

PROGRAMA DE VINCULACIÓN DE CIENTÍFICOS Y TECNÓLOGOS - Convocatoria 2019

Microbiota intestinal con énfasis en la detección y caracterización molecular de microorganismos

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales (FACEN-UNA)

María Gabriela Ulke Mayans gabi.ulke@gmail.com

RESUMEN

Se denomina microbiota al conjunto de microorganismos que reside en el intestino humano y que establece relaciones simbióticas entre ellos y con el huésped. El microbioma es crucial para la salud y el bienestar; actúa como barrera intestinal y protege contra ciertos patógenos, participa en el desarrollo de las microvellosidades intestinales y en la transformación de ácidos biliares conjugados, produce vitaminas (B12 y K), colabora en la extracción de energía de la dieta a través de la fermentación de la fibra y es un importante regulador del desarrollo del sistema inmune.

OBJETIVOS

La composición de la microbiota intestinal constituye uno de los factores involucrados en el desarrollo de la obesidad, considerada por el Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social como una de las principales enfermedades crónicas no transmisibles. Por lo tanto, los objetivos establecidos para esta estancia fueron:

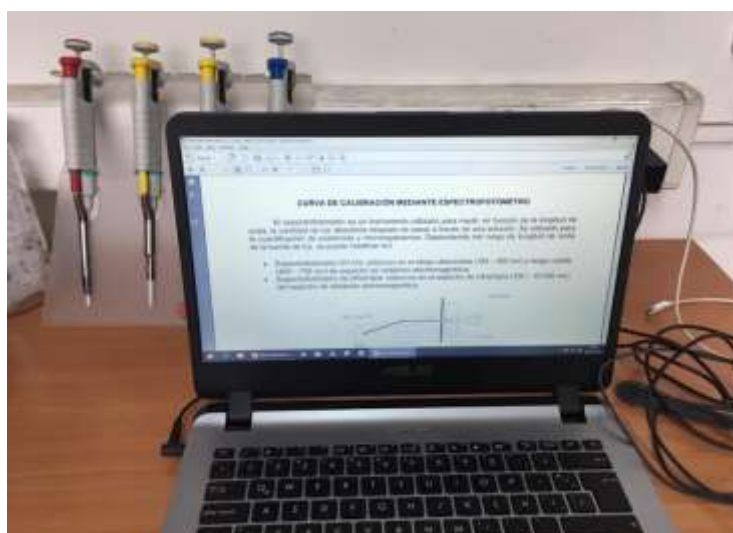
- 1- Elaborar un protocolo de toma de muestras fecales y transporte al laboratorio
- 2- Extraer el ADN de muestras fecales
- 3- Evaluar la calidad del ADN extraído
- 4- Identificar la región del gen que codifica para el ARN ribosomal 16 S, para el estudio de secuenciación de amplicones
- 5- Interpretar los resultados obtenidos de la secuenciación de amplicones 16 S

Palabra clave: microbiota intestinal, materia fecal, ARN ribosomal 16S

APORTES DE LA ESTANCIA

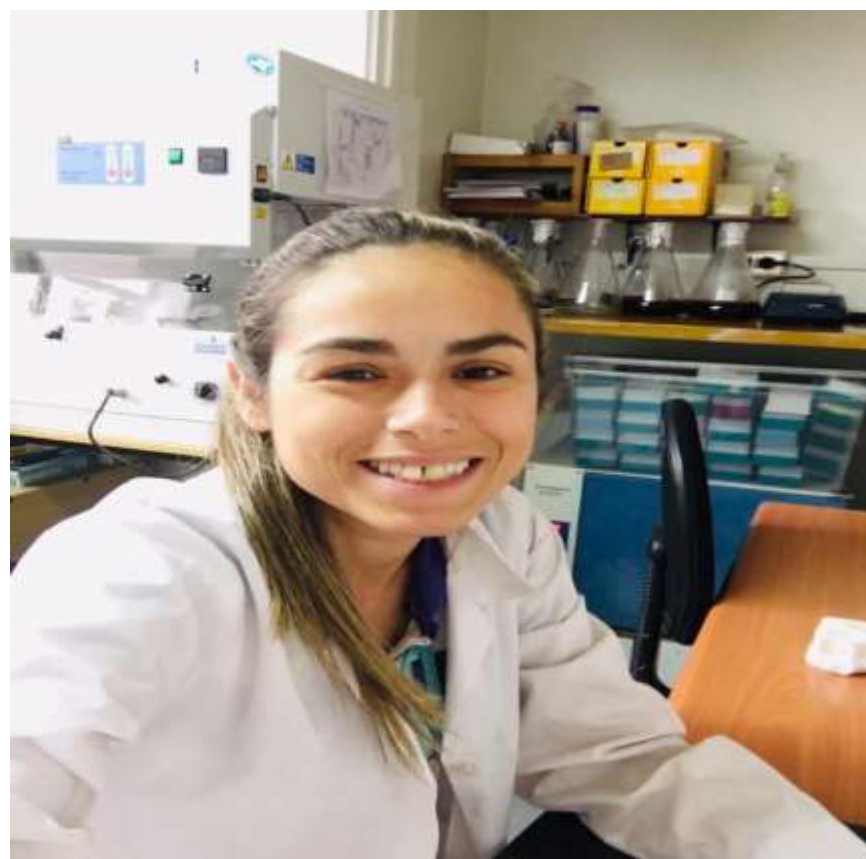
Durante la estancia se ha elaborado un protocolo de muestras de materia fecal, se definieron las condiciones de toma de muestra y transporte al laboratorio. Se realizó un análisis y revisión bibliográfica de papers sobre microbiota intestinal.

Medición de la concentración de ADN por fluorimetría. Evaluación de la integridad de ADN por electroforesis en gel de agarosa. Amplificación del gen 16S. Estudio de la estructura y función del gen 16S. Revisión de la literatura sobre las regiones del ARN ribosomal 16 S usadas para secuenciación NGS. Se definió la región 16 S a secuenciar. Así como también un taller de laboratorio y uso de micropipetas.



ACTIVIDADES REALIZADAS

Desarrollo de un protocolo de muestras fecales y transporte al laboratorio. Extracción de ADN de muestras fecales. Evaluación de la calidad del ADN extraído. Revisión de la región del gen que codifica para el ARN ribosomal 16 S, para el estudio de secuenciación de amplicones. Interpretación de resultados obtenidos de la secuenciación de amplicones 16 S



RESULTADOS OBTENIDOS

A partir de la vinculación realizada se pudo realizar una revisión de la literatura de los protocolos usados en estudios de identificación de microbiota por NGS (Next Generation Sequencing) así como definir condiciones de toma de muestra y transporte a laboratorio. También se realizó el procesamiento de la muestra de deposición y la extracción de ADN mediante kit de extracción (desde muestras fecales y aislados bacterianos). Se trabajó en la medición de la concentración de ADN por fluorimetría, evaluación de la integridad de ADN por electroforesis en gel de agarosa y amplificación del gen 16 S. Se realizó un estudio de la función y estructura del gen 16 S; así como la revisión de la literatura sobre las regiones del ARN ribosomal 16 S usadas para secuenciación NGS y se estableció la definición de la región 16 S a secuenciar.

CONCLUSIÓN

La evidencia sugiere la posibilidad de que la microbiota intestinal tenga un papel importante en la regulación del peso y puede ser en parte responsable del desarrollo de la obesidad. La microbiota intestinal es muy importante en el mantenimiento de la función tanto gastrointestinal como inmunológica, además de ser crucial para la digestión de nutrientes.



VISIÓN Y PLANES FUTUROS

Mediante diversos avances, se abrirán expectativas atrayentes en relación a la posibilidad de controlar y manipular la microbiota para obtener efectos metabólicos beneficiosos, que puedan utilizarse para el abordaje terapéutico de enfermedades crónicas prevalentes como la obesidad, la diabetes, el síndrome metabólico y diversas enfermedades inflamatorias intestinales.



“Esta estancia de Investigación fue co-financiada por el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología – CONACYT con recursos del FEEI”