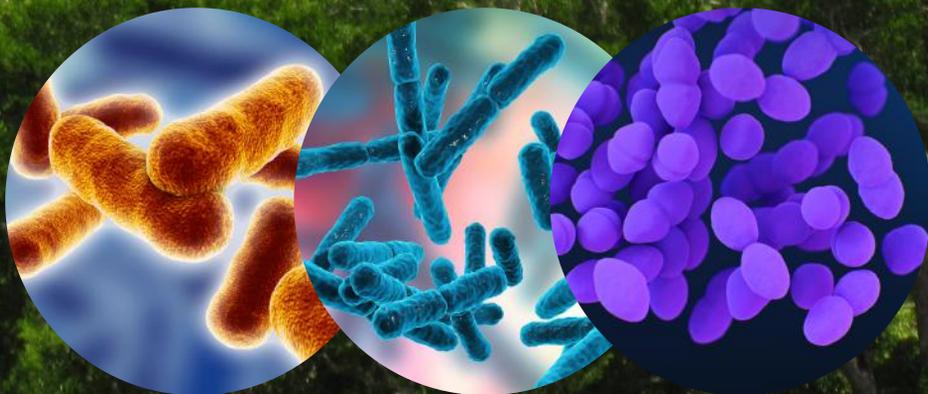




Bacterias de humedales de Calakmul: aliadas contra enfermedades de las plantas



Artículo 

Bacterias de humedales de Calakmul: aliadas contra enfermedades de las plantas

Cómo citar este artículo: Rodríguez-Romero HA, Verdel-Aranda K, Rodríguez-Ávila NL, Ramón-Canul LG, López-Hernández MB. 2025. Bacterias de humedales de Calakmul: aliadas contra enfermedades de las plantas. Revista Ciencia y Naturaleza (1164).





Bacterias del bosque para proteger los cultivos de enfermedades

¿

Podrían organismos invisibles a simple vista ser la clave para proteger nuestros cultivos de enfermedades devastadoras? La respuesta es sí, se han encontrado muchos de ellos en uno de los bosques tropicales más diversos y extensos del continente americano, la reserva de la biosfera de Calakmul, conocido por ser el segundo pulmón natural más grande del continente y albergar en su interior 723 mil hectáreas de selva tropical. En este tipo de bosques la diversidad animal y vegetal es abundante, en la actualidad parte de esta biodiversidad ya se ha descrito casi en su totalidad, sin embargo, muy pocos estudios se han realizado sobre la riqueza biológica-microbiana [1, 2].



En 2016, nuestro equipo de investigación se adentró en la reserva de la biosfera de Calakmul, un lugar hasta entonces inexplorado por los microbiólogos. No buscábamos animales o plantas exóticas, sino algo mucho más pequeño: bacterias con habilidades sorprendentes y un alto potencial para la bioprospección, posiblemente útiles para combatir enfermedades en los cultivos tropicales. Rodeados de selva, durmiendo en casas de campaña y escuchando a los monos aulladores por las noches, exploramos tres humedales conocidos como “aguadas”, donde descubrimos bacterias que podrían cambiar nuestra comprensión sobre cómo se defienden las plantas y su relación con estos microorganismos (Figura 1).

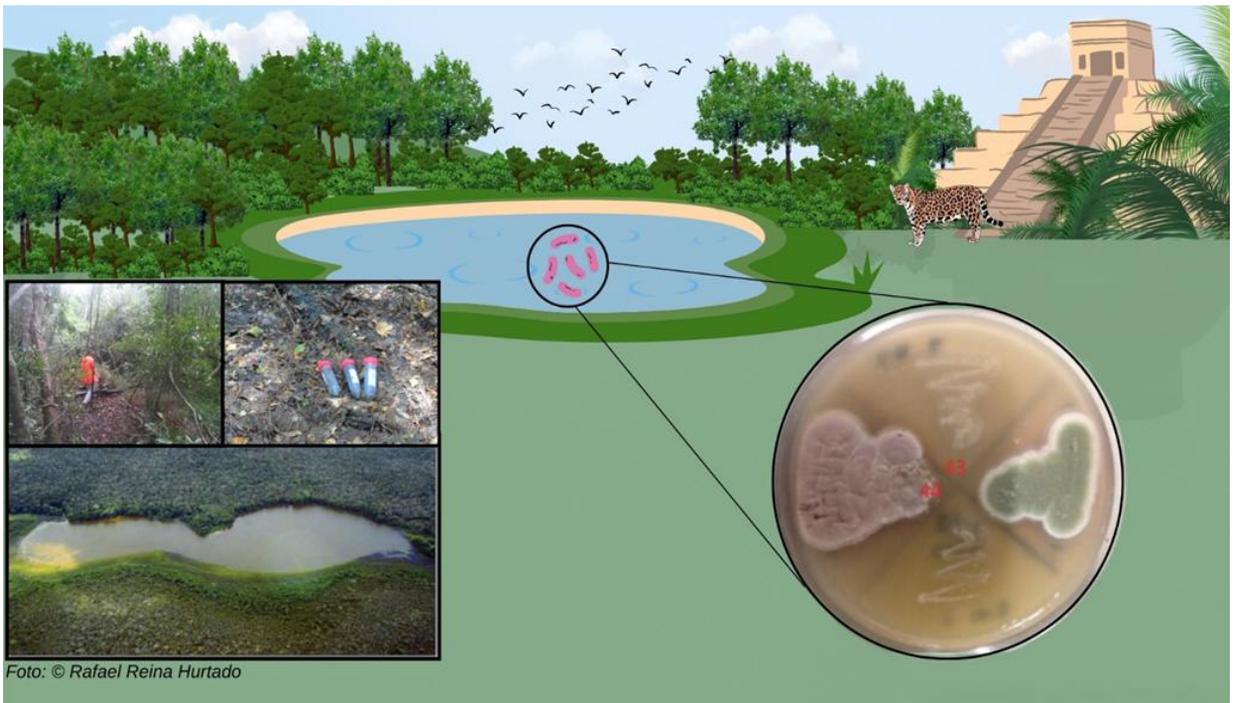


Figura 1. Representación esquemática de una aguada en la Reserva de la Biosfera de Calakmul. Se muestra el entorno natural, los sitios de muestreo de sedimentos y las bacterias aisladas a partir de dichas muestras. La imagen incluye un acercamiento de las colonias bacterianas cultivadas en laboratorio, destacando su diversidad y posible relevancia en el control de patógenos fúngicos.

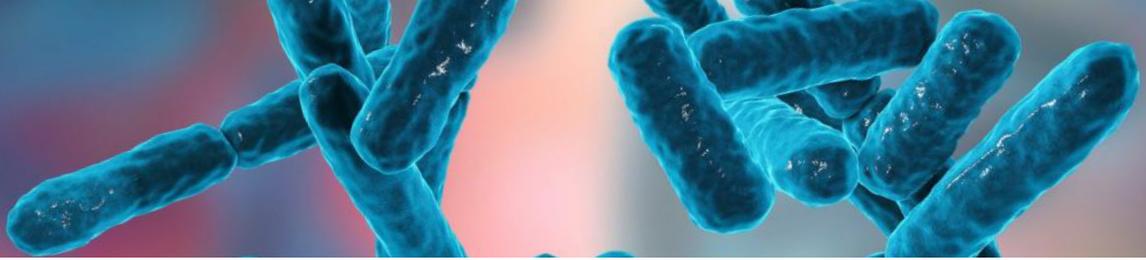
Desde las profundidades de la selva de Calakmul, bacterias con el poder de transformar la agricultura tropical

El papel de las bacterias en sedimentos para la protección de los ecosistemas

Es a través de la bioprospección y en el enfoque en esta basta diversidad bacteriana que buscamos microbios que ayuden en el control de fitopatógenos y beneficien a la rizósfera. Debajo del suelo hay un gran ecosistema, dentro podemos encontrar una gran variedad de microorganismos con diversas capacidades supresoras de enfermedades en plantas, de igual forma podemos encontrar aquellos que enferman a las plantas.

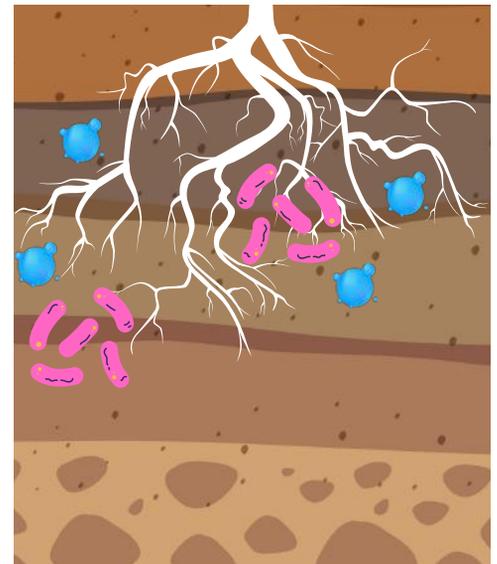


¿Cómo es que algunos microorganismos pueden ayudar a las plantas? ¿No todos los microorganismos son malos? ¡Pues no! No todos son maliciosos, algunas bacterias pueden funcionar como controladoras de algunas enfermedades por su capacidad supresora y sus diversos modos de acción para repeler la competencia. Algunas otras bacterias son llamadas “Bacterias Promotoras de Crecimiento en Plantas” (PGPB o Plant Growing Promoting Bacteria) y tienen como característica el persistir y colonizar la superficie de las raíces y así ejercer efectos fisiológicos directos o indirectos sobre el crecimiento y desarrollo de las plantas.

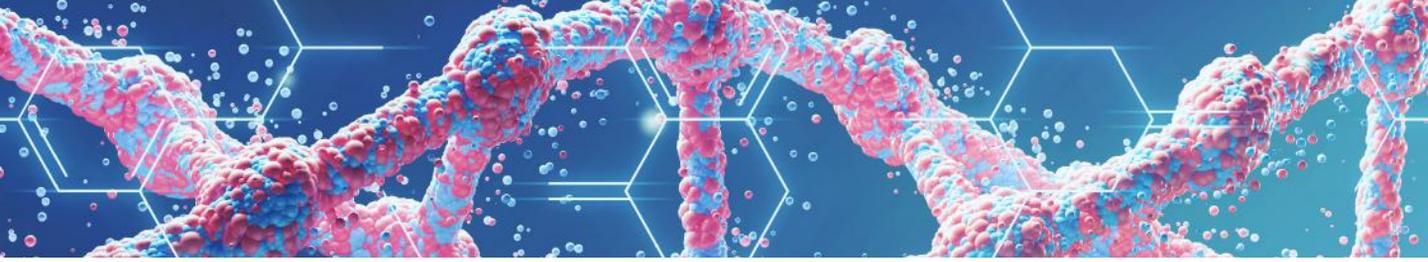


Las PGPB pueden ayudar a controlar otras bacterias y hongos que dañen a las plantas, su capacidad para combatir a estos microorganismos se puede presentar de distintas formas y dependerá de las características únicas de cada bacteria como su tamaño y modo de vida, esto influye en cómo actúa contra sus otros competidores del suelo. Hay diversos mecanismos de acción, algunas producen sustancias que impiden el crecimiento de otros microorganismos, como antibióticos o compuestos volátiles; otras favorecen las defensas naturales de las plantas para combatir a sus rivales.

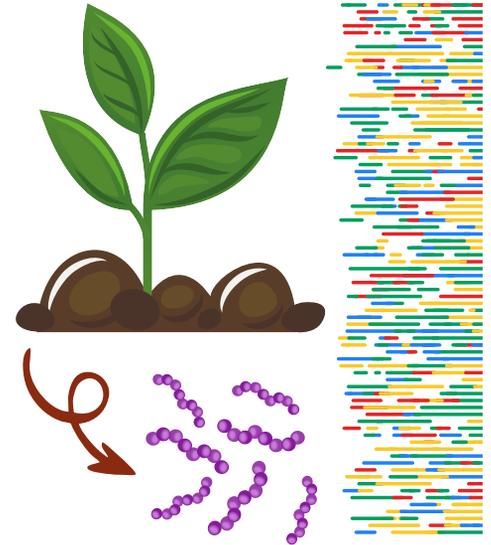
Para que estas bacterias benéficas puedan vivir y desarrollarse en las raíces necesitan alimento, las plantas liberan en el suelo a través de sus raíces azúcares y otras sustancias esenciales para que los microorganismos del suelo se alimenten. Colonizar las raíces del suelo es complicado, hay competencia constante por el alimento, ya que el suelo contiene una enorme cantidad de microorganismos, muchos de ellos dañinos para las plantas.



En las aguadas de la Reserva de Calakmul hemos descubierto bacterias con un gran potencial para proteger cultivos clave. Al analizar diferentes muestras, encontramos 100 bacterias capaces de combatir tres hongos fitopatógenos que generan graves pérdidas en la agricultura (*Fusarium oxysporum*, *Alternaria alternata* y *Colletotrichum gloeosporioides*).



En el laboratorio, pusimos a prueba la capacidad de estas bacterias para frenar el crecimiento de hongos fitopatógenos. Entre ellas, dos cepas resultaron especialmente prometedoras: CKM127 y CKM138, ya que lograron inhibir eficazmente a los fitopatógenos, a este resultado le decimos actividad antagónica. Luego, identificamos estas bacterias a nivel molecular para conocer mejor su potencial y posibles aplicaciones en la agricultura sostenible [4].



"Una cucharadita de suelo contiene más organismos vivos que personas en el mundo."

Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO)



Los microorganismos que habitan en Calakmul desempeñan un papel fundamental en la salud del ecosistema y pueden ser grandes aliados en la agricultura. Más del 40% de las bacterias aisladas en esta región han demostrado la capacidad de frenar el crecimiento de hongos que dañan los cultivos tropicales. Esto sugiere un enorme potencial para desarrollar alternativas naturales que ayuden a proteger las plantas sin necesidad de pesticidas, promoviendo así una agricultura más sostenible.



Gracias a los avances tecnológicos y la revolución en el estudio del ADN, hemos podido identificar los microbios que viven en los suelos de los humedales de Calakmul. Estos pequeños organismos pueden producir sustancias naturales con el potencial de proteger a las plantas de enfermedades causadas por hongos y bacterias dañinas.



Para conocer mejor esta diversidad microbiana, extraemos su material genético (ADN) y analizamos una región clave que nos ayuda a saber de qué especies se trata. Mediante esta técnica, descubrimos bacterias del género *Bacillus* y lo que podría ser una nueva especie de *Pseudomonas*, previamente identificadas solo con códigos de laboratorio, CKM127 y CKM38.

Nuestro siguiente paso será investigar qué características dentro de su ADN les permiten detener el crecimiento de hongos que afectan los cultivos. Para ello, utilizaremos dos enfoques: uno basado en métodos tradicionales y otro en herramientas modernas de análisis genómico. Esto nos ayudará a entender mejor cómo estos microorganismos pueden ser aliados en la agricultura sostenible.

Productos naturales bacterianos y cómo estudiarlos

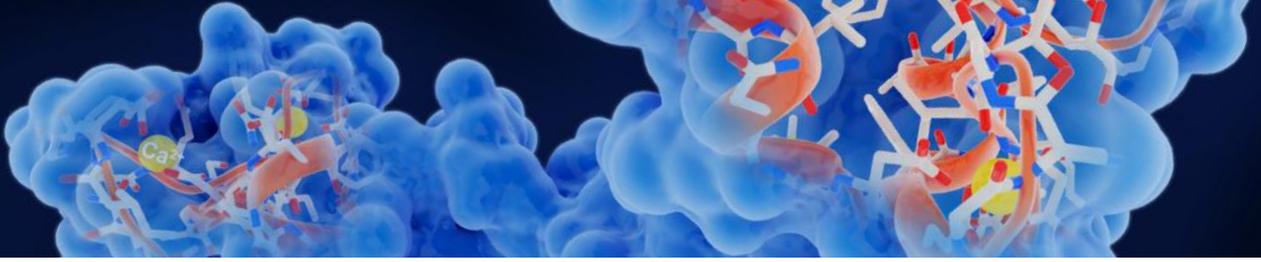
Enfoque tradicional en la búsqueda de metabolitos secundarios

Uno de los aspectos fundamentales en el estudio de las bacterias es la producción de metabolitos secundarios también llamados productos naturales, que son compuestos químicos que las bacterias en general producen y que no son esenciales para su supervivencia, pero que pueden tener funciones importantes, como en la defensa contra otros organismos.



Esta producción está controlada por conjuntos de genes denominados **clústeres de genes biosintéticos (CGB)**. Estos clústers son grupos de dos o más genes que están situados cerca uno del otro en el genoma y que trabajan juntos para producir un metabolito específico o un grupo de compuestos similares.

El método tradicional (Figura 2A) para identificar estos compuestos se basa en evaluar la actividad de los extractos obtenidos de cultivos bacterianos. Para entender mejor qué sustancias producen, se utilizan herramientas químicas especializadas que permiten analizar sus componentes. Luego, es posible identificar los genes responsables de su producción mediante un proceso en el que se modifican de forma aleatoria algunas partes del ADN de la bacteria y se observa si dejan de generar el compuesto de interés.



Un avance significativo en esta área ha sido la identificación de regiones conservadas dentro de los clústeres de genes biosintéticos, lo que ayuda a mejorar las estrategias de identificación. Por ejemplo, algunas **enzimas** que ayudan a ensamblar estos metabolitos están muy conservadas, este acercamiento presenta algunas limitaciones, los clústeres de genes biosintéticos pueden estar “apagados” cuando las bacterias se cultivan en condiciones de laboratorio, ya que su expresión está fuertemente influenciada por factores ambientales presentes en su hábitat natural.

Minería de genomas como un camino diferente hacia productos naturales nuevos

La **minería genómica** es un enfoque más reciente que se está volviendo esencial para el descubrimiento de productos naturales. Gracias a la llegada de tecnologías avanzadas de secuenciación ahora podemos acceder de manera más fácil y económica a las secuencias de los genomas de bacterias, abriendo un abanico de posibilidades para comprender mejor la diversidad genética.



 La minería de **genomas** utiliza la secuenciación del genoma bacteriano y herramientas bioinformáticas, para buscar y analizar CGB. Los datos se comparan con bases de datos, lo que permite predecir la estructura y función de los metabolitos asociados (Figura 2B). Entre las herramientas más utilizadas en la minería de genomas se encuentran:

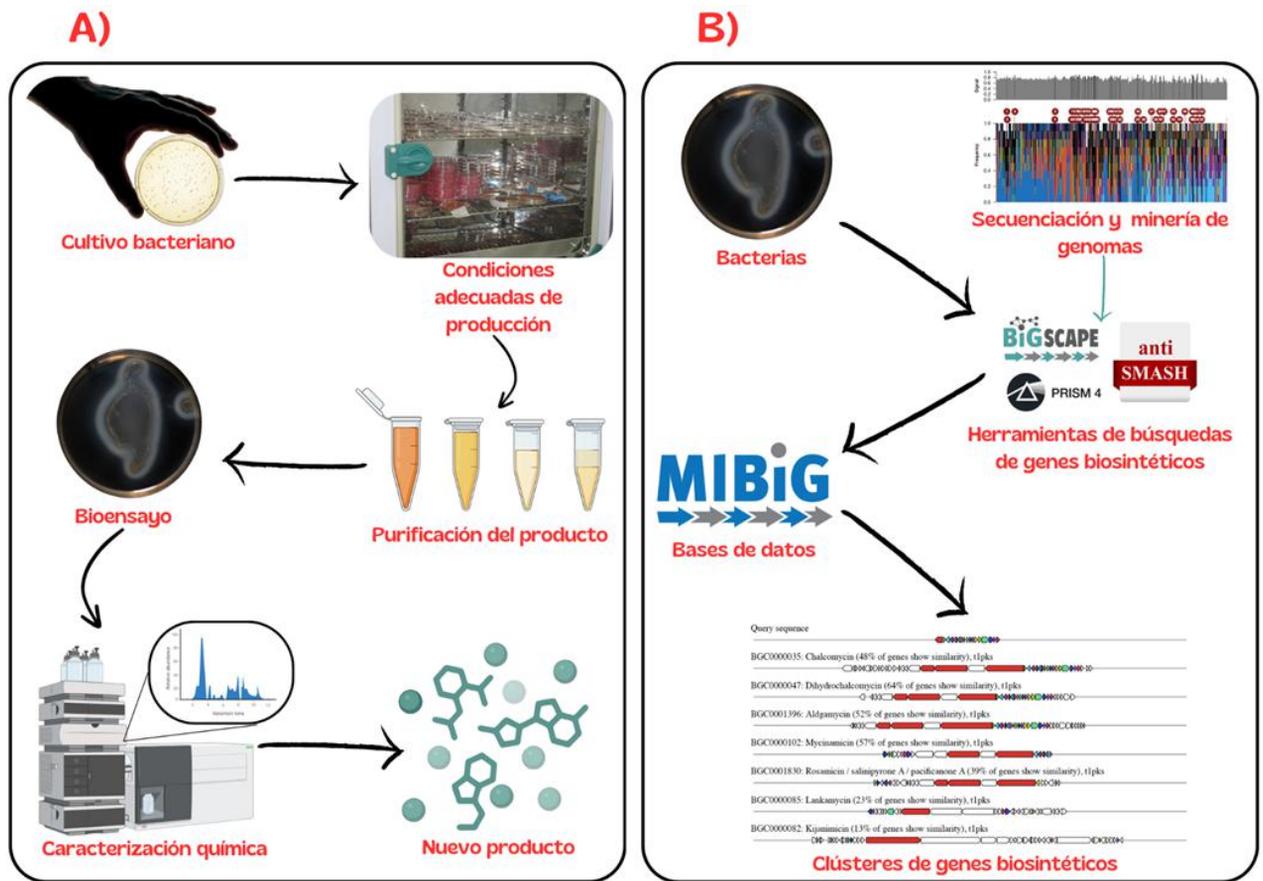
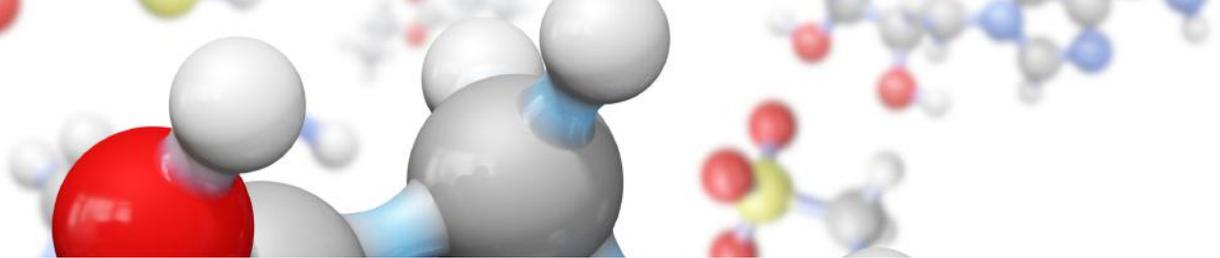


Figura 2. Representación gráfica de dos enfoques para identificar clústeres de genes biosintéticos (CGB) y metabolitos secundarios en bacterias. **A) Enfoque tradicional:** incluye cultivo bacteriano, producción, purificación, bioensayos y caracterización química. **B) Minería de genomas:** utiliza secuenciación, herramientas bioinformáticas (antiSMASH, BiG-SCAPE) y bases de datos (MIBiG) para predecir CGB y metabolitos.

MIBiG: Es como una gran biblioteca donde los científicos pueden comparar los compuestos que producen diferentes bacterias. Si encontramos un nuevo microbio, podemos revisar esta base de datos para ver si ya se conoce algo similar y qué aplicaciones podría tener, por ejemplo, en medicina o en la agricultura.





BiG-SCAPE: Funciona como un mapa que nos ayuda a agrupar y conectar diferentes bacterias según las sustancias que pueden producir. Así podemos descubrir cuáles podrían ser útiles y entender mejor cómo están relacionadas entre sí.

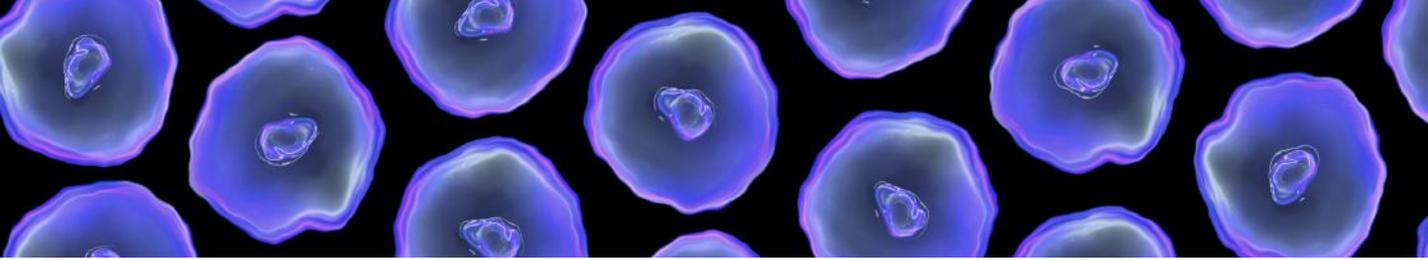


PRISM4: Es una herramienta que predice qué tipo de compuestos puede fabricar una bacteria con la información de su ADN. Es como una “bola de cristal” que nos da pistas sobre los posibles usos de esos compuestos sin necesidad de hacer pruebas de laboratorio de inmediato.

antiSMASH: Desde su lanzamiento en 2011, esta herramienta se ha vuelto imprescindible para buscar clústeres de genes biosintéticos en bacterias y hongos. AntiSMASH utiliza modelos matemáticos para identificar genes característicos y extender la búsqueda para fusionar clústeres cercanos en “superclústeres”. Además, ofrece opciones para analizar la estructura química de productos naturales y explorar enzimas involucradas en metabolismo secundario.

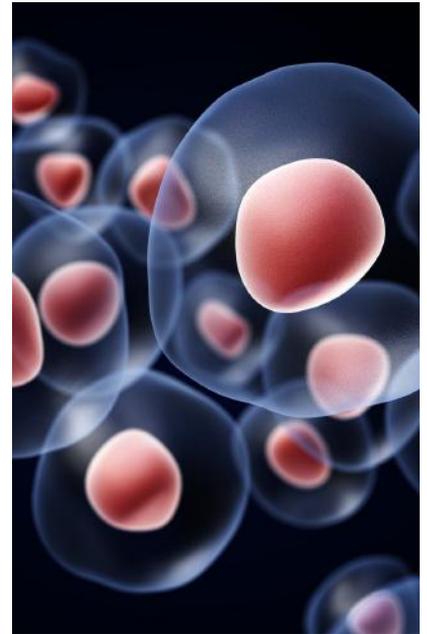
Compuestos novedosos identificados mediante minería de genomas

Los clústeres de genes biosintéticos como unidades genéticas que dan origen a los metabolitos secundarios tienen la capacidad de generar entidades químicas que se pueden clasificar de distintas maneras a través de la minería genómica, por ejemplo, de acuerdo a su origen y a su



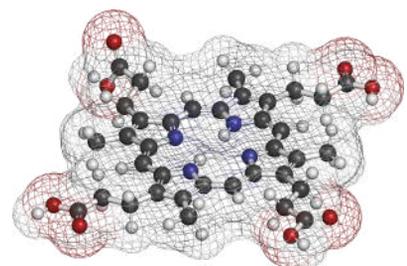
naturaleza química. En general los productos naturales bacterianos se dividen en dos grandes categorías, los derivados de productos ribosomales y los derivados de productos no ribosomales.

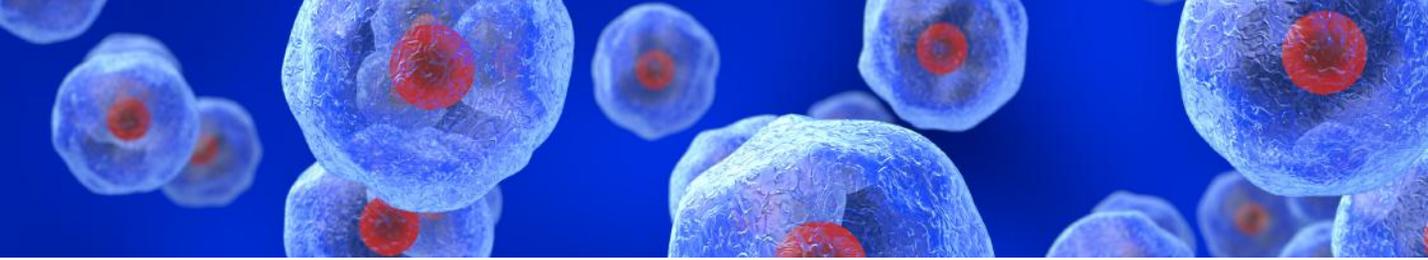
Los productos ribosomales conocidos como *RiPPs*, son moléculas que se producen en el ribosoma y sufren modificaciones en su estructura una vez terminada la traducción. Estas modificaciones otorgan una gran diversidad química, lo que permite clasificarlos en distintos subgrupos. A pesar de esta variedad, los RiPPs se originan a partir del mismo precursor peptídico y los genes que asociados a los CGB son responsables generar esta diversidad. Investigaciones como las de *Mcintosh, Dorina y Schmidt* (2009) han ayudado a entender mejor el papel de estos genes en la producción de estos compuestos.



Por otro lado, existe otro grupo de productos naturales como los metabolitos no ribosomales, que no se producen en el ribosoma de las células. Las enzimas involucradas en su producción son de naturaleza química diversa, entre ellas destacan dos grandes grupos: las sintetasas de péptidos no ribosomales (NPRS) y las policétido sintetasas.

Existen otros metabolitos importantes como los terpenos, los aminoglucósidos, las aminocumarinas, indolcarbazoles, lantibióticos, bacteriocinas, nucleósidos, batalactámicos, butirolactonas, sideróforos y las melaninas.





Más allá de sus nombres complicados y estructuras químicas complejas, lo realmente relevante de estas moléculas es el enorme potencial en distintos campos. Por ejemplo, el que mencionamos de control de enfermedades en plantas que promueve una agricultura más sostenible, pero también tiene aplicaciones en medicina y biotecnología ambiental.



Existen diferentes categorías de CGB y metabolitos (Figura 3). La diversidad de moléculas que se generan a partir de los genes que tienen los microorganismos codificados en su genoma es amplia. A medida que continúan los estudios sobre los CGB y el desarrollo de nuevas herramientas para hacer minería de genomas, se espera que nuevas aplicaciones y compuestos importantes sean descubiertos lo que promete un futuro emocionante en la biotecnología agrícola y otros campos afines.

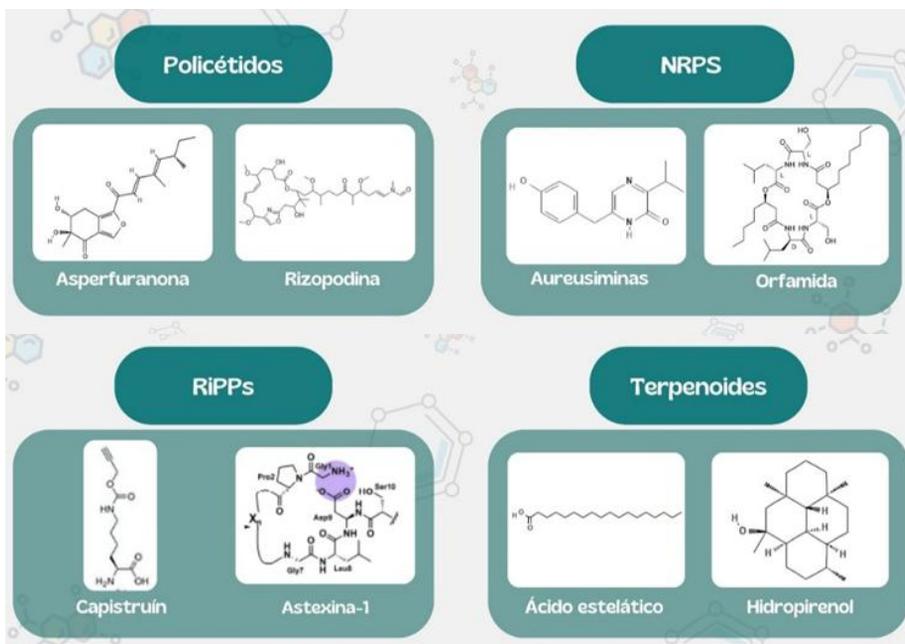


Figura 3. Ejemplos de compuestos identificados mediante minería de clústeres de genes biosintéticos. Se muestran algunos metabolitos secundarios novedosos producidos por bacterias, de acuerdo con su clasificación.



El análisis preliminar de los genomas de las bacterias de los géneros *Bacillus* y *Pseudomonas* encontradas en Calakmul reveló la presencia de genes relacionados con la producción de compuestos como NRPS, policétidos, terpenos y RiPPs, conocidos por su potencial para combatir hongos que afectan a los cultivos.

Estos hallazgos sugieren que estos microorganismos podrían ser una fuente natural de sustancias con aplicaciones en la agricultura. Sin embargo, aún es necesario comprobar en el laboratorio su efectividad real y entender mejor cómo actúan en condiciones agrícolas.



Preguntas para reflexionar

¿Por qué crees que la biodiversidad microbiana en ecosistemas como la Reserva de la Biósfera Calakmul es crucial para la salud de las plantas y los ecosistemas en general?

¿Cómo podrían las bacterias benéficas descubiertas en Calakmul ser utilizadas en la práctica agrícola para reducir el uso de pesticidas químicos y promover una agricultura más sostenible?





Conceptos

Bacterias promotoras del crecimiento en plantas (PGPB): Son microorganismos beneficiosos que viven en el suelo o en las raíces de las plantas y ayudan a mejorar su desarrollo. Lo hacen de varias maneras, como facilitando la absorción de nutrientes, produciendo hormonas de crecimiento, protegiendo contra patógenos o reduciendo el estrés ambiental.

Bioprospección: Es la exploración y estudio de la biodiversidad para identificar organismos o sustancias naturales con potencial benéfico para el ser humano, en áreas de la salud, agricultura, biotecnología, entre otras.

Enzimas: Las enzimas son moléculas que aceleran las reacciones químicas en los seres vivos, permitiendo procesos esenciales como la digestión y la producción de energía. Actúan como herramientas especializadas que transforman sustancias sin desgastarse, haciendo que todo ocurra más rápido y de manera eficiente.

Genomas: El genoma es el conjunto completo de instrucciones del ADN dentro de la célula. El genoma contiene toda la información que un ser vivo necesita para funcionar y desarrollarse.

Minería genómica: es la exploración y análisis de genomas para identificar genes o grupos de genes que codifican compuestos bioactivos, como metabolitos secundarios, con potencial para aplicaciones biotecnológicas, médicas o industriales.

Clústeres de genes biosintéticos (CGB): son grupos de genes en el genoma que trabajan juntos para producir moléculas específicas, como metabolitos secundarios. Cada gen del clúster aporta una función necesaria, como la formación, modificación o transporte de estas moléculas, que suelen tener aplicaciones en medicina, agricultura o industria.

Agradecimientos

Esta investigación fue financiada por el Tecnológico Nacional de México a través de la convocatoria "Convocatoria 2024: PROYECTOS DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA, DESARROLLO TECNOLÓGICO E INNOVACIÓN", bajo el proyecto Caracterización Genómica y Bioquímica de una nueva cepa de *Pseudomonas* sp. Antagónica de hongos fitopatógenos aislada en Calakmul. Agradecemos profundamente su apoyo.



Para Consulta



1. Becerra-Lucio AA, Labrín-Sotomayor NY, Becerra-Lucio PA *et al.* 2021. Diversity and Interactomics of Bacterial Communities Associated with Dominant Trees During Tropical Forest Recovery. *Curr Microbiol* (78): 3417–3429. [[Link](#)]



2. García-Estrada DA, Selem-Mojica N, Martínez-Hernández A, *et al.* 2024. Diversity of bacterial communities in wetlands of Calakmul Biosphere Reserve: a comparative analysis between conserved and semi-urbanized zones in pre-Mayan Train era. *BMC Microbiol* 24(1): 376.



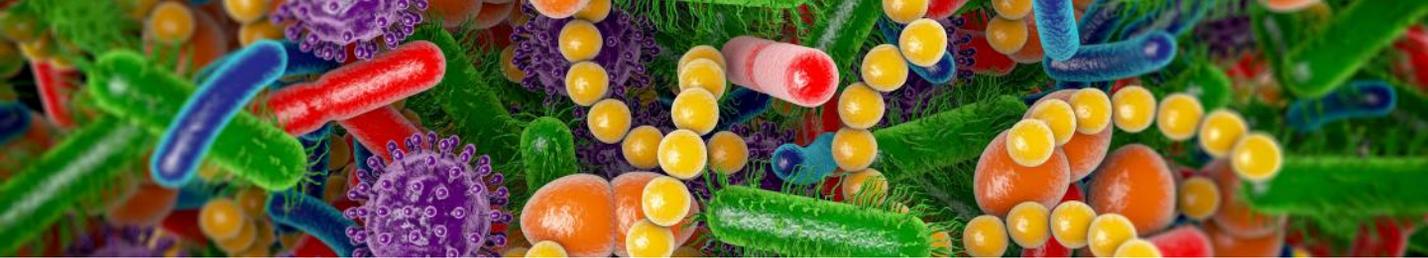
3. McIntosh JA, Donia MS, Schmidt EW. 2009. Ribosomal peptide natural products: bridging the ribosomal and nonribosomal worlds. *Natural Product Reports* 26(4): 537–559. [[Link](#)]



4. Yvens-Alberus J. 2022. Identificación de clusters de genes potencialmente involucrados en la biosíntesis de metabolitos secundarios en bacterias de aguadas de calakmul antagónicas a fitopatógenos. Tesis MC, MT, MP y DC (35): 1-86. [[Link](#)]

Crédito de imágenes en orden de aparición: Wikimedia Commons (Pavel Kirillov, Ljuba brank, August Dominus), TianGuoFeng (Getty Images, GI), Icons8 Photos, Science Photo Library, blueringmedia, stediaco, DG-studio, Jenzon Lopez (sketchify Education), Ca-ssis (GI), ismagilov (GI), Macrovector, natrot, Maksim Archak, Kanjeng prabu waskito, robuart, Ha-rin, Victoria Sergeeva, VoxelArt, mkarco (GI), VertorBum, GraphicRF, Imgmidi, ktsimage (GI), frentusha (GI), Edward Jenner (Pexels), selvanegra (GI), Pro500, Sergey Shulgin (GI), RDGraphics, theasis (GI), ifc (GI), bodym (GI), Studio Molekuul, TimArbaev (GI), DAPA Images, eros (Gambar Carwana), New Wind. Crédito de figuras: Rafael Reina Hurtado, proporcionadas por los autores. Los autores declaran que ningún párrafo ha sido generado completamente o con más del 50% de sus palabras con herramientas AI.

Dr. David A. Paz García
Editor en Jefe Revista CyN



Henry A. Rodríguez Romero

Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Chiná. Estudiante de Licenciatura en Biología. Actualmente trabaja su tesis en el Laboratorio de biotecnología vegetal, su trabajo está enfocado en el estudio de rizobacterias promotoras de crecimiento vegetal. Apasionado por la divulgación científica.

contacto: l20830045@china.tecnm.mx



Karina Verdel Aranda

Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Chiná. Doctora en Ciencias en la Especialidad de Biotecnología en Plantas, se dedica a la investigación en el campo de la biotecnología microbiana para resolver problemas agroalimentarios. Actualmente es docente e investigadora del Tecnológico de Nacional de México, Campus Chiná. Siente gran compromiso por la docencia y la comunicación de los resultados de la ciencia para todo el público.

contacto: karina.va@china.tecnm.mx



Norma L. Rodríguez Ávila

Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Chiná. Profesora de tiempo completo. Investigadora en el Laboratorio de Biotecnología Vegetal. Ha trabajado en el aislamiento y caracterización de productos naturales para el control de plagas y enfermedades en los agroecosistemas así como en la micropropagación de plantas de importancia agrícola o ecológica.

contacto: norma.ra@china.tecnm.mx



Lorena G. Ramón Canul

Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Chiná. Doctora en Ciencias en Agroecosistemas Tropicales adscrita al Tecnológico Nacional de México, Campus Chiná. Trabaja en las áreas de Ciencia y Tecnología de los alimentos con énfasis en el desarrollo de nuevos productos a partir de subproductos agropecuarios.

contacto: lorena.rc@china.tecnm.mx



Mónica B. López Hernández

Tecnológico Nacional de México, Instituto Tecnológico de Chiná. Doctora en Fisiología y Genética Vegetal adscrita al Tecnológico Nacional de México, Campus Chiná. Trabaja en las áreas de ecofisiología de cultivos y fisiología de semillas de interés agrícola y forestal. Actualmente es encargada del Laboratorio de ecofisiología de cultivos Tropicales en el Campus Chiná.

contacto: monica.lh@china.tecnm.mx