

12/04/2019

QMEC: una herramienta cuantitativa de alto rendimiento para la evaluación del potencial funcional microbiano en los ciclos biogeoquímicos del C, N, P y S



En un nuevo estudio publicado en la revista Science Life China los autores desarrollan un chip de alto rendimiento basado en una PCR-cuantitativa, Quantitative microbial element cycling (QMEC), para la evaluación y cuantificación del potencial genético de la microbiota para la mineralización de la materia orgánica del suelo y la liberación del C, N, P i S.

De Pixabay.

Los microorganismos son los principales motores de los ciclos de nutrientes en la biosfera. La determinación de la abundancia de los caracteres microbianos funcionales involucrados en la transformación de los nutrientes, incluyendo el carbono (C), nitrógeno (N), fósforo (P) y azufre (S), es crítica para la evaluación de la funcionalidad microbiana en los procesos biogeoquímicos y de los actuales cambios ambientales globales.

En un nuevo estudio en la revista Science China Life Sciences los autores desarrollan un chip de alto rendimiento basado en una PCR-cuantitativa, Quantitative microbial element cycling (QMEC), para una caracterización exhaustiva de los genes funcionales de la microbiota

involucrada en el ciclo del C, N, P, S y el metano.

El ciclo biogeoquímico de nutrientes consta de numerosos pasos, cada uno regulado por diversos genes funcionales. Por ejemplo, el ciclo del N se compone de diversos procesos, incluyendo la fijación de nitrógeno, la nitrificación, la desnitrificación, la amonificación, la oxidación anaeróbica del amonio, la mineralización orgánica del N y la reducción asimilatoria y disimilatoria del N, con unos 20 genes microbianos funcionales implicados. “Para la evaluación exhaustiva del potencial funcional de la microbiota en el ciclo biogeoquímico de CNPS es imprescindible reunir datos cuantitativos de todos estos genes, labor extremadamente laboriosa cuando se utilizan qPCR convencionales para procesar numerosas muestras ambientales”, explica el Dr. Bang-Xiao Zheng del CSIC-CREAF, Barcelona, actualmente en la University of Helsinki.

Con el objetivo de superar estas limitaciones, los autores de este estudio (i) han diseñado un set de parejas de primers involucrados en el ciclo del C, N, P y S i (ii) han desarrollado un método de detección funcional basado en una qPCR de alto rendimiento, QMEC, para la cuantificación simultánea de los genes del ciclo de CNPS y para la evaluación posterior de los potenciales microbianos en las dinámicas biogeoquímicas del CNPS y de las respuestas microbianas a los cambios ambientales. El QMEC contiene 36 parejas de primers ya conocidas y 36 de nuevas involucradas en los ciclos del C, N, P y S, enfocadas a 64 genes microbianos funcionales del metabolismo del C, N, P, S y del metano. Estas parejas de primers se caracterizan por una amplia cobertura (una media de 18-20 especies representadas por cada gen) y una especificidad suficiente (>70%) con un límite de detección relativamente bajo (7-102 copias por análisis).



Figura 1. Global Ecology Unit.

El QMEC se aplicó con éxito en muestras de sedimentos y de suelo, identificando de manera significativa estructuras diferentes, abundancias y diversidad de genes funcionales ($P < 0.05$). El QMEC permite especificar la abundancia absoluta de genes. Además, también permite la

determinación simultánea cuantitativa y cualitativa de 72 genes de 72 muestras en cada análisis, “hecho prometedor para una investigación exhaustiva de los procesos ecológicos con intervención microbiana y de los ciclos biogeoquímicos en contextos ambientales variados, incluyendo los del actual cambio global”, comenta el Prof. Josep Peñuelas del CREAM-CSIC.

Rosa Casanovas-Berenguer and Josep Peñuelas

CREAF

Universitat Autònoma de Barcelona

rosa.casanovas@creaf.uab.cat

Referencias

Zheng, B., Zhu, Y., Sardans, J., Peñuelas, J., Su, J. (2018). **QMEC: a tool for high-throughput quantitative assessment of microbial functional potential in C, N, P, and S biogeochemical cycling**. *Science China Life Sciences*, 2018, 2-12. DOI: [10.1007/s11427-018-93647](https://doi.org/10.1007/s11427-018-93647)

[View low-bandwidth version](#)