

CLASIFICACIÓN DE LOS MICROORGANISMOS



CLASIFICACIÓN DE LOS MICROORGANISMOS. Fundamentos. Rangos taxonómicos. Nomenclatura.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Al finalizar el tema el estudiante podrá:

1. Establecer la importancia de la clasificación de los microorganismos.
2. Identificar la ubicación de los diferentes grupos microbianos en el mundo biológico.
3. Definir Taxonomía y Filogenia. Señalar el objetivo de Taxonomía.
4. Enumerar los diferentes enfoques de la Taxonomía bacteriana, señalando su fundamento y aplicaciones.
5. Citar y ordenar jerárquicamente los rangos taxonómicos.
6. Definir Nomenclatura y señalar su objetivo.
7. Establecer la diferencia entre Taxonomía y Nomenclatura.
8. Clasificar a los microorganismos en base a las características morfológicas y/o fisiológicas, utilizando los esquemas correspondientes.
9. Discutir las bases de la clasificación de los virus y cómo ellas difieren de las usadas para la clasificación de los otros microorganismos.

Para poder comprender la gran diversidad de organismos existentes es preciso agruparlos y organizar los grupos generales en una estructura jerárquica sin superposiciones. De eso se encarga la **TAXONOMÍA**, que es la ciencia de la clasificación biológica. La taxonomía en su sentido más amplio se descompone en tres partes independientes pero interrelacionadas:

- Clasificación
- Nomenclatura
- Identificación

La clasificación es la estructuración de los organismos en grupos o taxones en función de semejanzas mutuas o del parentesco evolutivo.

La nomenclatura es la rama de la taxonomía que se ocupa de la asignación de nombres a grupos taxonómicos de conformidad con normas publicadas.

La identificación constituye el lado práctico de la taxonomía que consiste en establecer que un organismo determinado pertenece a un taxón reconocido.

Se han distinguido diversas posturas ante las relaciones entre la Taxonomía (facilitan el análisis comparativo) y la Filogenia (historia evolutiva de los taxones, sostenida por algunos ecólogos), ambas se consideran herramientas o métodos que permiten dar un nombre tipificado a determinadas entidades. Existen posturas contrarias que conciben a la Taxonomía como una aproximación a la Filogenia, debiendo reflejar la evolución de las especies y, por tanto, considerando a ambas disciplinas como interdependientes.

En fin, la taxonomía microbiana es un tema muy amplio y que requiere del conocimiento de muchos aspectos, en este tema nos centraremos en los principios generales y daremos algunos ejemplos.

Desarrollo de la Taxonomía Microbiana

El creador de la Taxonomía fue el botánico sueco Carl von Linneo, su sistema de nomenclatura, el sistema binomial, se usa todavía en la actualidad.

Hasta mediados del siglo XIX se conocían sólo dos reinos, animal y vegetal. Luego de comenzar a conocerse la existencia de microorganismos, en 1866, Ernst Haeckel creó un tercer reino que llamó los Protistas.

Con el desarrollo del microscopio fue posible el reconocimiento de las células eucariotas y procariotas y eso condujo a la ubicación de las bacterias en un reino separado de microorganismos sin núcleo al que se le dio el nombre de *Procariotae*, tal como lo propuso Robert G. E. Murray en 1968.

En 1969, R. H. Whittaker propuso un sistema de clasificación en cinco reinos:

- *Monera*, incluye a todos los microorganismos procariotas.
- *Protista*, incluye a todos los microorganismos eucariotas unicelulares u ocasionalmente multicelulares.
- *Fungi*, reino que incluye a los hongos en sus diversas formas.

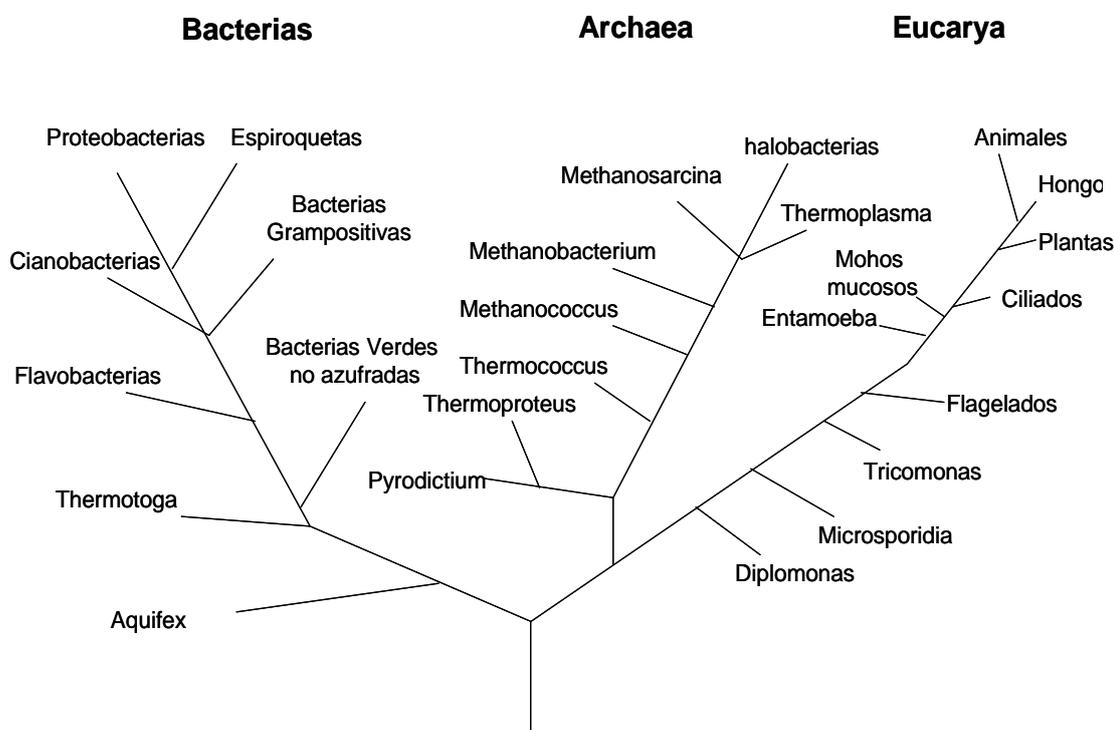
- *Plantae*, corresponde al reino vegetal
- *Animalia*, corresponde al reino animal.

Posteriormente, nuevas técnicas de biología molecular se usaron para estudiar la composición del ARN ribosómico y revelaron que hay realmente dos tipos de células procariontas (arqueas y bacterias) y un tipo de células eucariotas. En 1978, Carl R. Woese propuso elevar los tres tipos

de células a un nivel por encima del reino, llamado dominio y de ahí surgió el sistema de clasificación de tres dominios que se conoce en la actualidad y que comprende:

- *Bacteria* (procariontas unicelulares cuya pared celular contiene peptidoglucano)
- *Arquea* (procariontas unicelulares cuya pared celular no contiene peptidoglucano)
- *Eukarya* (todos los eucariotas)

Los virus no son asignados a ningún reino ya que ellos son microorganismos acelulares que comparten sólo unas pocas características de seres vivos.



Adaptado de G.J. Olsen y C. R. Woese. "Ribosomal RNA: A key to Phylogeny" en The FASEB 7:113-123, 1993.

ENFOQUES DE LA TAXONOMÍA BACTERIANA

1. ENFOQUE CLÁSICO

Se denomina así porque es el que se ha utilizado durante más de 100 años. Se determinan características de diferentes microorganismos y esas características se utilizan después en

la separación de los grupos.

La unidad taxonómica de la Microbiología es el CLON o CEPA, se denomina así a una población de células genéticamente idénticas derivadas de la división sucesiva de una sola célula.

Un grupo de cepas que tiene la mayoría o todas las características en común será clasificado como una ESPECIE, y las especies relacionadas se clasifican en el mismo GÉNERO.

En general en este enfoque se le da más valor a las características estructurales y morfológicas que a las fisiológicas y bioquímicas por las razones siguientes:

- La morfología de una bacteria es el resultado de la expresión de un gran número de genes que controlan enzimas, las cuales a su vez determinan la síntesis de diversos componentes estructurales.
- La morfología tiene un cierto grado de independencia de las influencias ambientales y en general las bacterias presentan las mismas formas y estructuras en los diversos ambientes en los que se desarrollan.
- La morfología es por lo general una característica estable genéticamente y no sufre amplios cambios como resultado de mutaciones en un solo gen.
- La morfología de una bacteria es fácil de determinar con la ayuda de un microscopio.

Entre **las características no morfológicas** que tienen valor taxonómico tenemos: composición química de la pared celular, inclusiones citoplasmáticas y productos de reserva, composición química de la cápsula, pigmentos, requerimientos nutricionales, capacidad para usar diferentes fuentes de carbono, nitrógeno, azufre y energía, productos de fermentación, necesidades gaseosas, requerimientos y tolerancias de temperatura y pH, sensibilidad a antibióticos, patogenicidad, relaciones simbióticas, características inmunológicas, hábitat, etc.

Algunas de estas características pueden no ser aplicables en un grupo en particular, dependiendo del caso variarán el número y tipo de los datos recopilados para efectuar una buena clasificación.

El enfoque clásico es casual y no sistemático, pero resulta muy útil para algunos grupos de bacterias.

2. ENFOQUE GENÉTICO O MOLECULAR

Tiene por objeto determinar el grado de relación genética de diferentes organismos. Este enfoque involucra estudios diseñados para demostrar directa o indirectamente que las secuencias de bases del ADN de dos organismos son semejantes o idénticas, lo cual puede hacerse de varias maneras.

2.1 Composición de bases del ADN o del ARN r

Es posible mediante métodos físicos o químicos saber el contenido de bases del ADN, el que por convenio se expresa en %G+C. Diferencias en %G+C mayores de 10% nos indican que las cepas estudiadas no están estrechamente relacionadas, pero proporciones de bases semejantes no nos indican con certeza que las cepas estudiadas estén relacionadas, ya que las bases podrían estar en la misma proporción pero en secuencias diferentes.

Las tendencias más recientes para establecer relaciones filogenéticas se basan en la comparación de las secuencias de ARN ribosómico.

2.2 Hibridización y homología de ácidos nucleicos

Este procedimiento está basado en la capacidad que tienen las cadenas de ADN de un organismo para formar un híbrido con las cadenas de ADN de otro organismo o entre dos muestras de ADN desnaturizado, uno de los cuales está marcado con un radioisótopo o con un colorante fluorescente, para posteriormente cuantificar. Para ello se requiere siempre un punto de referencia el cual es suministrado por ADN de una cepa de referencia que es preparado marcado y no marcado. La cantidad de reasociación entre estos 2 ADN homólogos es determinada y se le asigna un valor del 100%. La cantidad de reasociación entre el ADN de referencia y ADN de otra cepa puede ser medido y expresado como un porcentaje del valor para la reasociación de ADN de la cepa de referencia.

La técnica de hibridización es más eficaz si uno de los ácidos nucleicos que se van a reasociar (hibridizar) está en forma de fragmentos muy pequeños, por lo que previamente los ácidos nucleicos se someten a una agitación a alta velocidad. Para estudios de organismos con parentescos más lejanos puede utilizarse también ARN en vez del segundo ADN, ya que el ARN representa una pequeña porción del genoma del ADN total.

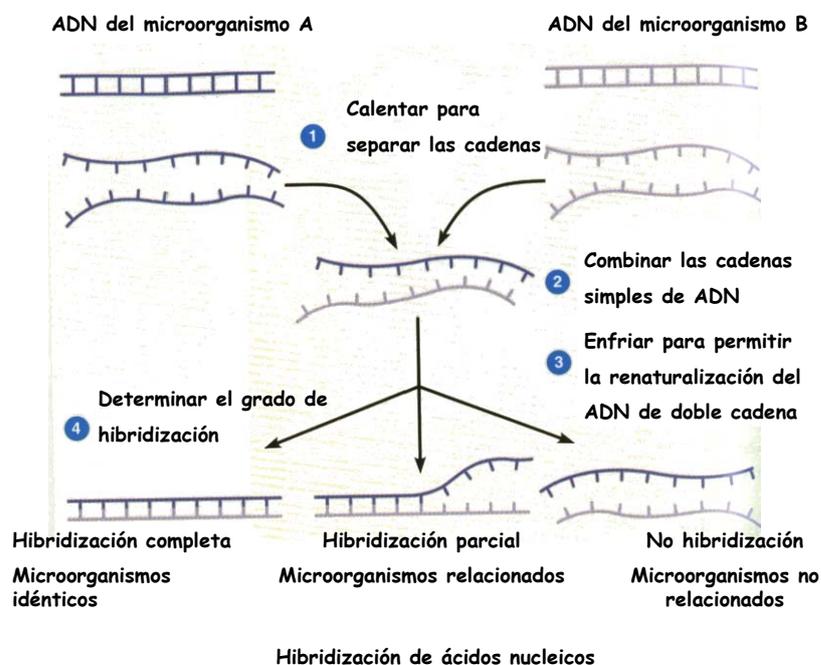


Fig. 10.15 Microbiology An introduction Tortora et al 7th edition

Estas técnicas de biología molecular han dado lugar a nuevas herramientas moleculares que se han adoptado rápidamente al campo del diagnóstico microbiológico. Este nuevo enfoque utiliza factores genotípicos más que fenotípicos para identificar microorganismos específicos. Un ejemplo de estas técnicas modernas de identificación lo constituyen las sondas de ácido nucleico, son oligonucleótidos cortos y de secuencia única que se emplean como sonda de hibridación para la identificación de microorganismos. Estos métodos son altamente sensibles y específicos.

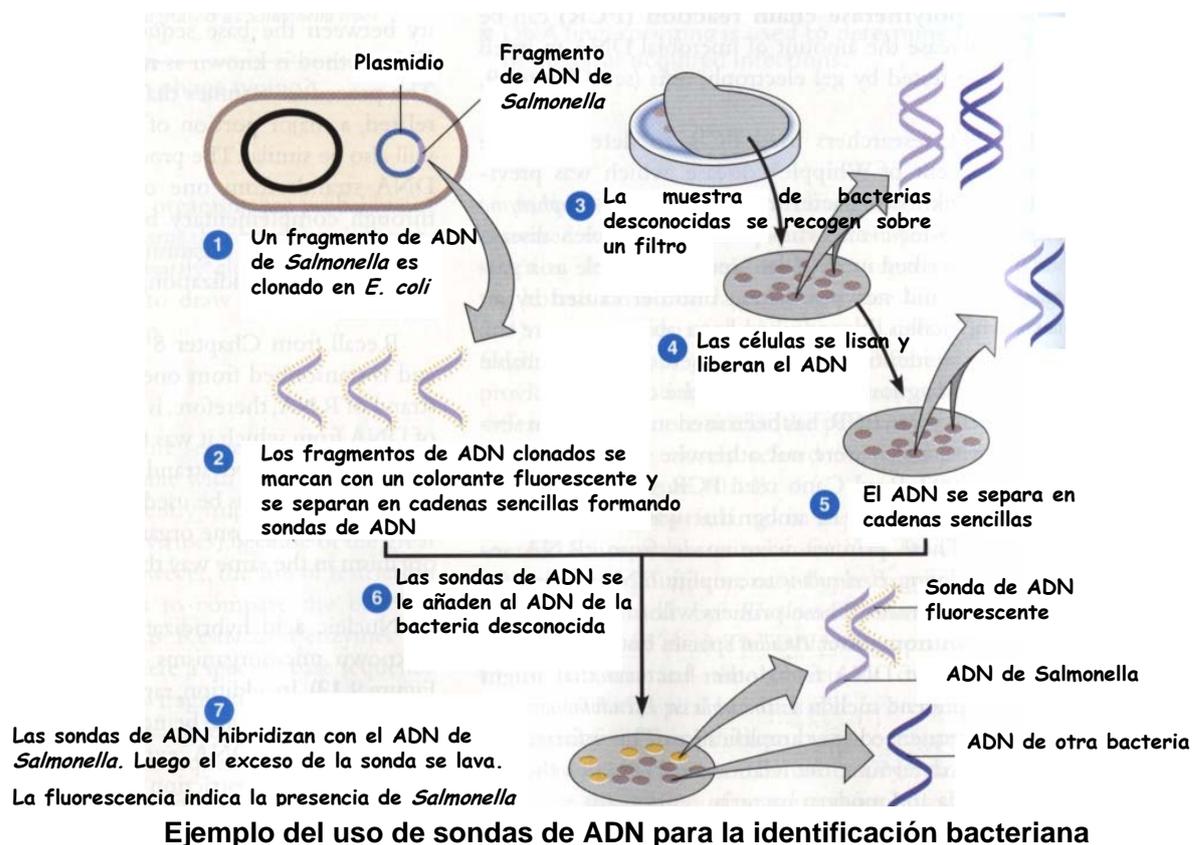


Fig. 10.16 Microbiology An introduction Tortora et al 7th edition

2.3 Homología entre proteínas:

Hay muchos métodos para comparar proteínas, de los cuales el más seguro es la determinación de la secuencia de aminoácidos de la proteína purificada. Como esta secuencia está directamente relacionada con la secuencia de bases de los genes que controlan su síntesis, secuencias similares de aminoácidos en proteínas funcionalmente similares indican que los organismos tienen secuencias similares de bases para estos genes.

3.4 Recombinación genética:

En bacterias que poseen mecanismos para recombinación genética, puede demostrarse proximidad genética por medio de estudios sobre la eficacia del intercambio genético.

Sin embargo como incluso bacterias muy relacionadas no pueden aparearse por diversas razones, el análisis de la recombinación genética hace posible el reconocimiento de semejanzas pero no de diferencias, puesto que si no ocurre recombinación, no se puede decir por esta sola razón que no están relacionadas.

NOMENCLATURA

Es el darle nombre a los microorganismos y su objetivo es precisamente elegir el nombre adecuado y nombrar el germen siempre por el mismo nombre evitando así confusiones.

Es importante diferenciar entre taxonomía y nomenclatura, ya que nomenclatura es únicamente darle el nombre al organismo luego que se ha completado el trabajo taxonómico.

Para nombrar las bacterias se usa el esquema binomial en el cual el nombre de la bacteria está constituido por 2 palabras; la primera es una palabra en latín o latinizada, que se escribe con la primera letra en mayúscula e indica el GÉNERO, usualmente esta palabra proviene del nombre del descubridor u otro científico relacionado o describe la morfología del microorganismo. La segunda palabra indica la ESPECIE, se escribe con minúscula, y es usualmente descriptivo refiriéndose al color, origen, patogenicidad, etc.

Ejemplo: *Bacillus subtilis*

↓ ↓
 Género Especie

Los nombres científicos de las bacterias deben ser escrito en letra cursiva (Itálica) o en su defecto cada palabra debe ser subrayada.

Las reglas y métodos del sistema de Nomenclatura Bacteriana se encuentran en el Código Internacional de Nomenclatura Bacteriana.

IDENTIFICACIÓN

La información acerca de los microorganismos obtenidas de los métodos ya citados, nos permite no sólo la clasificación de nuevos microorganismos sino también la identificación de los microorganismos ya conocidos, aislados de muestras de orígenes diversos.

Dos de los métodos utilizados para la identificación son: las claves dicotómicas y los cladogramas.

Claves dicotómicas

Con el uso de las claves dicotómicas, la identificación se basa en preguntas sucesivas, y cada pregunta tiene dos respuestas posibles. Después de responder una pregunta, se dirige al investigador a otra pregunta hasta que el microorganismo es identificado. Aunque estas claves a menudo tienen poco que ver con las relaciones filogenéticas, son de gran valor para la identificación.

Cladogramas

Son mapas o diagramas, como el que se presenta en la página 3, que muestran relaciones evolutivas entre los microorganismos, basados principalmente en la secuenciación del ARN ribosómico.

MANUAL BERGEY DE BACTERIOLOGÍA SISTEMÁTICA

Para la clasificación, identificación y nomenclatura de las bacterias, la mejor referencia que existe es el *Bergey's Manual of Systematic Bacteriology*, conocido como el Manual Bergey. La edición más reciente está siendo publicada progresivamente, y estará constituida por 5 volúmenes, en ella estarán incluidas todas las especies de bacterias conocidas para la fecha de su publicación y a diferencia de la anterior que tenía un enfoque que enfatizaba en las características fenotípicas, esta edición tiene un análisis filogenético basado en la secuenciación del ARN r, del ADN y de las proteínas.

RANGOS DE LOS GRUPOS TAXONÓMICOS

Un grupo taxonómico es un grupo de microorganismos tratados como un grupo con nombre en una taxonomía formal.

Las categorías taxonómicas que se dan a continuación están colocadas en rango taxonómico descendente:

Clase
Orden
Familia
Tribu
Género
Especie

El nombre del grupo taxonómico entre el orden y el género se forma añadiendo el sufijo correspondiente a la raíz del nombre del género tipo.

Grupo taxonómico	Sufijo	Ejemplo
Orden	-ALES	<i>Pseudomonadales</i>
Familia	-ACEAE	<i>Pseudomonadaceae</i>
Tribu	-EAE	<i>Pseudomonadeae</i>
Género		<i>Pseudomonas</i>

CLASIFICACIÓN DE LOS HONGOS

La identificación y clasificación de los hongos filamentosos está basada principalmente en sus rasgos estructurales y morfológicos. Algunos hongos tienen una apariencia tan característica que pueden ser identificados fácilmente, pero en la mayoría de los casos se requiere observar una preparación del hongo al microscopio y estudiar sus características tales como:

- Morfología de las hifas

- Presencia o ausencia de septos
 - Ramificaciones
 - Tipo de esporas
 - Características de las colonias, las que se estudian macroscópicamente
- La clasificación de las levaduras usa principalmente el enfoque clásico con un gran énfasis en pruebas bioquímicas de utilización de carbohidratos.

El esquema taxonómico tradicional empleado para la clasificación de los hongos los ubica en cuatro divisiones, basándose fundamentalmente en variaciones en la reproducción sexual.

División	ESPORAS ASEXUALES	ESPORAS SEXUALES	MICELIO	EJEMPLOS
<i>Zygomycota</i> (Zi-gomicetos)	Endógenas (en sacos)	Oosporas Zigosporas	Cenocítico	<i>Rhizopus, Mucor</i>
<i>Ascomycota</i> (Ascomicetos)	Exógenas (en las puntas o lados de las hifas)	Ascosporas	Septado	<i>Penicillium, Aspergillus, Levaduras</i>
<i>Basidiomycota</i> (Basidiomicetos)	Exógenas (en las puntas o lados de las hifas)	Basidiosporas	Septado	Setas Royas Tizones
<i>Deuteromycota</i> (Deuteromicetos) (Hongos imperfectos)	Exógenas (en las puntas o lados de las hifas)	-	Septado	La mayoría de los patógenos de humanos y animales

CLASIFICACIÓN DE LOS VIRUS

Dependiendo del tipo de célula que infectan, los virus se clasifican en:

- Virus animales
- Virus de plantas
- Virus de bacterias o bacteriófagos

De ahora en adelante, nos vamos a ocupar de los virus animales, debido al gran número de enfermedades de origen viral que afectan al hombre y a los animales.

Los virus animales se clasifican tomando en cuenta las características siguientes:

1. Características primarias

- 1.1 Organización de la cápsida
 - a. Forma y tamaño de la partícula viral
 - b. Número de capsómeros
 - c. Presencia o ausencia de cubierta lipídica
 - d. Simetría de la nucleocápsida
- 1.2 Estructura del ácido nucleico
 - a. Tipo de ácido nucleico
 - b. Número de cadenas
 - c. Peso molecular del ácido nucleico
 - d. Número aproximado de genes
- 1.3 Presencia de transcriptasa

2. Características secundarias

- 2.1 Huésped
 - a. Especie
 - b. Tejido
- 2.2 Modo de transmisión
- 2.3 Características inmunológicas

Los virus no se nombran usando el esquema binomial clásico que se utiliza para los otros microorganismos, a los virus se les denomina con el nombre de la enfermedad que causan, por ejemplo, virus de la rabia, virus del sarampión, etc.

BIBLIOGRAFÍA

American Society for Microbiology. International Code of Nomenclature of Bacteria. 1976.

Black J. G. Microbiology. Principles and Explorations. Fourth Edition 1999 John Wiley & Sons, Inc.

Davis, Dulbecco, Eisen and Ginsberg. Microbiology. Fourth Edition. J. B. Lippincott Company 1990.

Madigan, Martinko y Parker. Brock Biología de los Microorganismos. Octava Edición 1998. Prentice-Hall.

Olsen G.J. y Woese C.R. (1993). Ribosomal RNA: A key to phylogeny. *FASEB J.* 7: 113 – 123.

Pelczar, Reid and Chan. Microbiology. Fourth edition. 1977. Mcgraw-Hill.

Prescott, Harley y Klein 1999 Microbiología. Cuarte edición. McGraw-Hill Interamericana.

Stanier, Adelberg and Ingraham. General Microbiology. 4th Edition. 1977. The MacMillan Press Ltd.

Tortora, Funke and Case. Introducción a la Microbiología. 9^{na} Edición 2007. Editorial Médica Panamericana.

Weistreich and Lechtman. Microbiology. Fifth Edition. 1988 Macmillan Publishing Co.

De Haro Juan & Melic Antonio (2002). Taxonomía, Sistemática, Filogenia y Clasificaciones. URL: <http://entomologia.rediris.es/documentos/taxonomia.htm>

Prof. Magaly Pedrique de Aulacio

Prof. Katuska Saravia
Prof. Alessandra Garcés
Revisión 2008

ACTIVIDADES ADICIONALES

- Buscar en un diccionario de inglés técnico la traducción al español de las palabras siguientes

Ancestor	
Causative agent	
Common name	
Dichotomous key	
Disease	
DNA probes	
Domain	
Fingerprint	
G + C ratio	
Genus	
Growth	
Hierarchy	
Isolate	
Kingdom	
Methanogen	
Order	
Profile	
Scientific name	
Specie	
Strain	

- Diseñar una clave dicotómica que permita diferenciar un miembro del género *Staphylococcus* de un miembro del género *Streptococcus*

- Diseñar una clave dicotómica que permita diferenciar un miembro del género *Pseudomonas* de un miembro del género *Escherichia*.
- Investigar un producto comercial que se encuentre en el mercado venezolano para la identificación de microorganismos usando sondas moleculares. Indicar nombre del producto, uso, fabricante y distribuidor en Venezuela.
- Determinar el porcentaje G + C de este trozo de ADN

A T C G C C C G A T T G C A T T A A C G G G C C T A T T
T A G C G G G C T A A C G T A A T T G C C C G G A T A A