



## EDITORIAL

### El papel central de la secuenciación masiva y la correcta identificación de microorganismos en el desarrollo de bioinsumos agrícolas seguros

### Central role of massive sequencing and accurate identification of microorganisms in the development of safe agricultural bioinputs

Diego Herman Sauka

Editor Asociado de Revista Argentina de Microbiología, Buenos Aires, Argentina



Los bioinsumos han ganado espacio en el marco de una agricultura que aspira a ser cada vez más viable y sostenible, por constituir una opción menos agresiva y más respetuosa con el medio ambiente que los productos químicos convencionales de síntesis. Estos insumos, a menudo de origen microbiano, pueden contribuir significativamente a la reducción del impacto ambiental asociado a la producción de alimentos.

La relación entre la producción de bioinsumos y la esperanza de vida al nacer es relevante en este sentido, ya que estos insumos pueden mejorar la calidad de los alimentos producidos y reducir los riesgos de contaminación química, que impactan en la salud de las personas y en el medio ambiente. Como disciplina, la microbiología puede proporcionar soluciones sostenibles a los desafíos actuales en áreas como la salud, el medio ambiente y la agricultura, y los bioinsumos son una de las soluciones específicas que la microbiología puede aportar en este campo<sup>3</sup>.

La utilización de microorganismos como ingredientes activos en bioinsumos de uso agrícola se ha vuelto cada vez más común. Bacterias, hongos y virus son algunos de los microorganismos utilizados en estos productos, ya que

pueden estimular el crecimiento de las plantas, protegerlas de plagas y enfermedades, y mejorar su rendimiento<sup>1</sup>. Estos microorganismos se pueden obtener de diversas fuentes, como el suelo, las plantas y los animales. Sin embargo, es fundamental tener en cuenta que no todos los microorganismos son seguros para su uso en la producción de bioinsumos, ya que algunos pueden presentar riesgos para la salud humana o animal, o para el medio ambiente.

Por lo tanto, es crucial identificar correctamente los microorganismos antes de utilizarlos en bioinsumos, así como analizar la información disponible sobre ellos y los posibles problemas de seguridad derivados de su uso. Este aspecto adquiere especial importancia en el contexto del enfoque "Un mundo, una salud", tema ampliamente discutido en uno de nuestros editoriales recientes<sup>7</sup>.

Es esencial ser conscientes de los riesgos asociados a la introducción de microorganismos en el medio ambiente y efectuar una adecuada evaluación de los posibles efectos negativos antes de utilizarlos en la agricultura. De esta manera, podremos garantizar una producción agrícola sostenible y responsable, que no comprometa la salud de las personas ni de los animales.

Para lograr una correcta identificación de los microorganismos utilizados en la producción de bioinsumos, es esencial emplear técnicas avanzadas, como la secuenciación masiva del ADN (que implica el uso consiguiente e imperativo

Correo electrónico: [dhsauka@hotmail.com.ar](mailto:dhsauka@hotmail.com.ar)

<https://doi.org/10.1016/j.ram.2023.05.001>

0325-7541/© 2023 Asociación Argentina de Microbiología. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

de la bioinformática), la identificación mediante espectrometría de masas y la realización de pruebas de cultivo en medios específicos. Gracias a estas técnicas es posible lograr una identificación precisa de los microorganismos, incluso a nivel de especie<sup>2</sup>.

Particularmente, la secuenciación masiva —también conocida como secuenciación de nueva generación (NGS, por sus siglas en inglés)— es una técnica de secuenciación de ADN que proporciona grandes cantidades de información genómica de una sola vez. La identificación taxonómica se basa en la comparación de secuencias de ADN de los microorganismos con bases de datos de referencia, lo que permite una identificación más rápida y precisa que los métodos tradicionales que incluyen el cultivo.

Además de permitir la identificación taxonómica, la NGS también puede utilizarse para identificar genes asociados a factores de virulencia de microorganismos patógenos y genes relacionados con la resistencia a antibióticos. No obstante, es fundamental destacar que la mera presencia de factores de virulencia en un microorganismo no implica automáticamente su condición de patógeno, ya que esto depende de diversos factores, como la cantidad de factor de virulencia producido y las interacciones que establece ese microorganismo con el hospedador y otros microorganismos en su entorno. Además, la expresión de factores de virulencia puede estar afectada por condiciones ambientales específicas. Por consiguiente, la evaluación del potencial patogénico de un microorganismo en particular debe considerar múltiples factores y no limitarse a la identificación de factores de virulencia; aún menos, basarse únicamente en la detección de genes asociados a estos factores. Asimismo, la detección temprana de genes de resistencia a antibióticos en los microorganismos utilizados en bioinsumos es fundamental para prevenir la propagación de la resistencia y limitar su impacto en la salud pública.

La bibliografía muestra un número creciente de artículos científicos que dan cuenta del potencial de diversas cepas microbianas para ser utilizadas como bioinsumos en la agricultura. Dichas cepas se han asociado tanto a especies patógenas primarias como a especies oportunistas. Por ejemplo, la bacteria *Serratia marcescens*, que es conocida por causar infecciones oportunistas en humanos, mostró elevada actividad insecticida contra varias especies de insectos fitófagos<sup>5</sup>. Del mismo modo, la bacteria *Enterobacter cloacae* fue capaz de mejorar la tolerancia de las plantas a la salinidad y a metales pesados<sup>4</sup>, mientras que algunas especies del género *Burkholderia* han demostrado ser efectivas en la protección de las plantas contra patógenos fúngicos<sup>6</sup>. En este contexto, la identificación taxonómica de los microorganismos mediante NGS desempeña un papel preponderante.

Es de suma importancia destacar que los microorganismos patógenos no deben ser empleados en la producción de bioinsumos agrícolas. Frente a la posibilidad de que un microorganismo candidato a ser usado como bioinsumo tenga potencial patogénico, es necesario someterlo a un exhaustivo estudio en ese sentido antes de avanzar en el desarrollo del producto. La seguridad y la evaluación minuciosa de los riesgos son elementos esenciales para asegurar una aplicación responsable de los microorganismos en la agricultura.

Es importante mencionar que las limitaciones en la correcta identificación y caracterización de especies microbianas pueden obstaculizar la innovación y el desarrollo de productos en la industria de los bioinsumos. Por lo tanto, es necesario fomentar la investigación en la diversidad microbiana y mantener actualizadas las listas de especies permitidas (agentes microbiológicos notificados a la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria, <https://zenodo.org/record/7554134>). Esto facilitará el proceso de registro y aprobación de nuevos productos. Puede resultar complicado obtener los permisos necesarios para usar especies no incluidas en estas listas.

En su papel como entidad garante de la salud y el medio ambiente, la autoridad regulatoria de cada país, como el Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria en Argentina, puede requerir estudios exhaustivos de seguridad y eficacia antes de permitir el uso de nuevos aislamientos o cepas en la producción de bioinsumos. Si bien esto puede limitar la investigación y el desarrollo de productos en la industria de los bioinsumos, es importante comprender que estas medidas actúan como un mecanismo de control para garantizar la seguridad y la efectividad de los productos utilizados en la agricultura. Además, desconocer las características genotípicas relacionadas con la virulencia y la resistencia a los antibióticos puede generar dificultades en el registro de bioinsumos que contengan estas nuevas cepas microbianas. En este sentido, la identificación taxonómica de los microorganismos a través de la NGS desempeña un papel crucial en el proceso de registro y aprobación de productos, ya que permite una evaluación más precisa y completa de sus características genéticas y los posibles riesgos asociados.

Es fundamental encontrar un equilibrio adecuado entre la seguridad y el estímulo a la innovación en este campo.

## Bibliografía

1. Chulze SN. Agentes de control biológico de origen microbiano para reducir el impacto de hongos patógenos y toxicogénicos. *Rev Argent Microbiol.* 2023;55:1–2.
2. Di Conza JA. Aplicaciones de la espectrometría de masas MALDI-TOF en la microbiología clínica. *Rev Argent Microbiol.* 2022;54:163–5.
3. Lodeiro AR. Esperanza de vida al nacer. Contribuciones y desafíos de la microbiología. *Rev Argent Microbiol.* 2020;52:85–7.
4. Singh RP, Pandey DM, Jha PN, Ma Y. ACC deaminase producing rhizobacterium *Enterobacter cloacae* ZNP-4 enhance abiotic stress tolerance in wheat plant. *PLoS One.* 2022;17:e0267127.
5. Tao A, Wang T, Pang F, Zheng X, Ayra-Pardo C, Huang S, Xu R, Liu F, Li J, Wei Y, Wang Z, Niu Q, Li D. Characterization of a novel chitinolytic *Serratia marcescens* strain TC-1 with broad insecticidal spectrum. *AMB Express.* 2022;12:100.
6. Xue L, Yang C, Jihong W, Lin L, Yuqiang Z, Zhitong J, Yanxin W, Zhoukun L, Lei F, Zhongli C. Biocontrol potential of *Burkholderia* sp. BV6 against the rice blast fungus *Magnaporthe oryzae*. *J Appl Microbiol.* 2022;133:883–97.
7. Zabaloy MC. Una sola salud: la salud del suelo y su vínculo con la salud humana. *Rev Argent Microbiol.* 2021;53:275–6.