

GOLLUM

Although most microorganisms cannot be cultured in a laboratory setting, advances in genome-sequencing technology now allow organisms to be probed in their natural environments. The decreasing cost of high-throughput sequencing have prompted a number of tag-sequencing experiments, including such large-scale efforts as the Human Microbiome Project or the Earth Microbiome Project. This improvement demands larger efforts in bioinformatics, handling larger databases (Terabyte sizes) and many more comparisons. Faster and efficient codes have been built to satisfy this demand, but data management and analysis tools are still limited.

GOLLUM project sampled different depths and rocks by collecting one-meter length cylinders of rock drilled along the Somport tunnel, minimizing external contamination. Rock types in the tunnel include several types of limestones. IGEO horizontally drilled 14 cores (\varnothing 100 mm) in May 2016, approximately one meter above floor level on the right wall (coming in the Spanish entrance), on different locations in the train tunnel wall. After extraction, cores were immediately placed in cold cylinder capsules, transported and stored in -20°C freezers. Rock samples were easily broken in pieces with a high-pressure press (14 tons/cm²) and inner core pieces were pulverized inside a sterile steel cylinder with a pestle. Samples of cores, powder and DNA are stored for validation and further studies. GOLLUM demonstrated that there is native DNA in the samples. As expected from solid substrates, we found very heterogeneous taxa composition, which severely varies even within 10 cm. Some bacterial taxa are classified as extremophiles, lithophiles or alkaliphiles, either anaerobic or aerobic. Very significantly, we found archaeal taxa (firstly identified in submarine soil samples, consistent with the historical origin of the limestones), strongly correlated with the Molybdenum content in the sample.

Aunque la mayoría de los microorganismos no pueden cultivarse en un entorno de laboratorio, los avances en la tecnología de secuenciación del genoma ahora permiten que los organismos sean sondeados en sus entornos naturales. El coste decreciente de la secuenciación ha generado una multitud de experimentos, incluidos los esfuerzos a gran escala como los proyectos del Microbioma Humano o del Microbioma de la Tierra. Esta mejora exige mayores esfuerzos en bioinformática, manejo de bases de datos más grandes y muchas más comparaciones. Se han creado códigos más rápidos y eficientes para satisfacer esta demanda, pero las herramientas de análisis y gestión de datos siguen siendo limitadas.

El proyecto GOLLUM tomó muestras de roca a diversas profundidades recolectando cilindros de roca de un metro de longitud perforados a lo largo del túnel de Somport, minimizando la contaminación externa. Los tipos de roca en el túnel incluyen varios tipos de calizas. IGEO perforó horizontalmente 14 testigos (\varnothing 100 mm) en mayo de 2016, en diferentes lugares en la pared del túnel del tren. Después de la extracción, los núcleos se colocaron, transportaron y almacenaron en cápsulas de cilindro frío en congeladores a -20°C . Las muestras de roca se rompieron fácilmente en pedazos con una prensa de alta presión (14 tons/cm²) y las piezas del núcleo interno se pulverizaron dentro de un cilindro de acero estéril. Las muestras, polvo de roca y ADN, se almacenaron para validación y estudios posteriores. GOLLUM ha identificado ADN nativo en las muestras, con una composición de taxones muy heterogénea, que varía en las separaciones de 10 cm de muestreo. Algunos taxones bacterianos extremófilos se clasifican como litófilos o alcalófilos, anaeróbicos o aeróbicos. Significativamente, encontramos taxones de arqueas (identificados por primera vez en muestras de suelo submarino, consistentes con el origen histórico de las calizas), fuertemente correlacionados con el contenido de molibdeno en la muestra.