

Madrid, jueves 12 de enero de 2011

La técnica estrella para detectar bacterias discrimina las más raras

- **Los microorganismos menos abundantes no son detectados fácilmente por el método de amplificación por PCR**
- **El trabajo confirma que los científicos están aún lejos de determinar la enorme diversidad microbiana**
- **El estudio ha sido publicado en el último número de la revista *PLoS ONE***

Un equipo con participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha comprobado que la amplificación por la reacción en cadena de la polimerasa o PCR (por sus siglas en inglés), el método más empleado actualmente para la detección de bacterias, discrimina las menos abundantes. El estudio, que aparece publicado en el último número de *PLoS One*, confirma que no es posible determinar la estructura de la enorme diversidad microbiana con los métodos actuales.

La reacción en cadena de la polimerasa o PCR se emplea como técnica molecular para amplificar o generar múltiples copias de los genes de ARN ribosomal de un microorganismo específico. “En este estudio hemos comprobado que la detección de bacterias es dependiente de la fracción que representan respecto al total de la comunidad microbiana”, señala Juan Miguel González, investigador del CSIC en el Instituto de Recursos Naturales y Agrobiología ubicado en Sevilla.

Los científicos, en colaboración con un equipo del Centro Superior de Investigación en Salud Pública de Valencia, han empleado para los experimentos sondas fluorescentes específicas y dos cebadores (una cadena de ácido nucleico como punto de partida para la replicación de ADN). Tras amplificar cada tipo de bacteria simultáneamente en la misma reacción, observaron que la eficiencia de amplificación para las abundantes era elevada, mientras que para las que representaban una fracción reducida era muy baja.

Conocer los riesgos

“La diversidad microbiana, que es la base que sustenta la búsqueda de nuevos biocatalizadores y recursos para la explotación biotecnológica, es probablemente muy superior a lo que somos capaces de detectar actualmente. Conocer el riesgo de los

sesgos introducidos en la detección y cuantificación de secuencias amplificadas es algo importante mientras se continúe utilizando la amplificación por PCR o hasta que pasemos a una tercera generación de métodos de secuenciación”, señala González.

Juan M. Gonzalez, Maria C. Portillo, Pedro Belda-Ferre, Alex Mira. Amplification by PCR artificially reduces the proportion of the rare biosphere in microbial communities. *PLoS One* DOI: 10.1371/journal.pone.0029973