

Filogenia molecular y clasificación taxonómica de los microorganismos

Molecular phylogeny and taxonomic classification of microorganisms

Dr. Ernesto Onuma Takane*

Una de las primeras pandemias que sufrió la humanidad fue la peste de Justiniano en el año 541 d.C. que produjo 25-50 millones de muertes. En 1520, en nuestro país, la viruela produjo de 2 a 3.5 millones de muertes. Dos ejemplos que demostraron el terrible papel patogénico de los microorganismos como productores de enfermedad.

Sin embargo, desde la observación de la existencia de bacterias presentes de manera normal descritas como «animáculos» por el comerciante holandés Antoni Van Leewenhoek en 1683, se planteó la posibilidad de microorganismos no patogénicos. En 1885, el médico francés Louis Pasteur postulaba que la vida no era posible sin la presencia de bacterias, y en 1907 el médico ruso Elie Metchnikoff refería que las bacterias intestinales jugaban un papel importante para promover la salud. En 1928, el Dr. Alexander Fleming, médico británico, logró obtener una sustancia elaborada por el *Penicillium notatum* que inhibía el crecimiento de las bacterias.

En 2007, se desarrolló el proyecto del microbioma humano por iniciativa de los *National Institutes of Health* en los Estados Unidos, reconociendo la importancia de los microorganismos como factores fundamentales para la conservación del estado de salud durante la vida del ser humano, ya que muchos microorganismos proveen beneficios a la salud.

Este concepto hizo necesaria la identificación adecuada de los microorganismos. Dentro de los primeros métodos de aislamiento e identificación realizados en medios de cultivo sólidos (cajas de Petri) el Dr. Robert Koch en 1881 desarrolló los postulados de Koch. Sin embargo, los métodos de identificación eran limitados, costosos y muy lentos.

En 1977 se desarrolló lo que cambiaría los métodos de identificación de microorganismos, los secuenciadores de nueva generación. Esta tecnología analiza una gran cantidad de segmentos de ADN en forma masiva en menor tiempo.^{1,2}

Se estima que en el planeta Tierra existen alrededor de 10 (a la 12) especies procaríóticas y con los secuenciadores de nueva generación se han identificado sólo 16,000 especies. De las 16,000 especies se han cultivado sólo 2,172 (14%) en el ser humano. La mayoría corresponden a dos filios: 12 filios bacterianos y un filio Arquea. De los 12 filios bacterianos, 94% pertenece a los filios *Firmicutes*, *Proteobacteria*, *Actinobacteria* y *Bacteroidetes*, 5% *Spirochaetes*, *Tenericutes*, *Fusobacteria*, *Chlamydiae* y *Synergistetes* y el resto se distribuye en los filios *Lentisphaerae*, *Deinococcus-Thermus*, *Verrucomicrobia*.

En cada uno de los filios predominan familias que incluyen: los *Bacillaceae*, *Clostridiaceae*, *Enterobacteriaceae*, *Micobacteriaceae* y *Proteobacteriaceae*. Y de los últimos tres

* Inmunólogo Pediatra
y Alergólogo egresado
del INP. ORCID:
0000-0002-5097-5856

doi: 10.35366/12352



Citar como: Onuma TE. Filogenia molecular y clasificación taxonómica de los microorganismos. *Alergia Asma Inmunol Pediatr.* 2026; 35 (1): 3-4. <https://dx.doi.org/10.35366/12352>

filios, los géneros y especies predominantes son: *Victivallis vadensis*, *Deinococcus aquaticus* y *Akkermansia muciniphila* (Figura 1).¹

Estas diferentes especies colonizan diferentes regiones del cuerpo, combinando diferentes cualidades que incluyen: población microbiana con diversas actividades comunes que permiten conservar un rol dentro de la colonia para permitir crecimiento y expansión (condiciones de pH, potencial Redox, consumo de nutrientes, utilización de oxígeno, etcétera), exclusión de microbiota no afín no permitiendo su crecimiento, fenómeno conocido como resistencia a la colonización y creación de un equilibrio en la comunidad conocido como eubiosis.³⁻⁵

Si pudiéramos realizar un dibujo del ser humano de acuerdo a la distribución de la microbiota, lo que se conoce actualmente como *homunculus*, la imagen se vería como en la Figura 2 y cada nicho tendría de 15 a 200 especies diferentes.

En cavidad nasal, placa dental, esófago, colon y uretra predomina el filio *Firmicutes*, en cambio en mucosa gástrica Proteobacteria y en piel *Actinobacteria*.

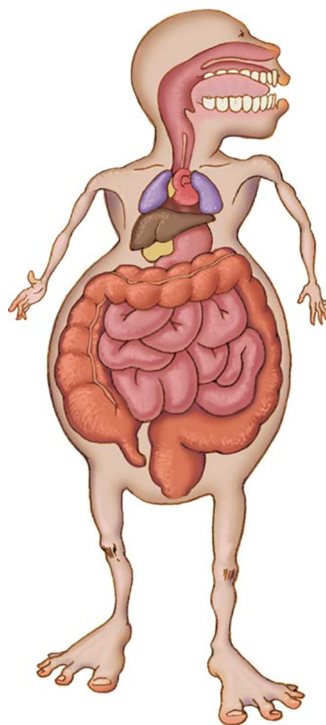


Figura 2:

Homunculus de acuerdo a la colonización microbiana en el cuerpo humano.

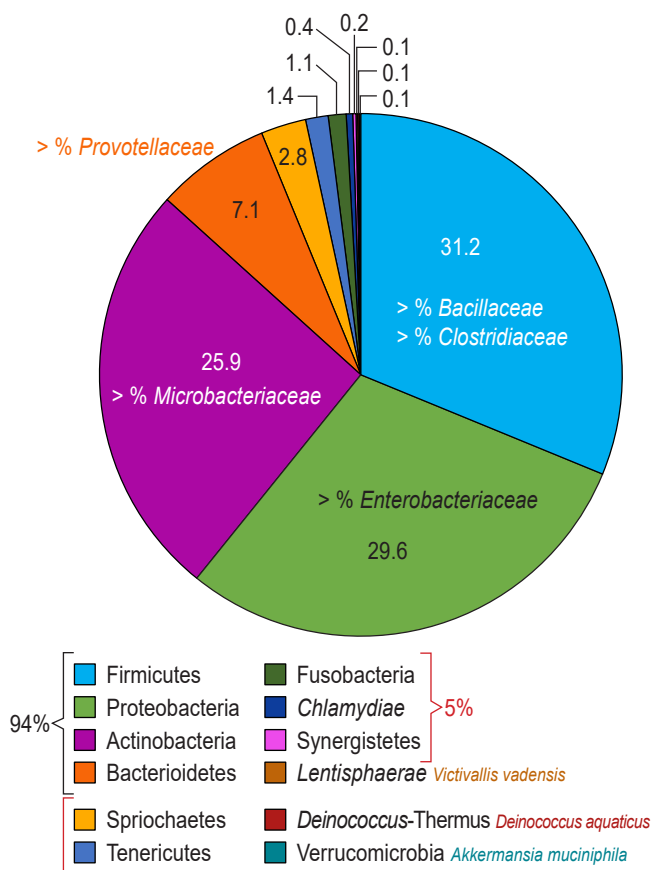


Figura 1: Especies bacterianas identificadas en cultivos humanos.

El reconocimiento de los diferentes filios, con sus diferentes familias, géneros y especies, se ha vuelto de vital importancia debido a que la modificación en el microbioma normal tiene relación con el desarrollo de enfermedad y que una intervención terapéutica estimulando el desarrollo de microbiota normal puede convertirse en una poderosa arma terapéutica. Cada día se tiene más evidencia de que esto es una realidad y puede aplicarse de manera beneficiosa para favorecer el estado de salud en una población.

REFERENCIAS

1. Wilson M. The human microbiota in health and disease: an ecological and community-based approach. Garland Science 1st Edition; 2018.
2. Rodino KG, Simner PJ. Status check: next-generation sequencing for infectious-disease diagnostics. *J Clin Invest.* 2024; 134 (4): e178003.
3. Bohnhoff M, Miller CP, Martin WR. Resistance of the mouse's intestinal tract to experimental salmonella infection. I. Factors which interfere with the initiation of infection by oral inoculation. *J Exp Med.* 1964; 120 (5): 805-816.
4. Cheng HY, Ning MX, Chen DK, Ma WT. Interactions between the gut microbiota and the host innate immune response against pathogens. *Front Immunol.* 2019; 10: 607.
5. Manos J. The human microbiome in disease and pathology. *APMIS.* 2022; 130 (12): 690-705.

Correspondencia:
Dr. Ernesto Onuma Takane
E-mail: compedia1@gmail.com