

MICROBIOS, OLORES Y EVOLUCIÓN, SECRETOS DEL MUNDO INVISIBLE

Juan P. Merino-Villalobos¹, Heidi P. Galván-Antonio² y Mario A. Urbina-Mata^{1,2*}

¹Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma "Benito Juárez" de Oaxaca. Oaxaca de Juárez, Oaxaca, México. qbjpmevi@gmail.com (JPM-V), mario.fcq@cecad-uabjo.mx (MAU-M).

²Facultad de Medicina y Cirugía, Universidad Autónoma "Benito Juárez" de Oaxaca. Oaxaca de Juárez, Oaxaca, México. Hei.GA@hotmail.com (HPG-A).

*Autor de correspondencia

El fascinante mundo de los microbios, diminutos seres que, aunque invisibles a simple vista, influyen profundamente en la evolución, el comportamiento y la supervivencia de los organismos, revelando secretos asombrosos sobre la vida en nuestro planeta.

El microbioma se define como el conjunto de arqueas, bacterias, virus y otros microorganismos asociados a un organismo multicelular dentro de un entorno específico. Este microbioma constituye un componente esencial en la evolución de los hospedadores y, en los vertebrados, participa en funciones vitales del organismo. Las interacciones entre los animales y su microbioma suelen ser beneficiosas para ambas partes, ya que la microbiota intestinal y cutánea ha evolucionado junto con los hospedadores, favoreciendo la aparición de interacciones tanto intra como interespecíficas. La microbiota de la piel y las glándulas de los mamíferos exhibe una notable diversidad; se ha determinado que la especie del hospedador es un factor relevante en su composición.

Las comunidades microbianas participan en la producción de olores y señales químicas, fundamentales para el reconocimiento de especies, la identificación de individuos emparentados, así como para la selección de pareja. Por lo tanto, la interacción entre el hospedador y su microbioma puede influir en el comportamiento social a lo largo de distintas etapas de su ciclo de vida.

Los animales migratorios habitan en entornos cambiantes, experimentando múltiples transformaciones fisiológicas durante la preparación para la migración. A pesar de los avances en la investigación en las últimas décadas, el conocimiento sobre las variaciones estacionales en las comunidades microbianas intestinales de estos animales sigue siendo limitado.

Estudios previos en cánidos y murciélagos han descrito la participación de bacterias en los procesos de fermentación y producción de ácidos grasos volátiles, los cuales actúan como precursores de señales químicas que modulan las interacciones intraespecíficas de estos mamíferos. Las bacterias cutáneas contribuyen a la emisión de aromas mediante la producción directa de compuestos volátiles o a través de la fermentación de metabolitos

orgánicos generados por el propio hospedador. Esto se conoce como la "hipótesis fermentativa", que plantea que los compuestos odoríferos volátiles son producidos por bacterias que colonizan las glándulas odoríferas y los tejidos epiteliales generando patrones olfativos únicos debido a las diferencias en la composición microbiana.

Los ritmos diurnos de la microbiota intestinal son un aspecto relevante pero frecuentemente subestimado dentro de la ecología microbiana. Se ha propuesto que la alimentación estimula esta ritmicidad, aunque dicha hipótesis no ha sido evaluada. El papel del ambiente intestinal permanece inexplorado, ya que los cambios rítmicos en el pH intestinal podrían influir en las fluctuaciones microbianas de forma independiente a la ingesta de alimentos.

Se ha observado cómo las bacterias y otros microorganismos establecen diversas interacciones con sus hospedadores, influyendo en vías metabólicas, procesos de desarrollo y comportamientos complejos, como el reconocimiento de pareja. Estos mecanismos son particularmente relevantes en especies migratorias y animales con ritmos biológicos marcados, donde el microbioma puede modular adaptaciones clave. En el murciélago magueyero menor *Leptonycteris yerbabuena* (Phyllostomidae: Glossophaginae), los machos adultos desarrollan durante la temporada de apareamiento una estructura en la región interescapular denominada parche dorsal. Esta estructura alberga un microbioma particular cuya composición podría estar involucrada en el reconocimiento de parentesco y la selección de pareja.

El empleo de la secuenciación masiva, junto con análisis bioinformáticos, ha permitido caracterizar la biodiversidad del consorcio bacteriano asociado al parche dorsal de *L. yerbabuena*. Mediante este enfoque, se han identificado y reportado las bacterias presentes en dicha zona, utilizando como marcador molecular el gen 16S rRNA. Los estudios actuales sobre microbiomas se centran en estimar la diversidad y composición genética, los avances recientes en secuenciación masiva permiten ahora profundizar en estos hallazgos, ofreciendo una caracterización más detallada de la estructura y función del microbioma en especies como *L. yerbabuena*. Sin embargo, persiste un desafío importante, ya que gran parte de las secuencias obtenidas permanecen sin asignación a unidades taxonómicas operacionales, lo que requiere el uso de técnicas más precisas, como la construcción de árboles filogenéticos y herramientas bioinformáticas avanzadas, que permitan contextualizar estas secuencias dentro de la diversidad microbiana conocida.

La metagenómica analiza el ADN de comunidades microbianas en muestras ambientales o tejidos para estudiar el microbioma del murciélago maguero menor. A través de muestras no invasivas, como raspados dorsales o heces, se identifican microorganismos y se obtienen datos funcionales, taxonómicos y metabólicos, lo que permite evaluar su influencia en el hospedador y su ciclo de vida.

Mediante la secuenciación masiva, se ha estimado la diversidad del microbioma intestinal de murciélagos tequileros a partir de muestras fecales, evaluando cómo la migración influye en la composición y diversidad microbiana. Un ejemplo de ello son las muestras recolectadas en dos biomas contrastantes: el bosque seco tropical (Chamela, Jalisco y Coquimatlán, Colima) y el desierto de Sonora (Pinacate), que corresponde al final de su ruta migratoria. Estos estudios han demostrado que el microbioma intestinal de los murciélagos tequileros está dominado principalmente por los filos Firmicutes y Proteobacterias. Además, se han registrado variaciones interanuales significativas en la diversidad microbiana dentro de una misma localidad. Esto ha determinado que tanto la ubicación geográfica como la variabilidad interanual influyen en la composición, diversidad general y singularidad del microbioma intestinal de las hembras migratorias que se alimentan de néctar. Las comunidades microbianas de las localidades del bosque seco han resultado ser más similares entre sí que con las del bioma desértico. En términos de diversidad beta (que mide las diferencias en la composición de especies entre comunidades o muestras), la localidad de muestreo es el factor que más impacta la estructura del microbioma intestinal, aunque también existen variaciones significativas entre años consecutivos dentro de la misma ubicación.

En otro estudio realizado en la colonia de *L. yerbabuena* de la cueva de San Juan Noxchitlán, Oaxaca, que también utiliza secuenciación masiva, de la región V4 del gen 16S rRNA, se han identificado más de 2,847 filotipos microbianos en los parches dorsales, agrupándose en 13 familias, 10 órdenes, 6 clases y 3 filos, destacando los géneros *Lactococcus* y *Streptococcus* como componentes bacterianos comunes. También se han identificado géneros con potencial patógeno, como *Helcococcus*, *Aggregatibacter*, *Enterococcus* y *Corynebacterium*. Aproximadamente la mitad de los filotipos

pertenecen a géneros productores de ácidos grasos mediante fermentación, como *Gallicola*, *Anaerococcus*, *Peptoniphilus*, *Proteus*, *Staphylococcus*, *Clostridium* y *Peptostreptococcus*. Estos hallazgos proporcionan las bases para investigaciones futuras sobre el papel de los microbios simbióticos en la comunicación y reproducción de especies silvestres de murciélagos.

En otras poblaciones, como la de cueva de Salitre, Morelos, la microbiota de los juveniles y los adultos no reproductivos se encuentra dominada por bacterias de la clase Gammaproteobacteria y del filo Firmicutes. En la cueva de Juxtlahuaca, Guerrero, las hembras reproductivas presentaron una microbiota más diversa, con un aumento significativo de filos como Bacteroidetes y Alphaproteobacteria. No se encontraron diferencias en la diversidad de la microbiota fecal entre hembras embarazadas, en lactancia, juveniles o adultos no reproductivos. Los datos de este estudio sugieren que las diferencias en la diversidad de la microbiota están relacionadas con la reproducción. Se infiere que los machos mantienen una composición estable de la microbiota porque no experimentan los grandes cambios fisiológicos que atraviesan las hembras durante la reproducción y mantienen una dieta más especializada a lo largo de todas las etapas de su vida.

Por otra parte, se ha explorado cómo dos poblaciones discretas y geográficamente separadas del murciélago *L. yerbabuena*, una en el centro y otra en la región pacífica de México, se diferencian en la composición de su microbiota fecal. Considerando la microbiota y el huésped como una unidad, en la que factores extrínsecos como la disponibilidad de alimentos y la geografía, o intrínsecos como la fisiología, juegan un papel importante, sí se espera una diferenciación en la microbiota de dos poblaciones geográficamente separadas. El análisis comparativo reveló que la estructura de las comunidades bacterianas en hembras lactantes y embarazadas difirió significativamente entre poblaciones, un patrón no observado en otros estadios reproductivos. Esto podría ser consecuencia de los mayores requerimientos energéticos de estos estadios fisiológicos, más que de la variación debido a la separación geográfica. En contraste, se ha observado en murciélagos jóvenes y adultos, que los cambios en su microbiota intestinal están directamente relacionados con las plantas que consumen. Esto sugiere que su dieta



Murciélago maguero menor (*Leptonycteris yerbabuena*) en vuelo, con microbios interactuando en su piel, glándulas e intestino, emitiendo compuestos volátiles. Se observan agaves y biomas de bosque seco y desierto que representan su hábitat y migración, mientras un reloj hace referencia a los ritmos circadianos de su microbiota intestinal. Ilustración creada en BioRender.com y editada en GIMP, con asistencia parcial (10 %) de DALL-E (OpenAI) para generación conceptual inicial. Autor: Mario A. Urbina Mata.

no solo influye en su nutrición, sino que también moldea activamente las comunidades microbianas de su intestino. Los resultados proporcionan una línea base para futuros estudios del microbioma en estas dos poblaciones silvestres del murciélago magueyero menor, principal polinizador de los agaves utilizados en la producción de las bebidas tequila y mezcal.

En un experimento con murciélagos *L. yerbabuena* en cautiverio, al retrasar su hora de alimentación se descubrió algo sorprendente: mientras que el nivel de pH en sus intestinos mantenía su ritmo normal día/noche, las bacterias intestinales perdieron su patrón diario habitual. Los murciélagos que comían a una hora fija mostraban cambios predecibles en su microbiota a lo largo del día, tanto en la composición como en la abundancia de bacterias. Sin embargo, este ciclo se desincronizó cuando se alteró su horario de comida, revelando que la alimentación es clave para organizar el "reloj" de sus microbios intestinales, aunque no afecta igual al pH digestivo. La proliferación de algunos géneros bacterianos, como *Streptococcus*, implicado en el metabolismo de nutrientes, se ajustó al horario de alimentación retrasado y mostró correlación con el pH. En contraste, las oscilaciones de otros géneros bacterianos se interrumpieron sin una relación aparente con las variaciones de pH. Estos hallazgos sugieren que los ritmos diurnos de la microbiota intestinal podrían haber evolucionado para optimizar el soporte metabólico al fenotipo circadiano del huésped, ajustándose a los momentos de máxima ingesta alimentaria.

Por otro lado, se han documentado las primeras observaciones de machos de *L. yerbabuena* con parches dorsales en el suroeste de los Estados Unidos de América. Estas nuevas observaciones sugieren que *L. yerbabuena* se reproduce en Nuevo México y Arizona entre junio y agosto, pero se necesitan más estudios para confirmar este comportamiento. La identificación de las regiones donde los machos presentan parches dorsales puede ayudar a localizar y proteger los refugios de apareamiento, por consecuencia se mejoraría la comprensión de la ecología de la población de esta especie migratoria. Aún queda mucho por explorar sobre la participación de los microbiomas en diversos sistemas biológicos y su influencia en la regulación del comportamiento y la reproducción de los hospedadores a través de señales químicas.

El microbioma juega un papel crucial en la evolución, fisiología y comportamiento de los murciélagos polinizadores, afectando procesos como la producción de olores, la selección de pareja y la adaptación a entornos cambiantes. Se ha demostrado que la composición y diversidad microbiana varían según factores como la ubicación geográfica, la dieta, la reproducción y los ritmos circadianos, lo que sugiere una coevolución entre el hospedador y su microbiota. Aunque se han logrado avances importantes en la caracterización de los microbiomas mediante técnicas moleculares tradicionales y metagenómicas, aún existen desafíos en la identificación taxonómica y en la comprensión funcional de estas comunidades microbianas.

Las investigaciones futuras deben profundizar en el papel de los microbiomas en la regulación del comportamiento, la reproducción y la adaptación de las especies, especialmente en contextos ecológicos y migratorios, para contribuir a la conservación y el manejo de especies clave.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a SECIHTI México por la beca doctoral 2023 otorgada a Mario A. Urbina-Mata (CVU: 1318865).

LITERATURA CONSULTADA

- Gaona, O., *et al.* 2019. Microbiota composition of the dorsal patch of reproductive male *Leptonycteris yerbabuena*. *PLoS ONE* 14:e0226239.
- Gaona, O., *et al.* 2020. Geographical separation and physiology drive differentiation of microbial communities of two discrete populations of the bat *Leptonycteris yerbabuena*. *Microbiology Open* 9:1113-1127.
- Gaona, O., *et al.* 2019. Fecal microbiota of different reproductive stages of the central population of the lesser-long nosed bat, *Leptonycteris yerbabuena*. *PLoS ONE* 14:e0219982.
- Laverty, T. M., y K. E. Stoner. 2022. In search of bachelorettes: Observations of male *Leptonycteris yerbabuena* with dorsal patches across its range. *Therya* 13:1-5.
- Melville, D. W., *et al.* 2025. Delayed feeding disrupts diurnal oscillations in the gut microbiome of a neotropical bat in captivity. *FEMS Microbiology Ecology* 101:fiaf012.
- Viquez-R, L., *et al.* 2021. A Faithful Gut: Core Features of Gastrointestinal Microbiota of Long-Distance Migratory Bats Remain Stable despite Dietary Shifts Driving Differences in Specific Bacterial Taxa. *Microbiology Spectrum* 9:e01525-21.

Sometido: 27/feb/2025.

Revisado: 17/mar/2025.

Aceptado: 24/abr/2025.

Publicado: 25/abr/2025.

Editor asociado: Dra. Susette Castañeda-Rico.