

**ACTUALIDAD**

[Naturaleza](#)

[Familia](#)

[Mayores](#)

[Menores](#)

[Igualdad](#)

[Inmigración](#)

[Discapacidad](#)

[Cooperación y Desarrollo](#)

[Derechos Humanos](#)

[Dependencia](#)

**AGENDA**

**Naturaleza**

## Científicas del Jardín Botánico estandarizan el método de identificación de hongos en muestras ambientales

**Directorio**

- Real Jardín Botánico
- Molecular Ecology
- Margarita Dueñas

MADRID, 24 Sep. (EUROPA PRESS) -

Tres científicas del Real Jardín Botánico junto con un grupo de científicos internacionales ha logrado un sistema para identificar hongos presentes en muestras ambientales a través de la base de secuencias UNITE, según una investigación que publica la revista 'Molecular Ecology'.

Así, el trabajo de Margarita Dueñas, María Paz Martín y María Teresa Tellería permite estandarizar el método de identificación de hongos presentes en muestras ambientales a través de la base de secuencias de AND ribosómico de hongos creada en 2003, UNITE, en el que las secuencias que se depositan allí deberán pasar unos filtros determinados para lograr que la base de datos sea realmente rigurosa.

El método permite comparar las secuencias del AND de una especie y establecer la secuencia representativa de la misma de misma, lo que facilitará identificar los hongos a través de UNITE.

Entre los filtros de UNITE destaca: que las secuencias estén asociadas a colecciones bien documentadas; con todos los metadatos posibles como localidad, hábitat o fecha de recolección; que las muestras estén depositadas en colecciones públicas; y, el más importante, que el nombre de la especie esté identificado por taxónomos expertos.

Hasta diciembre de 2012, la comunidad científica llevaba publicadas más de 300.000 secuencias (INSD + UNITE) de hongos, de las que solo la mitad de ellas llevan asociada un nombre de especie, y es probable que muchas de las secuencias que no están identificadas pertenezcan a especies no descritas todavía.

En la última versión de UNITE, que se presenta en el trabajo publicado en la citada revista 'Molecular Ecology' en el que han trabajado las tres científicas del Real Jardín Botánico (del Consejo Superior de Investigaciones Científicas), se han implantado los análisis y las anotaciones de las secuencias. Mediante los nuevos análisis se obtienen alineamientos automáticos que agrupan las secuencias por grados de similitud.

"Un primer agrupamiento se realiza a nivel de género y un segundo grado a nivel específico. Cuando en el segundo grado de agrupamiento aparecen dos o más secuencias iguales, éstas corresponden a lo que se denomina hipótesis de

especie (SH) y, entre ellas, de forma automática el programa elige una secuencia representativa (RepS)", ha explicado la investigadora María Paz Martín.

Sin embargo, considera que cada secuencia representativa debe ser revisada por expertos en taxonomía porque según Martín, la secuencia obtenida a partir de una colección de herbario debe priorizarse como RepS sobre la obtenida de un cultivo, y ésta sobre la secuencia de una muestra ambiental. En el caso de las SH en los que solo hay muestras ambientales, la secuencia más completa es la que se selecciona como RepS.

Mediante estos análisis y sobre la base de un 98% de similitud se han generado 52.481 hipótesis de especie, de las que un 40% carecen de información sobre la localidad, poniendo de manifiesto la gran importancia de incorporar metadatos a la hora de depositar secuencias en las bases de datos. También, se confirma que el Norte de América, Europa y Asia comparten el mayor número de estas especies.

En la versión actual de UNITE, las 52.481 hipótesis de especie tienen una secuencia representativa asociada, de las que 5.300 han sido revisadas y anotadas por los autores del trabajo. Desde el mismo artículo se invita a los taxónomos de todo el mundo para que revisen la selección automática de las SH y RepS de los grupos en los que son especialistas.