López, 2016

Según López (2016) quien aborda la evolución del mundo microbiano, señala que la comunidad científica aún no tiene certeza de cómo comenzó la vida a nivel terrenal con un

período aproximado de 3.800 millones de años. Presuntamente, todas las células provienen de un origen único nombrado LUCA (del inglés, Last Universal Common Ancestor) o progente, que representan ancestro en común de todas las formas de vida dadas a conocer. Según las investigaciones filogenéticas más recientes, se plantea que los eucariotas evolucionaron a partir de los procariotas; teniendo en cuenta esto, se establece que el ancestro en común entre bacterias y arqueas es LUCA; no obstante, no se cuenta con las pruebas directas acerca de la naturaleza de LUCA, ni de su lugar de origen inicial

Para comprender la naturaleza de este ancestro en común, una estrategia válida es identificar genes esenciales que comparten las bacterias y arqueas, suponiendo que estos genes hacen parte también del antepasado en común. Sin embargo, hoy en día se entiende que existe una transferencia horizontal entre un microorganismo y otro, que no se limita a la herencia vertical dada de los padres a sus descendencias. Por lo tanto, los investigadores han optado por la comparación genómica denominada como aproximación filogenética, en lugar de basarse en criterios universales. Por tanto, el propósito es encontrar aquellos genes adquiridos originalmente de los dominios bacteria y archaea, quienes posiblemente estuvieron presentes en LUCA. De este modo, los investigadores pueden estudiar la fisiología de LUCA mediante su identificación de genes, entendiendo

como este antepasado común obtenía los recursos de energía, carbono y nutrientes de la naturaleza para llevar a cabo su desarrollo.

Científicos de la universidad de Düsseldorf en Alemania, Instituto de Evolución Molecular, han examinado en un periodo de tiempo más de 6,1 millones de genomas de 134 arqueas y 1.847 bacterias, cifras que provienen de bases de datos acumuladas durante las últimas dos décadas. Estos millones de genes han sido categorizados en 286.514 familias de proteínas. Este análisis ha llevado a la identificación de 335 familias proteicas que constituyen aproximadamente el 0.1% en total de genes que probablemente provienen de LUCA. Estas familias proteicas abren una ventana hacia el hipotético genoma del ancestro en común y facilita la reconstrucción del entorno ecológico microbiano.

Según los hallazgos, LUCA no contaba con las enzimas típicas de un microorganismo que obtienen energía a través de compuestos orgánicos (quimioorganotrofos), pero tenía las características específicas de un microorganismo que obtiene energía a través de compuestos inorgánicos (quimiolitotrofos). Debido a la toxicidad brindada por el oxígeno, LUCA no lo podía emplear en su metabolismo, por ello era un anaerobio capaz de utilizar CO₂ y N₂ directamente del ambiente, además, dependía del hidrógeno y utilizaba el azufre (S). La presencia de la enzima girasa inversa del genoma de ADN, típica de los microorganismos adaptados a temperaturas elevadas (hipertermófilos), sugiere que LUCA habitaba en un entorno termófilo y prefería estas temperaturas. Además, estaba equipado con enzimas que incluían grupos FeS y FeNiS, indicando que probablemente los entornos abundantes de metales hacían parte de su hábitat. Desde una perspectiva metabólica, las bacterias del grupo *Clostridium* y las arqueas metanógenas son las formas de vida que en la actualidad más se asemejan a LUCA. Con base en estos datos, es probable que LUCA haya habitado en un ambiente hidrotermal marino caracterizado por la presencia de abundante hierro, hidrógenos y CO₂, siendo este un entorno altamente activo desde el punto de vista geoquímico. Tras la aparición de LUCA, desde tiempos inmemorables, los microorganismos experimentaron una serie de cambios a nivel genómico que les permitió avanzar, evolucionar y adaptarse a los entornos hostiles en el cual se frecuentaba.

Guerrero y Berlanga (2009) resaltan que, en la evolución a lo largo del tiempo de los microorganismos, los cambios a nivel de genoma se centran en dos tipos de mecanismos denominados intracelulares e intercelulares.

Para el caso de mutaciones, deleciones, amplificaciones, entre otros, son considerados intracelulares; por otra parte, la transferencia horizontal es catalogada como la fuente primaria de cambio extrínseco (intercelular), en la que un microorganismo adquiere DNA de otro microorganismo. Las formas clásicas de transferencia horizontal incluyen la transducción, transformación, y la conjugación. En la transducción, la transferencia de DNA se da mediante un bacteriófago, de una célula a otra. La transformación se lleva a cabo cuando el DNA libre ingresa en una célula receptora. La conjugación bacteriana requiere el contacto de una célula a otra y se realiza de acuerdo a la transferencia genética mediante plásmidos. En los procesos de transducción y transformación, la célula encargada de donar el DNA ha pasado por un proceso de lisis previamente. En el tercero, se necesitan células vivas, una donadora y una receptora. Estos mecanismos llevan a cabo de manera simple el transporte de un número elevado de bacterias o arqueas a otras, y de bacterias a plantas/animales, esquivando barreras de especie o niveles taxonómicos superiores, de tal forma, permiten que la información genética pase de un lado a otro entre organismos que filogenéticamente se encuentran muy alejados.

3.1. Fundamentos principales de fisiología microbiana

La capacidad de los microorganismos para prosperar en una amplia gama de entornos es un testimonio de las diversas características fisiológicas de cada microorganismo, que están determinadas por su microhábitat específico. El crecimiento de microorganismos es un proceso complejo que involucra interacciones entre la célula y su entorno, ya que la célula proporciona nutrientes al medio ambiente y, a su vez, está influenciada por las actividades metabólicas de las células. Esta intrincada relación sirve como base fundamental para el estudio de la fisiología. Comprender estas interconexiones es crucial para identificar y aprovechar el potencial de los grupos microbianos y de esta manera poder regularlos y controlarlos.

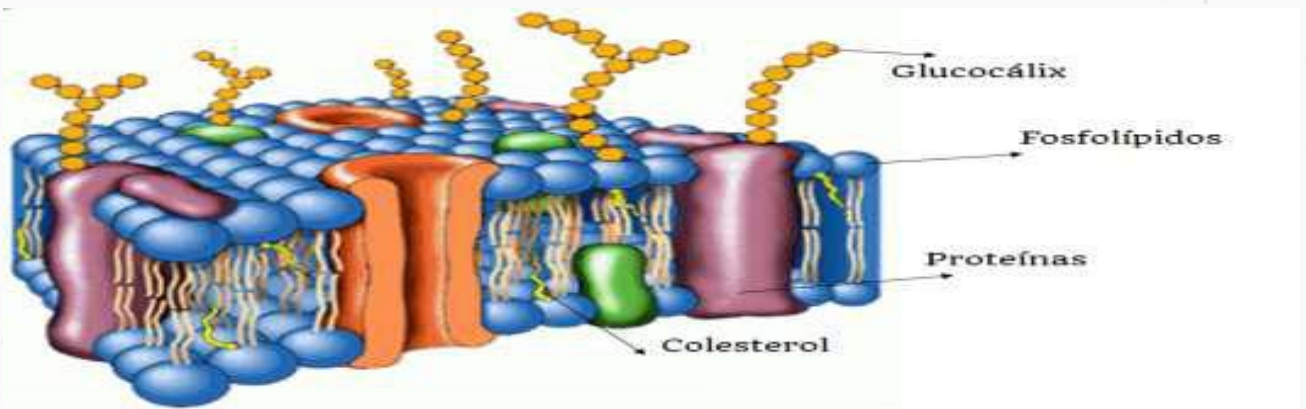
3.2 Análisis de la fisiología microbiana

El campo de la fisiología microbiana se centra en examinar y comprender los diversos cambios que ocurren dentro de los microorganismos. Se trata de definir los diferentes procesos que sufren los microorganismos, así como estudiar su regulación y los factores que influyen en estos eventos. Los microorganismos han evolucionado para prosperar en diversos entornos naturales, adaptándose para utilizar diversas fuentes de carbono, energía y poder de reducción. Las bacterias tienen la capacidad de metabolizar compuestos orgánicos debido a sus metabolismos; esto hace que se desarrollen variedad de microorganismos en diversos ambientes (Madigan y Col; 2015).

Membrana plasmática: la célula se encuentra delimitada por esta membrana quien separa su entorno y controla el intercambio de materiales dentro y fuera de la célula; aunque, su composición puede cambiar de acuerdo con el tipo de célula, se mantiene una funcionalidad constante

Figura 2

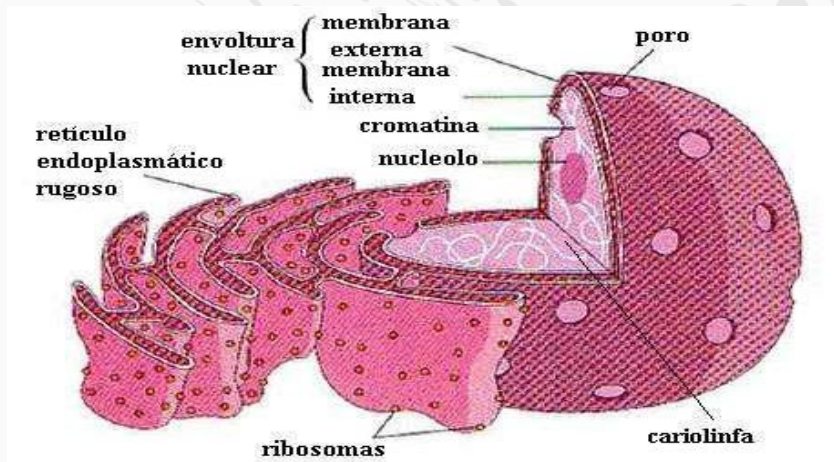
Membrana plasmática



Fuente: Oviedo, 2016.

Núcleo: Se encarga de guardar la información genética que se necesita para llevar a cabo la división de la célula, como se visualiza en la figura 3, puede darse en DNA Y RNA.

Figura 3.
Núcleo.

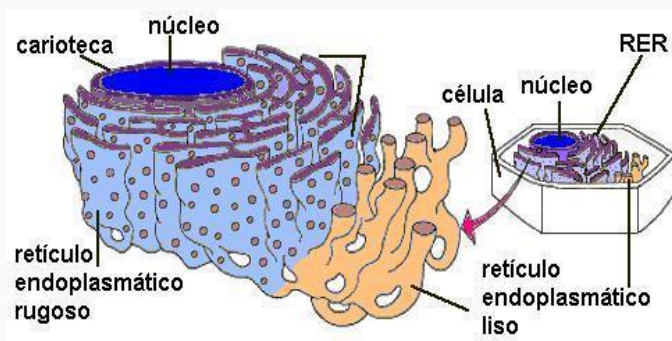


Fuente: Gonzales, 2013

Retículo endoplasmático (RE): Su trabajo es en base a la síntesis de biocompuestos que son requeridos para el funcionamiento correcto y normal a nivel celular

Figura 4

Diagrama tridimensional del RE.



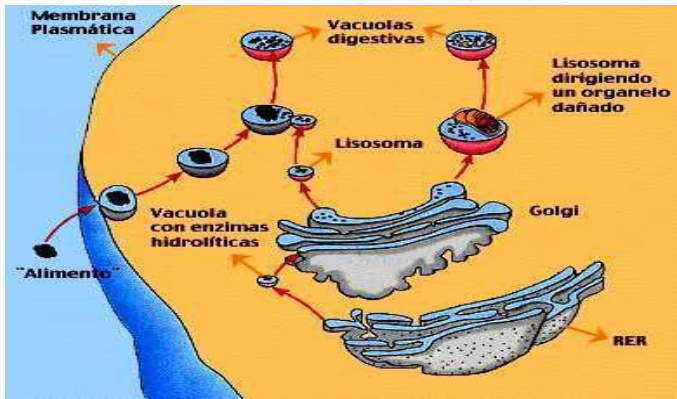
Fuente: Gonzales, 2002.

Aparato de Golgi: Se enfoca en el procesamiento, empaque y distribución proteica a distintas zonas de la célula

Lisosoma: Trabaja en la degradación de compuestos que se producen dentro y fuera de la célula.

Figura 5

Aparato de Golgi y lisosoma.

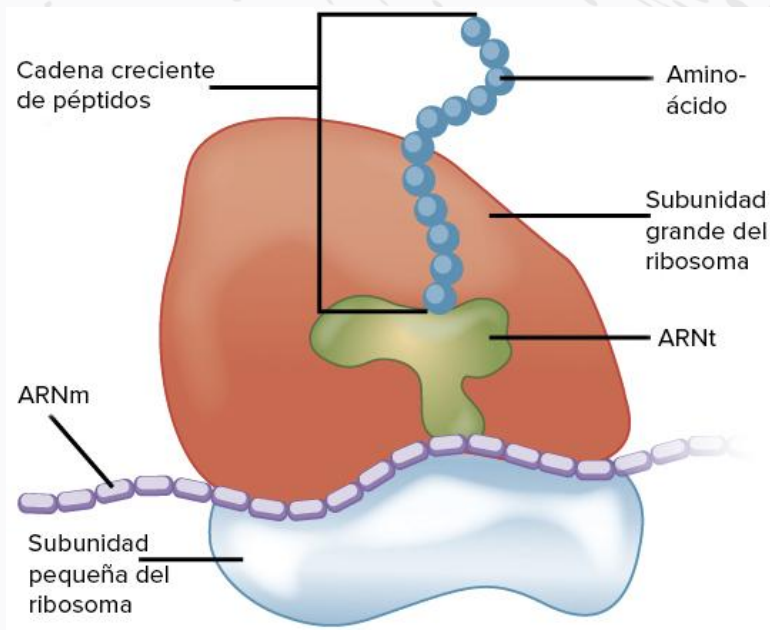


Fuente: Agundez, 2009.

Ribosomas: Se puede ubicar en el RE y su labor es la síntesis proteica

Figura 5.1

Ribosoma



Fuente: Rye, 2016