

**EXPLORANDO LA INTERSECCIÓN ENTRE LA BIOINFORMÁTICA Y LA ECOLOGÍA:
HERRAMIENTAS PARA ESTUDIOS METAGENÓMICOS**

Stephanie E. Hereira-Pacheco^a,

^aEstación Científica La Malinche, Centro Tlaxcala de Biología de la Conducta, Universidad Autónoma de Tlaxcala, 90062, Tlaxcala, México. Correo electrónico: shereirap@gmail.com
Palabras clave: metagenoma, genómica ambiental, ecología microbiana, análisis de secuencias.

Introducción. La metagenómica ha adquirido importancia ya que nos brinda la capacidad de obtener información de organismos que resultan inobservables o inaccesibles para su cultivo en laboratorio. Los estudios metagenómicos se dividen en dos vertientes, dependiendo de su enfoque tecnológico: los análisis de genes específicos conocidos como "metabarcoding", y los estudios de secuenciación total del metagenoma, también denominados "metagenómica shotgun" (Guilbert & Dupont, 2011). Por otro lado, la bioinformática constituye el estudio y desarrollo de métodos y herramientas diseñadas para analizar y explorar los datos derivados de la metagenómica). Aunque recientemente se han desarrollado diversos programas y herramientas bioinformáticas que han permitido caracterizar diversos tipos de ambientes (Taş et al. 2021) es preciso reconocer que gran parte de los estudios en ecología microbiana se han limitado a una descripción superficial, sin explorar a fondo la ecología de los microorganismos en sus diversos ambientes. La ecología se dedica al análisis de las interacciones entre los seres vivos con ellos mismos y su entorno. Su enfoque radica en explorar e interpretar los patrones y procesos presentes en la naturaleza, así como en identificar los factores subyacentes que pueden estar involucrados. A lo largo de los años, la ecología ha desarrollado una diversidad de métodos de análisis para comprender estos patrones y procesos, manteniéndose en constante evolución. Por su parte, la ecología microbiana emerge como una rama especializada en el estudio de los microorganismos. Su propósito es desentrañar la complejidad en el contexto de los ecosistemas, explorando cómo las poblaciones pueden influir en los procesos biológicos y ambientales (Marco, 2017). Por ende, es imperativo revisar y evaluar las diversas herramientas bioinformáticas ya utilizadas, buscando sinergias con las herramientas ecológicas consolidadas (Fig. 1). De esta manera, nuestros estudios pueden trascender de la mera descripción, lo cual es común en estudios de ecología microbiana, permitiéndonos identificar patrones y comprender las causas subyacentes que los impulsan.

Conclusiones. La metagenómica constituye un campo de investigación complejo en el que puede emerger la intersección entre diversas disciplinas como lo son la

bioinformática y la ecología. La complejidad de estos estudios necesita tanto bases teóricas y matemáticas bien establecidas como lo son las provenientes de la ecología, así como la aplicación de herramientas informáticas robustas.

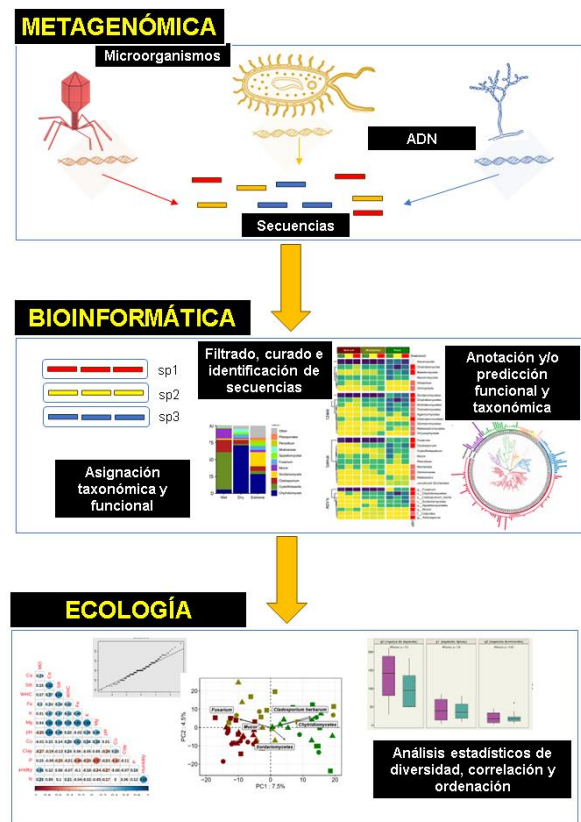


Fig. 1. Esquema de la intersección entre la bioinformática y ecología en los estudios metagenómicos

Bibliografía.

- Gilbert, J. A., & Dupont, C. L. (2011). Microbial metagenomics: beyond the genome. Annual review of marine science, 3, 347-371.
- Peay, K.G. and Bruns, T.D. (2014). New Phytol, 204: 180-191.
- Taş, N., de Jong, A. E., Li, Y., Trubl, G., Xue, Y., & Dove, N. C. (2021). Metagenomic tools in microbial ecology research. Current Opinion in Biotechnology, 67, 184-191.
- Marco, D. (2017). Integration of ecology and environmental metagenomics conceptual and methodological frameworks. Current Issues in Molecular Biology, 24(1), 1-16.