

Revista de
divulgación
científica

iBIO

Biotecnología a la vanguardia

CRISPR/Cas9
un juego de
edición genética

Revista de divulgación científica iBIO, Año 4, No. 3, noviembre 2022 - febrero 2023, es una publicación electrónica cuatrimestral. Insurgentes norte 1260 509, Capultitlán, Gustavo A. Madero CP:07370, Ciudad de México, México. Página electrónica de la revista: www.revistaibio.com y dirección electrónica: jessica.sanchezvarg@gmail.com. Editor responsable: Jessica Sánchez Vargas. Certificado de Reserva de Derechos al Uso Exclusivo de Título: 04-2023-010910182600-102. ISSN: 2954-4890. Ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor. Responsable de la última actualización de este número: M. en B. Jessica Sánchez Vargas. Fecha de última modificación: 01 de febrero de 2023. Tamaño del archivo: 12.4 MB. Los artículos y su contenido son responsabilidad exclusiva de sus autores. Se permite la reproducción total o parcial del contenido con fines de divulgación, otorgando el debido crédito a los autores. Queda prohibida cualquier forma de comercialización del contenido.

Revista de divulgación científica
iBIO
<http://revistaibio.com/>



Directorio

Editor en jefe

Jessica Sánchez Vargas
Isauro Guzmán Cortez

Comité editorial

Gpe. Tonantzin de Dios Figueroa
Jesús Torres Rizo
Francisco J. Valdés Parada

Vinculación y Redacción

Olga B. Benítez López
Adrián Chávez Sánchez
Karla X. Franco Flores
Ingrid M. Gallegos Olmos

Revisión y Arbitraje

Jessica Sánchez Vargas
Apolo C. Avelar Sanchez
Jesús Torres Rizo

Diseño y maquetación

Francisco J. Valdés Parada
Jessica Sánchez Vargas

Redes sociales

Bryan A. Polito Palma
Jordi Humberto Reyes
Saira Reyes Diego

E D I T O R I A L

CARTA

Este número presenta avances en el campo de la biología molecular y evidencia el potencial que tienen sus técnicas como herramientas para la biotecnología. A lo largo de los artículos que conforman este número se aprecia el amplio espectro que tiene la biología molecular y la edición genética. Lo anterior permite desde mejorar la calidad de los alimentos hasta dar claves sobre cómo sobrevivir en Marte.

Como puede notarse, en este número han habido reestructuraciones en la revista, tanto en su organigrama como en su presentación. Además, actualmente se cuenta con un sistema de gestión en línea para el envío, revisión y publicación de artículos en nuestro portal www.revistaibio.com. Permitiendo de esta forma acelerar sustancialmente nuestro proceso editorial. En este portal se encuentra disponible el acervo completo de la revista en formato de acceso abierto. Se hace una cordial invitación a visitar el sitio y a someter a través del mismo sus trabajos de divulgación en temas relacionados con la biotecnología y los bioprocesos.

Agradecemos a nuestros lectores, autores y revisores por sus importantes contribuciones que permiten a la revista continuar con su publicación periódica. Vale la pena destacar la participación de los miembros de la revista que han contribuido a la mejora de nuestras publicaciones edición tras edición.

Sinceramente,

Jessica Sánchez Vargas
Editora en jefe

Identidad iBIO

Con orgullo presentamos en esta ocasión la décima edición de la Revista de divulgación científica iBIO. Con ésta se cumplen dos años ininterrumpidos de ediciones cuatrimestrales, teniendo siempre como objetivo acercar la ciencia a los jóvenes y estudiantes de licenciatura y posgrado.

Además, esta edición forma parte de una etapa muy importante para la revista, en la que se busca intensamente la consolidación, continuidad, mejoramiento de la imagen y calidad de las publicaciones y revisiones por pares. Todo lo anterior relacionado con el objetivo de ofrecer una revista atractiva y dinámica pero sin perder el rigor científico de sus publicaciones.

Si bien los cambios realizados con estos fines han sido demandantes, el resultado final y las opiniones de nuestros autores, revisores y lectores representan una gratificación que nos impulsa a seguir mejorando. Agradecemos de corazón a todos aquellos que nos motivan a seguir adelante día con día.

Atentamente,

Jefatura editorial

Revista de
divulgación
científica
iBIO

Contenido

El tema del mes

CRISPR/Cas9

Jorge Ricaño-Rodríguez

7

¿Cómo funciona?

Modelado de proteínas

Andrea Monserrat Negrete Paz

11

Arte e ingeniería

Dos caras, misma moneda

Jorge Luis Rodríguez Alejandre

15

Cápsulas de ciencia

Edición genómica de plantas, una herramienta biotecnológica para garantizar la seguridad alimentaria

Yemitzel Camarero Arellano y Noé Valentín Duran Figueroa

19

Redes empresariales

Winter genomics

Karla Ruiz y Kenya Contreras

23

Redes científicas

Lacasas

Norma A. Valdez-Cruz, Roberto Parra y Mauricio A. Trujillo-Roldán

26

Importancia de los ácidos grasos en la respuesta inmune a COVID-19

Norma Angélica Caudillo Ortega y Nabum Valente Hernández

29

Hot science

¿Cómo sobrevivir en Marte?

Karla Soledad Macedo Osorio

33

ConCiencia

Código de barras de ADN

Marco Antonio Jiménez-Santos y Michael Anai Figueroa-Sánchez

37

¿Y ahora qué?

La respuesta correcta

Marcos Iván González Jaime

41

¿Ahora qué?

Tania Rivera Hernández

43

Científicos notables

Harold Kroto

Mary Keiby Hernández Trejo y Santiago José Guevara Martínez

46

El tema del mes

CRISPR/Cas9; un juego de recortar y pegar genes para científicos y no tan científicos

CRISPR/Cas9; un juego de edición genética

Jorge Ricaño-Rodríguez

Centro de Investigación en Micología Aplicada. Universidad Veracruzana. Médicos no. 5, Col. Unidad del Bosque, C.P. 91010. Xalapa, Veracruz, México. jricano@uv.mx

Seguramente, en algún momento de nuestras vidas hemos escuchado la palabra “palíndromo”, ya sea en el colegio, en talleres de lectura y redacción, o simplemente de manera casual en pláticas cotidianas. Los palíndromos son palabras o frases que se leen exactamente de la misma manera en ambos sentidos, es decir, de izquierda a derecha y viceversa, por ejemplo: allí ves Sevilla, a Colima va mi loca, amo la pacífica paloma. Si bien la formación de oraciones palindrómicas siempre estuvo asociada a un juego lingüístico, este curioso concepto se puso de moda en los últimos años dentro de la comunidad científica, pero no en un sentido literario, sino biotecnológico.

Para entender esta anécdota, debemos remontarnos a finales de la década de los ochenta –1989 para ser exactos– cuando Francisco Juan Martínez Mojica, un profesor investigador actualmente titular del Departamento de Fisiología, Genética y Microbiología de la Universidad de Alicante, España, realizaba aun su tesis doctoral. Mojica, al estudiar el genoma de una bacteria extremófila (capaz de vivir en condiciones salinas extremas) observó que en su ADN se encontraban fragmentos de secuencias genéticas que se repetían de manera regular y en intervalos. Estos conjuntos de moléculas eran sumamente cortos y atípicamente palindrómicos [1,3,5]. El investigador contó alguna vez que después de corroborar sus resultados, lo primero que le dijo a su esposa al llegar a casa fue: “cariño, he descubierto algo maravilloso”. Así, en 2002 surgían por vez primera las bases teóricas de un fenómeno natural

considerado por muchos el descubrimiento del siglo dentro del campo de la biología molecular y, cuyo acrónimo es “CRISPR”; Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats (Repeticiones Palindrómicas Cortas Agrupadas y Regularmente Espaciadas) [1,2,3,6,7]. El hallazgo fue tan relevante que Mojica (quien descubrió el sistema CRISPR) junto con Emmanuelle Charpentier y Jennifer Doudna (de nacionalidad Francesa y Estadounidense respectivamente e inventoras de la técnica de edición genética en cuestión) fueron nominados en 2020 al premio Nobel de Química. Finalmente, la Real Academia Sueca de Ciencias decidió otorgar el galardón sólo a estas dos últimas investigadoras, dejando fuera la “tan importante” contribución del investigador ilicitano, quien por cierto, después de enterarse de la triste noticia dijo en una entrevista –para mí ya no hay posibilidad, sin embargo me siento feliz y orgulloso. Soy quien inventó el concepto de CRISPR y si me dieran una moneda por cada vez que se ha mencionado dicha palabra, ahora sería millonario–.

Pero ¿cómo funciona este mecanismo dentro de una célula procarionte, y por qué supone un descubrimiento revolucionario en materia de biotecnología? Las bacterias y los virus han competido como antagonistas desde que surgió la vida, aunque es importante recordar que los virus no son del todo considerados seres vivos, y mucho menos microorganismos, sino complejos moleculares con autonomía propia [8]. Existen ciertos tipos de virus denominados bacteriófagos que infectan exclusivamente bacterias, y para hacerlo introducen su propio código genético

en ellas, tomando el control y utilizándolas como biofábricas. Algunas especies de bacterias al ser infectadas tratan de sobrevivir al ataque activando un sistema antiviral arcaico pero asombroso, esto implica: conservar una parte del ADN del virus en su propio código genético en un archivo CRISPR [6]. De esta manera cuando el virus ataca de nuevo la bacteria crea una copia de ARN (molécula interferente más sencilla pero sumamente importante) a partir de este archivo de ADN y carga su arma secreta; una proteína denominada "Cas9" [1,3]. Esta proteína analiza el interior de la bacteria buscando signos del virus invasor mediante la comparación de cada fragmento del material genético con la muestra del archivo CRISPR. Cuando se localiza una coincidencia al 100%, la proteína se activa y corta el ADN extraño inutilizándolo y protegiendo así al microorganismo del ataque. Lo maravilloso es que este péptido de defensa es extremadamente preciso, como si fuera un cirujano especializado. Tal fenómeno biológico asemeja un sistema inmunitario en las bacterias, el cual se basa en un curioso efecto de mimetismo molecular [4,5,7].

Y entonces ¿por qué tanto alboroto supuso este descubrimiento si ya existían otras técnicas de edición genética? Biotecnológicamente, el potencial de CRISPR es tan grande que podría cambiar inclusive el rumbo de la humanidad.

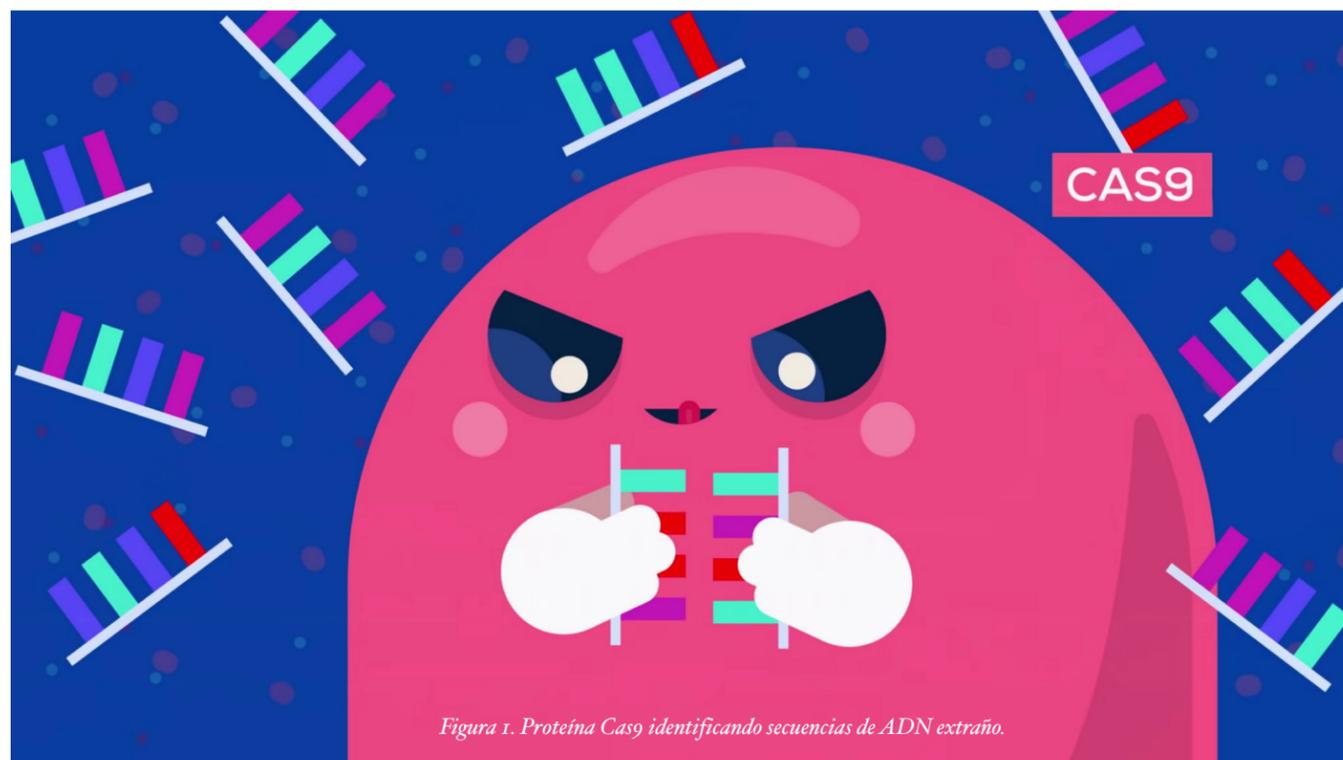


Figura 1. Proteína Cas9 identificando secuencias de ADN extraño.

La revolución comenzó cuando los científicos dedujeron que este sistema era programable. Entonces, si las antiguas técnicas de edición genética suponían un mapa molecular, CRISPR sería un GPS sumamente preciso, barato y fácil de utilizar [2,3]. CRISPR permite también editar células vivas, además de encender y apagar genes ya sea de microorganismos, plantas y animales incluyendo a los humanos [4,6]. En los últimos años la técnica se ha utilizado para erradicar VIH de manera controlada, e inclusive permitiría derrotar a uno de nuestros peores enemigos a través de inmunoterapias; el cáncer. Por ejemplo, bastaría con aplicar un par de inyecciones de miles de células propias modificadas genéticamente para eliminar tumoraciones. Pero no sólo eso, ya que en una década o más se combatirán muchas enfermedades mediante terapia génica. Cabe resaltar que CRISPR ofrecería la posibilidad de cambiar gradualmente el acervo genético poblacional.

Es imperativo mencionar que CRISPR nunca será capaz de curar todas las enfermedades que aquejan a la humanidad, empero, esta tecnología abrirá las puertas a un potencial sin precedentes que abordará gran parte de las limitaciones observables en distintas terapias genómicas. Por ejemplo, desde 2019 se iniciaron pruebas en seres humanos con un medicamento desarrollado por la empresa CRISPR Therapeutics y Vertex

Pharmaceuticals. El producto biotecnológico tiene como objetivo tratar trastornos sanguíneos derivados de anemias de células falciformes y beta-talasemia (trastorno hematológico hereditario que reduce la producción de glóbulos rojos sanos y hemoglobina normal). En dicho sentido, a principios de 2023 las farmacéuticas podrían solicitar la aprobación regulatoria respectiva ante la FDA (Administración de Alimentos y Medicamentos de Estados Unidos). Asimismo, la hemofilia, la distrofia muscular de Duchenne y la ceguera son condiciones desfavorables para la salud de las personas que serán tratadas con éxito empleando la innovadora técnica. Por otra parte, aunque CRISPR ha enfocado la mayoría de sus virtudes al campo de la medicina, también hay mucho que aportar a otras disciplinas como las ciencias agrícolas, pecuarias y alimentarias, ya que la edición genética dirigida ofrece la posibilidad de generar líneas celulares vegetales con un mayor potencial de adaptación a condiciones climáticas adversas, mejorar ciertas características en razas de animales de granja, así como crear alimentos más ricos en nutrientes esenciales [5].

No obstante lo anterior, cabe destacar que pese a su potencial CRISPR no es infalible, ya que aun se erra al editar debido a que pueden producirse errores imprevistos en cualquier porción del ADN modificado y pasar desapercibidos. Si bien la edición genética generaría un resultado favorable al desactivar o disminuir una enfermedad, existe la posibilidad de desencadenar de manera paralela —y por accidente— cambios no deseados en el genoma. Aun así, vale la pena reflexionar sobre las ventajas de este hito biotecnológico y sobre todo, tener en cuenta que las investigaciones en materia de terapia génica deben regirse por un compromiso científico éticamente responsable. Pensemos en que pudiésemos acabar con el hambre y con la mayoría de las enfermedades, y también extender muchos años la esperanza de vida y realizar viajes interestelares, simplemente ¡Fascinante! En resumen, un futuro prometedor cada día se acerca más y la ciencia ficción que hoy raya en lo absurdo, se transformará en una realidad desafiante y sobre todo llena de esperanza para la humanidad!

iBIO

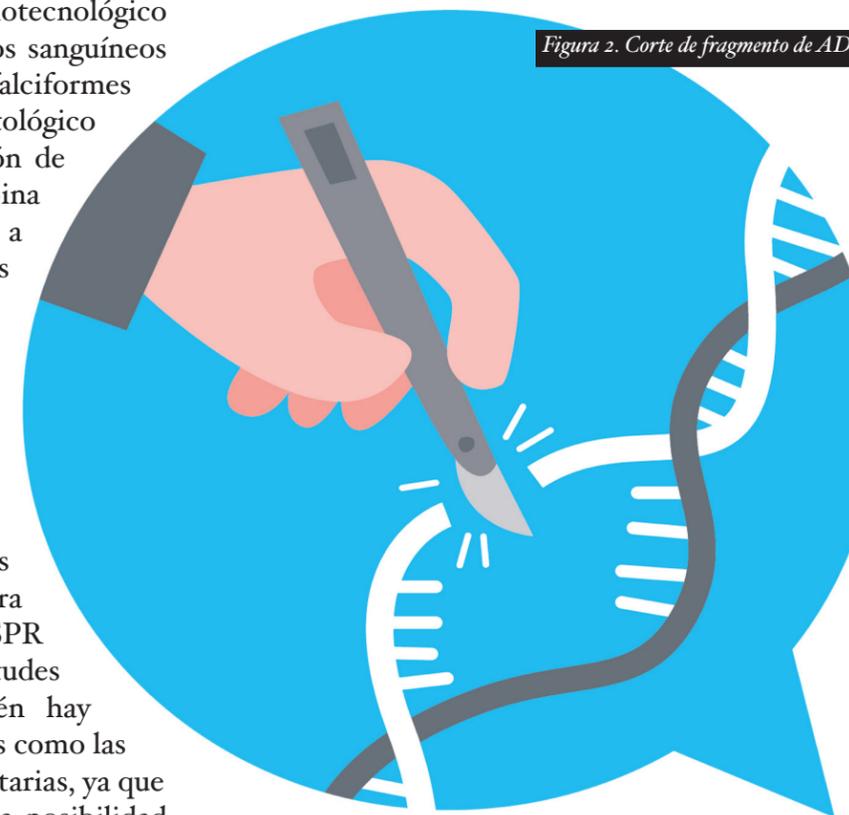


Figura 2. Corte de fragmento de ADN.

Referencias

- [1] Jiang F. and Doudna J.A. (2017) CRISPR-Cas9 structures and mechanisms. Annual Review of Biophysics, 46:505-529. DOI: 10.1146/annurev-biophys-062215-010822
- [2] Liu D., Hu R., Palla K.J., Tuskan G.A. and Yang X. (2016) Advances and perspectives on the use of CRISPR/Cas9 systems in plant genomics research. Current Opinion in Plant Biology, 30:70-77. DOI: 10.1016/j.pbi.2016.01.007
- [3] Yang E., Yan J., Zhuang P., Ding T., Chen Y., Zhang Y., Zhang H. and Cui W. (2022) Progress of delivery methods for CRISPR-Cas9. Expert Opinion on Drug Delivery, 19:913-926. DOI: 10.1080/17425247.2022.2100342
- [4] Makarova K.S., Haft D.H., Barrangou R., Brouns S.J., Charpentier E., Horvath P., et al. (2011) Evolution and classification of the CRISPR-Cas systems. Nature Reviews Microbiology, 9:467-477. DOI: 10.1038/nrmicro2577
- [5] Song G., Jia M., Chen K., Kong X., Khattak B., Xie C., et al. (2016) CRISPR/Cas9: A powerful tool for crop genome editing. The Crop Journal, 4:75-82. DOI: 10.1016/j.cj.2015.12.002
- [6] van der Oost J., Jore M.M., Westra E.R., Lundgren M. and Brouns S.J. (2009) CRISPR-based adaptive and heritable immunity in prokaryotes. Trends in Biochemical Sciences, 34:401-407. DOI: 10.1016/j.tibs.2009.05.002
- [7] Wright A.V., Nuñez J.K. and Doudna J.A. (2016) Biology and applications of CRISPR systems: Harnessing nature's toolbox for genome engineering. Cell, 164:29-44. DOI: 10.1016/j.cell.2015.12.035
- [8] Koonin E.V., Dolja V.V. and Krupovic M. (2022) The logic of virus evolution. Cell Host & Microbe, 30:917-929. DOI: https://doi.org/10.1016/j.chom.2022.06.008

Modelado de proteínas

De la secuencia a la función

Andrea Monserrat Negrete Paz
Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo.
anegrete.pz@gmail.com

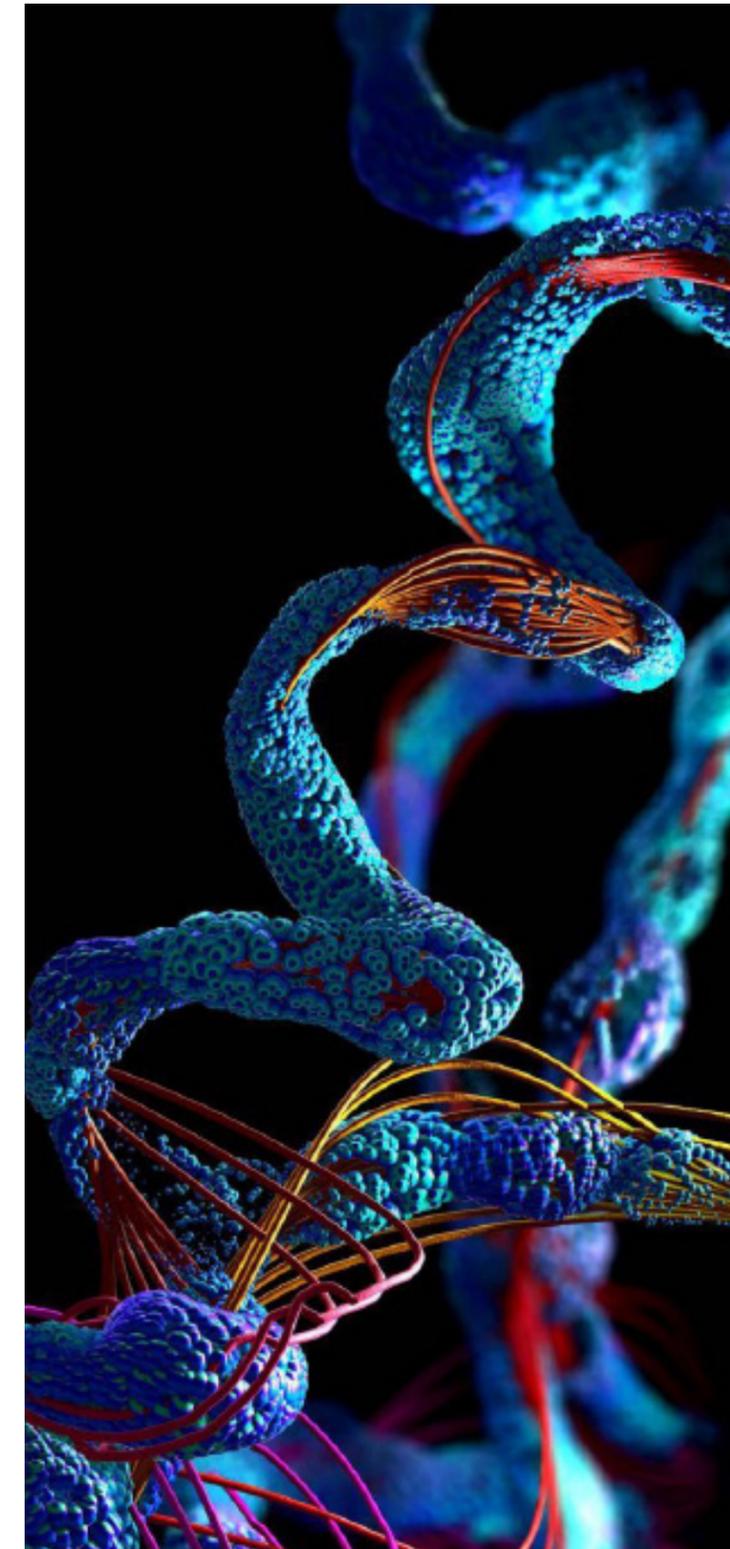
¿Cómo
funciona?

El dogma central de la biología molecular es una teoría que establece que la información genética fluye solo en una dirección, del ADN al ARN, a la proteína [1]. Esto quiere decir que la secuencia de nucleótidos en el ADN será la base para la construcción de una proteína. Las proteínas son macromoléculas que cumplen con un rol biológico específico. Se forman de cientos o miles de unidades más pequeñas denominados aminoácidos, que se encuentran unidos mediante enlaces químicos conocidos como enlaces peptídicos formando grandes cadenas llamadas cadenas polipeptídicas. Estas macromoléculas se pliegan en formas tridimensionales estables, o conformaciones, que están determinadas por su secuencia de aminoácidos y que además se asocian a su función [2].

Pero, ¿Cómo obtenemos la estructura de una proteína a partir de su secuencia? Experimentalmente, el proceso de obtención de la estructura 3D de una proteína es un proceso complicado, debido a esto se han desarrollado técnicas orientadas a la predicción estructural “*in silico*” (por computadora). Estas técnicas se basan en el uso de la secuencia de aminoácidos como punto de partida para obtener estructuras tridimensionales bastante precisas que pueden ser utilizadas en numerosas investigaciones en el ámbito de la biología y la salud.

¿Cómo podemos inferir la estructura de una proteína?

De manera experimental, en la actualidad solo podemos hacerlo mediante dos métodos: la cristalografía de rayos X (CRX) y la espectroscopía de resonancia magnética nuclear (RMN). La finalidad de estas técnicas es crear un modelo estructural a escala atómica usando diferentes tipos de información. En la CRX se obtienen patrones de difracción que se producen debido a la dispersión de fotones de alta energía cuando el



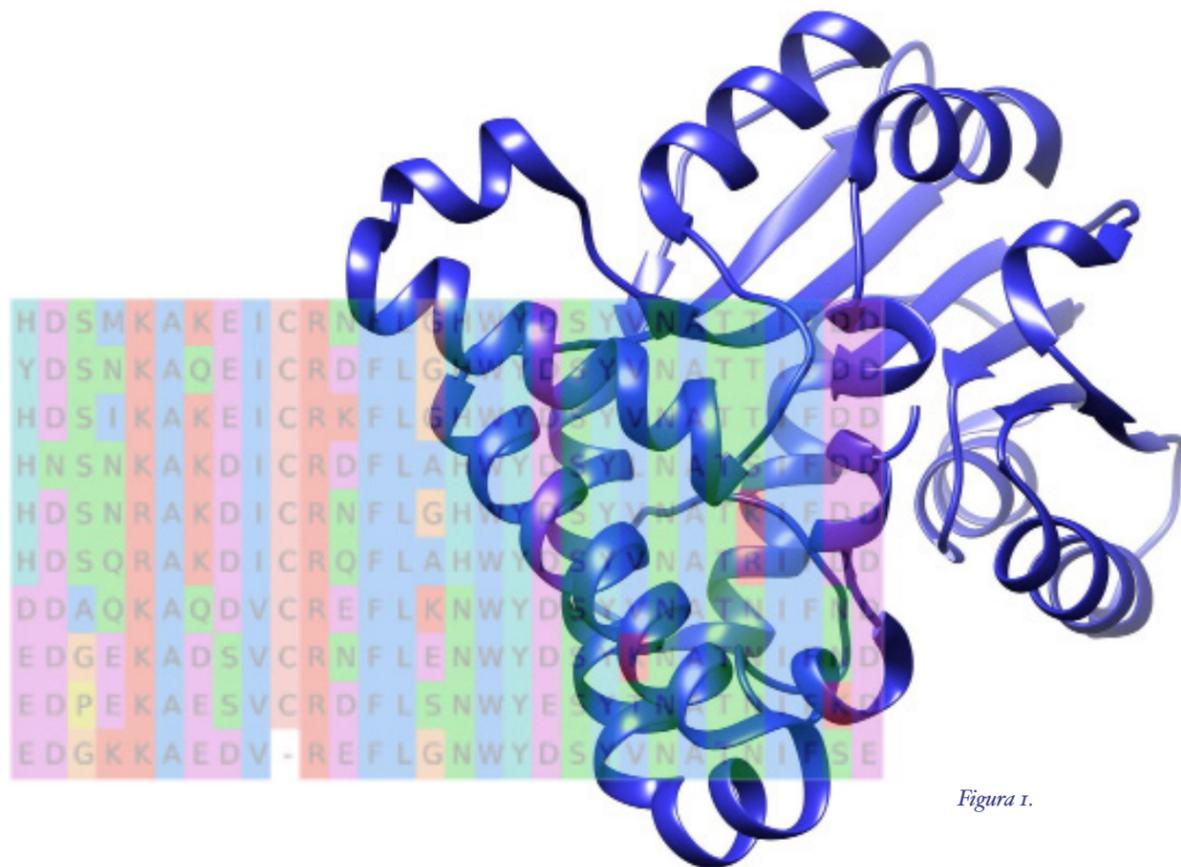


Figura 1.

X incide sobre un cristal de la proteína purificada, lo podemos ver como si hiciéramos una radiografía a la proteína. En la RMN se obtienen datos de restricciones de distancias y ángulos entre núcleos atómicos. Los átomos de la proteína purificada son alterados con ayuda de un campo magnético (como el de los imanes) y ondas de radiofrecuencia como las que usamos en una radio convencional. Como esta perturbación es sonora logramos producir una respuesta igualmente sonora, si se manipula esta respuesta mediante algoritmos matemáticos es posible averiguar la estructura de la proteína. Pero, ¿Qué pasa si no podemos emplear cristalografía de rayos X o RMN debido a que no contamos con una proteína purificada y necesitamos conocer su estructura? Recurrimos a los modelados “*in silico*”. Existen dos tipos de modelado por computadora: modelado por homología (MH) y modelado *de novo* (MN). El MH se basa en el principio de que, si dos proteínas comparten similitud de secuencia lo suficientemente alta, es probable que tengan estructuras 3D muy similares, se trata de una técnica predictiva que permite obtener una aproximación

de la conformación basada en estructuras conocidas de proteínas relacionadas (estructuras molde) que casi siempre son homólogas a nuestra proteína de estudio, es decir, poseen el mismo ancestro común. El MH consta de varios pasos: el primer paso es la selección de un molde mediante la comparación de la secuencia de aminoácidos en bases de datos. Una vez que se identifica el mejor candidato como molde se realiza un alineamiento -un alineamiento es una forma de organizar secuencias de proteínas (o ADN) para identificar regiones de similitud (figura 1)-. Acto seguido, se construye un modelo de la proteína de interés usando la información de las coordenadas atómicas espaciales del molde y finalmente se evalúa la calidad del modelo construido. Ahora bien, ¿qué pasa si no logramos identificar una estructura molde en las bases de datos? Utilizaremos MN. Una de las herramientas más novedosas de esta técnica de predicción es *AlphaFold* [3] que utiliza inteligencia artificial para construir el modelo. De manera similar al MH se parte de la secuencia de aminoácidos de la proteína de interés, se consultan bases de datos y se realiza



un alineamiento, después se identifican proteínas que puedan tener una estructura similar (molde) y se construye una representación inicial de la estructura. Esta es, en esencia, un modelo de qué aminoácidos es probable que estén en contacto entre sí. Después, *AlphaFold* toma el alineamiento, los moldes, y la representación inicial y los pasa a través de un “transformador”, cuya función es identificar qué información es más útil para la construcción del modelo, intercambiando información iterativamente. Esta información se lleva al denominado módulo de estructura que construye el modelo de nuestra proteína para finalmente obtener una lista de coordenadas que representan la posición de cada átomo de la proteína, incluidas las cadenas laterales.

Sin duda alguna, la construcción de modelados computacionales de proteínas de

estructura desconocida es una herramienta muy útil en el ámbito de la Biología Molecular. Entre sus aplicaciones se incluyen desde el análisis del efecto de mutaciones hasta la predicción de epítopes, predicción de ligandos y actividades catalíticas que pueden servir como base para la realización de estudios experimentales complejos. [100](#)

Referencias

- [1] Morange, M. (2009). The Central Dogma of molecular biology. *Resonance*, 14(3), 236-247.
- [2] Whisstock, J. C., & Lesk, A. M. (2003). Prediction of protein function from protein sequence and structure. *Quarterly reviews of biophysics*, 36(3), 307-340.
- [3] Jumper, J., Evans, R., Pritzel, A., Green, T., Figurnov, M., Ronneberger, O. & Hassabis, D. (2021). Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. *Nature*, 596(7873), 583-589.

Arte e ingeniería

Arte y Ciencia: Dos caras, misma moneda

Jorge Luis Rodríguez Alejandro
Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo.
ibm.jorgealejandro@gmail.com

desarrolló una gran capacidad para las matemáticas y una incommensurable pasión por el dibujo.

Hypatia contó con un carácter tolerante, una enorme capacidad para hablar en público, considerada como pagana. Desafortunadamente en esa época en Alejandría coexistían diferentes religiones (paganos, cristianos y judíos); el declive de la sociedad de Alejandría y la creciente fuerza del cristianismo terminarían por decidir el destino de Hypatia. El cristianismo de la época interpretaba a las matemáticas como herejía y creían que “los matemáticos debían ser destrozados por las bestias salvajes” [1].

Arte y ciencia: Dos caras de la misma moneda. Dos perspectivas del saber humano. Artistas y científicos moldeados por su contexto que interpretaron la realidad de manera única, lo que les ha valido sobrevivir al paso del tiempo en la memoria colectiva. Detrás de la genialidad existieron historias de vida, características particulares y decisiones que marcaron el transcurso de sus vidas. En esta ocasión conoceremos un poco acerca de la vida de Hypatia de Alejandría, gran matemática, y Remedios Varo, gran pintora. Conocer un poco de sus vidas nos puede ayudar a entender su actuar en momentos difíciles.

Vida

Algunos historiadores coinciden en el nacimiento de Hypatia alrededor del año 370 d.C en Alejandría [1], con una fuerte inclinación por la Filosofía, Matemáticas y Astronomía. Hija de Teón de Alejandría, filósofo, matemático y astrónomo. Hypatia fue profesora de la biblioteca de Alejandría, y es considerada la primera mujer científica y matemática de la historia. Obtuvo la cátedra de Filosofía platónica educando aristócratas que ocuparían posteriormente altos cargos [2]. Es difícil conocer la biografía de Hypatia debido a que se conoce de ella escasamente. La poca información se ha obtenido de obras donde se le menciona, inclusive se llega a atribuir a Hypatia obras de autores que colaboraron con ella en ese tiempo.

María de los Remedios Varo Uranga, por su parte, nació el 16 de diciembre de 1908 en Gerona, España. Hija de Rodrigo Varo e Ignacia Uranga, heredó el gusto por la perspectiva, el dibujo profesional y las Matemáticas de su padre, quien se desempeñaba como ingeniero hidráulico. Con una encarnada pasión por la lectura, Remedios frecuentó muchos libros científicos con los cuales

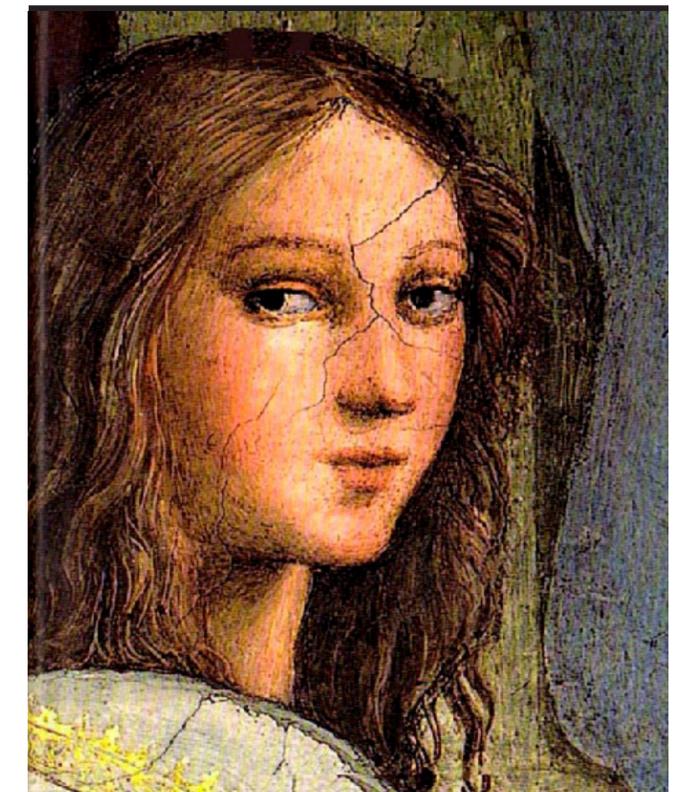


Figura 1. Posible representación de Hypatia en la famosa obra de La escuela de Atenas de Rafael Sanzio (1509-1510).

Tras 20 años de que Hypatia ejerciera como profesora de diferentes ramas, discípulos de todas partes acudieron a su casa, la que terminaría convertida en un centro del saber. Damasio, en su obra *Vida de Isidoro*, describe a Hypatia: “Solía ponerse su manto de filósofa y pasear por el centro de la ciudad interpretando públicamente a Platón, a Aristóteles y las obras de otros importantes filósofos ante quienes estuvieran interesados en escucharla” [2].

Remedios se formó en diferentes colegios, incluyendo la Academia de San Fernando, Madrid. Tras el estallido de la Guerra civil española, Remedios viajó a París, pero la ocupación del ejército alemán en Francia provocaría su llegada a México a finales de 1941. Espiritual y amante de la libertad, Remedios encontró en México un hogar al lado de luminarias como Leonora Carrington. Exiliada de España y extranjera en México, Remedios permaneció al margen de las historias, iluminando desde lejos la escena del surrealismo con sus obras, un acto de rebeldía [3]. En una entrevista a la curadora de arte Teresa Arcq comentó sobre el trabajo de remedios: “Intentaba encontrar



Figura 2. Retrato de Remedios Varo en su libro biográfico “Unexpected Journeys” de Janet Kaplan de 1988.



Figura 3. Dolor Reumático II. (1948). Autor: Remedios Varo. Obra realizada para la campaña de la farmacéutica Bayer contra el dolor reumático.

Rebeldes

Hypatia y Remedios, arte y ciencia. Compartieron el gusto por las matemáticas, el dibujo y la fortaleza de sus ideas. Una desde el exilio y otra desde la antigua academia. A causa de sus ideas sufrirían de violencia y marginación; pero sin abandonar sus ideales y hasta el final, consiguieron escribir su nombre con letras doradas en la historia de la humanidad. Ambos personajes enfrentaron tiempos difíciles, donde la resiliencia, la pasión por su trabajo y la disciplina las ayudaron a definir su historia paso a paso. El arte y la ciencia son dos caras de la misma moneda. *iBIO*



Figura 5. Hypatia enseñando en Alejandría. (1805-1840). Autor: Robert Treweek Bone. Centro de Arte Británico de Yale.



Figura 4. Diagrama del año 1070 de la “Conica” de Apolonio de Perga, para la que Hypatia escribió un comentario sobre el tratado de las secciones cónicas [5].

Figura 6. El fenómeno de ingravidez (1963). Autor: Remedios Varo [6].



Referencias

- [1] Alic, M. (1991). El legado de Hipatia: historia de las mujeres en la ciencia desde la antigüedad hasta fines del siglo XIX (1st ed.). Siglo Veintiuno.
- [2] Loizaga, M. J. C. R. de. (2015). Las damas del laboratorio. In Debate (1st ed., Vol. 1, Issue 1). Debate.
- [3] Fernández, Tomás y Tamaro, Elena. Biografía de Remedios Varo. En Biografías y Vidas. La enciclopedia biográfica en línea [Internet]. Barcelona, España, 2004. Disponible en <https://www.biografiasyvidas.com/biografia/v/varo.htm>
- [4] Bozzone, J. (1 de Octubre de 2021). ‘Entre lo místico y lo científico’: el auge de las obras de Remedios Varo [Internet]. The New York Times. Disponible en <https://www.nytimes.com/es/2021/10/01/espanol/remedios-varo-vida-obra.html>
- [5] Licencia Creative Commons Attribution 4.0 International. https://commons.wikimedia.org/wiki/File:Conica_of_Apollonius_of_Perga_fol._6b-7a_DETAIL.jpg
- [6] Licencia Creative Commons ShareAlike 3.0 Unported. <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/3.0/deed.en>
- [7] Licencia Creative Commons Attribution 2.0 Generic. <https://creativecommons.org/licenses/by/2.0/>

Cápsulas

de ciencia

Edición genómica de plantas

Una herramienta biotecnológica para garantizar la seguridad alimentaria

Yemitzel Camarero Arellano^{1*}
Noé Valentín Duran Figueroa²
*Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología del
IPN.*

*yemitzelcamarero@gmail.com

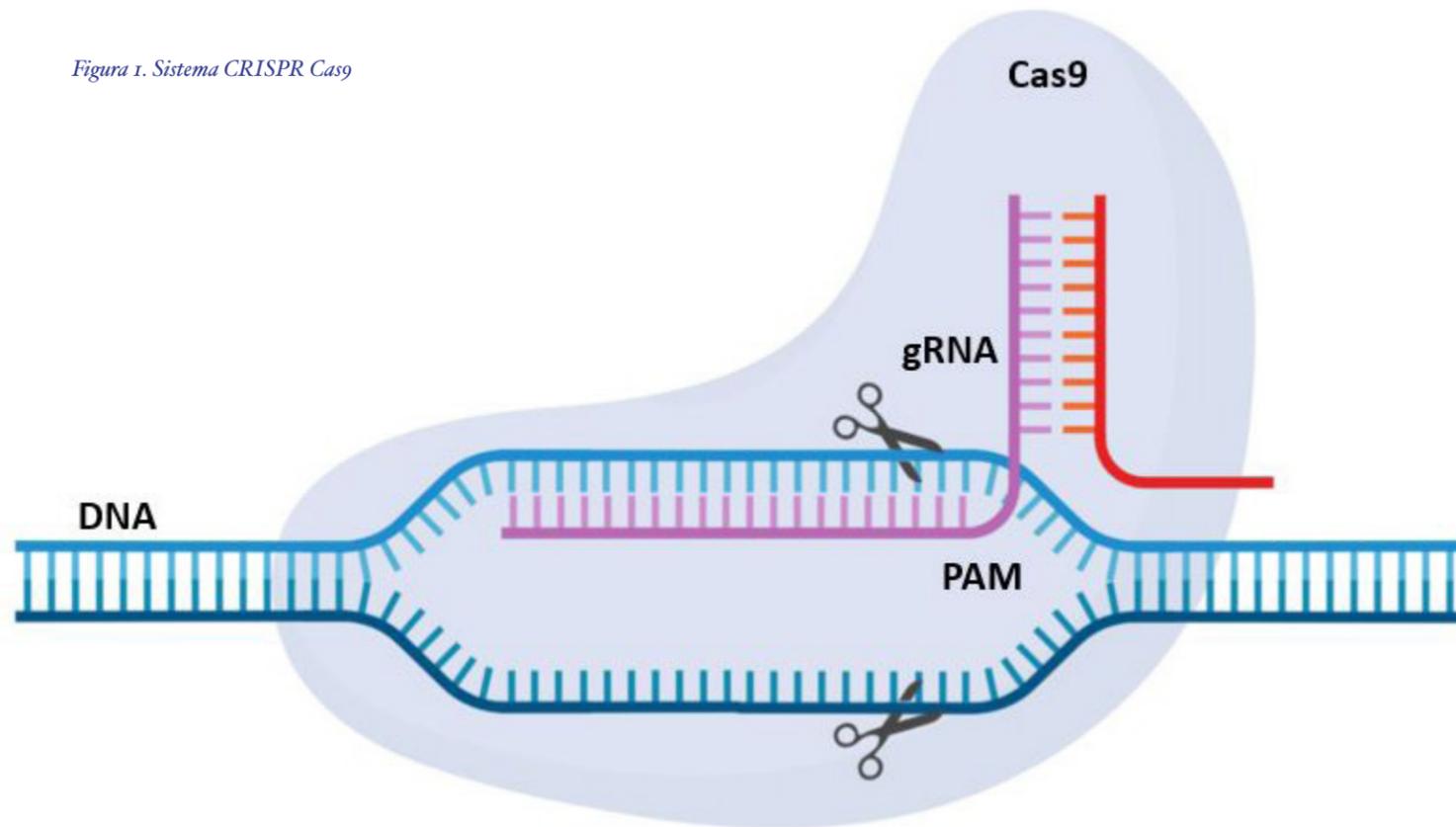
La proyección del crecimiento de la población mundial estima que para el año 2050 seremos 9700 millones de personas [1]. Para satisfacer las necesidades alimentarias, nutricionales y de salud de toda la población, es necesario plantear el tema de la seguridad agroalimentaria desde diferentes ángulos, tales como el científico, social y económico para así, maximizar todas las soluciones al problema y proveer del alimento necesario [2]. Si abordamos la problemática de salud nos daremos cuenta de que puede ir de la mano con los conflictos agrícolas, ya que los alimentos provenientes de los vegetales, además de proveer un paquete nutricional, aportan un valor funcional sin dejar de lado otros metabolitos extraídos de dichos vegetales, los cuales pueden ser utilizados con fines terapéuticos o farmacéuticos. Entonces, asociado a la seguridad agroalimentaria que garantice la disposición de alimentos para el año 2050, se deben tomar en cuenta la aplicación de tecnologías amigables con el ambiente y que al mismo tiempo no influyan en el cambio climático. Para lograr tal reto, se requiere el uso de vegetales resistentes a periodos largos de sequía, que requieran menos cantidades de fertilizantes químicos, que utilicen agroquímicos no contaminantes, que el uso de herbicidas no sea tóxico; pero, al mismo tiempo se requiere que el rendimiento de los cultivos sea mucho mayor, inocuos y que los vegetales tengan un poder nutricional alto. Esto, sin duda alguna marca un enorme reto para la biotecnología agrícola [3].

A través de la historia, el hombre ha ido en busca de mejoras agronómicas que incrementen el rendimiento de sus cultivos, y que satisfaga las demandas de la población. Por ejemplo, en el periodo precolombino los aztecas utilizaban una técnica conocida como *chinampas* (del náhuatl *chinamitla*), técnica de cultivo que permitió crecer

milpa y otras hortalizas en Xochimilco, esto fue clave para garantizar los alimentos necesarios de esa época [4]. En el siglo XVIII, Gregor Mendel establece las bases de la genética trabajando con leguminosas, él realizó cruza genéticas usando como modelo la planta de chícharo para obtener plantas con rasgos dominantes. Durante el siglo XIX el conocimiento generado por Mendel se aplicó para mejorar cultivos mediante cruza de diversas variedades con rasgos “elite” y así, obtener plantas híbridas que fueran resistentes a enfermedades, tolerantes a sequía, entre otros rasgos [5]. A la fecha, los híbridos mejorados dominan el mercado de semillas; sin embargo, con miras al 2050 estas no serán suficientes, es así como la generación de plantas con mejoras basadas en la edición genómica de los cultivos permitirá obtener alimentos de mejor calidad sin ser tóxicos, que puedan garantizar esa Seguridad Agroalimentaria tan anhelada.

La desventaja de trabajar con híbridos radica en que una variedad mejorada mediante esta estrategia puede tardar entre 10 y 20 años, dependiendo de la especie vegetal, esto se debe entre otras cosas a que es un sistema donde el azar juega un papel preponderante. Por tal razón, y para disminuir este “azar genético”, en años recientes se ha recurrido a la edición genómica, que es una técnica dirigida hacia algún gen específico que confiera rasgos de interés agronómico. Con esto se pueden obtener líneas mejoradas en 6 meses para cultivos cíclicos como maíz, arroz o trigo [6]. Algunas técnicas que se han utilizado para editar el genoma de las plantas son: *nucleasas efectoras similares a activadores de transcripción* conocidas como TALENs por sus siglas en inglés, *meganucleasas*, *nucleasas con dedos de zinc* (ZFNs por sus siglas en inglés), y finalmente la técnica de CRISPR/Cas (del inglés, repeticiones

Figura 1. Sistema CRISPR Cas9



palindrómicas cortas agrupadas y regularmente interespaciadas). Esta última, de mayor aplicación debido a la simplicidad y mayor eficiencia razón por la cual hay una enorme diversidad de uso en una amplia variedad de cultivos [7,8].

La tecnología molecular CRISPR nace en el año 1987, pero fue hasta el 2002 que se acuñó el acrónimo CRISPR, cuando además de esas repeticiones palindrómicas, se encontró el gen de la proteína llamada “Cas” asociado (CRISPR asociated) [9]. Este sistema funciona mediante la interacción de la proteína Cas con una secuencia de RNA guía, la cual es responsable de dirigir la nucleasa hacia un sitio específico del genoma, el RNA guía incluye una secuencia conocida como PAM que reconoce el sitio de corte que llevará a cabo la nucleasa Cas9 en el genoma [10]. Cabe señalar, que existen distintas proteínas Cas, con distintos mecanismos de acción, las cuales se eligen de acuerdo con el tipo de edición que se desee realizar, la técnica es más conocida como CRISPR-Cas9 debido a que la enzima más utilizada es la proteína número 9 proveniente de *Streptococcus pyogenes* [11]. Figura 1. El sistema CRISPR/Cas9 se ha utilizado para obtener plantas resistentes a estreses bióticos y abióticos.

En cereales como el arroz, trigo y maíz gran parte de las mejoras realizadas mediante CRISPR/Cas9 se han enfocado en el desarrollo de plantas resistentes a hongos fitopatógenos y a incrementar la resistencia a altas temperaturas asociadas al cambio climático, también se han producido modificaciones en frijol, en manzana, papaya y hortalizas como pepino, tomate y sandía [12]. Hay reportes en la edición del gen *SlJAZ2* de tomate, en cual influye en la percepción de la hormona vegetal jasmonato, la cual protege la planta frente a hongos patógenos [13].

Finalmente, para garantizar tanto la seguridad agroalimentaria como la inocuidad de esta, se deben elegir los genes a editar con sumo cuidado, no solo elegir genes que codifican para proteínas, sino genes auxiliares que antes no se tomaban en cuenta como los microRNAs, que hoy se sabe que actúan como reguladores de distintos procesos de desarrollo y crecimiento de plantas [14,15]. Se debe verificar que las ediciones genómicas sean adaptables a los distintos cultivos, pero también a las distintas condiciones ambientales. Nos hallamos en una época fascinante, donde convergen distintas tecnologías, todas encaminadas para obtener una agricultura

sostenible, esta tecnología puede utilizarse para la edición genética en microorganismos y plantas, y en células humanas para la erradicación de enfermedades. Debido a su gran alcance, CRISPR/Cas9 originó una curiosidad a nivel mundial sobre las consecuencias que puede tener en el ambiente, la política, la economía y la sociedad. Aun cuando es importante conocer cómo funciona y sus posibles aplicaciones, no se debe dejar de lado la regulación de esta tecnología y poder seguir generando investigación básica. Sin lugar a duda, la edición de genomas mediante CRISPR/Cas está jugando un papel clave en la producción de nuevas variedades de cultivos, lo que es prometedor para garantizar la seguridad alimentaria. [10.1007/s11248-021-00259-6](https://doi.org/10.1007/s11248-021-00259-6)

Referencias

- [1] Organización de las Naciones Unidas, 2022. Departamento de asuntos económicos y sociales. shorturl.at/nquEM, shorturl.at/fkuIR
- [2] Gu D, Andreev K & Dupre M.E. (2021). Major trends in population growth around the world. *China CDC Wkly.* 3(28): 604-613. DOI: [10.46234/ccdcw2021.160](https://doi.org/10.46234/ccdcw2021.160)
- [3] Moreira B.J.C., Gustavo L.W. & da Cruz N.W.S. (2021). Quercetin as a potential nutraceutical against coronavirus disease 2019 (COVID-19). *Ars Pharmaceutica* 62(1): 85-89. DOI: [10.30827/ars.v62i1.15684](https://doi.org/10.30827/ars.v62i1.15684)
- [4] González C.E. y Torres V.C.I., 2014. La sustentabilidad agrícola de las chinampas en el Valle de México: caso Xochimilco. *Revista Mexicana de Agronegocios* 34: 699-709. DOI: <http://hdl.handle.net/20.500.11799/38659>
- [5] Amberger, J. S., Bocchini, C. A., Schiettecatte, F., Scott, A. F., & Hamosh, A. (2015). OMIM.org: Online Mendelian Inheritance in Man (OMIM(R)), an online catalog of human genes and genetic disorders. *Nucleic Acids Research*, 43, D789–D798. DOI: [10.1093/nar/gku1205](https://doi.org/10.1093/nar/gku1205)
- [6] He, Y., Zhang, Y., Liao, Y. et al. Rice hybrid mimics have stable yields equivalent to those of the F1 hybrid and suggest a basis for hybrid vigour. *Plant*. 254, 51 (2021). DOI: [10.1007/s00425-021-03700-6](https://doi.org/10.1007/s00425-021-03700-6)

[7] Matres J.M., Hilscher J., Datta A., Armario-Najera V., Baysal C., He W., Huang X., Zhu C., Valizadeh-Kamran R., Trijatmiko K.R., Capell T., Christou P., Stoger E. & Slamet-Loedin I.H. (2021). Genome editing in cereal crops: an overview. *Transgenic Research* 30(4): 461-498. DOI: [10.1007/s11248-021-00259-6](https://doi.org/10.1007/s11248-021-00259-6)

[8] Garza-García R., Jacinto-Hernández C. & Garza-García D. (2010). Bayo Azteca, primera variedad mejorada de frijol con resistencia a *Apion godmani* Wagner. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*.1(5):651-656. shorturl.at/uyZ59

[9] Rao Y., Yang X., Pan C., Wang C., & Wang K. (2022). Advance of clustered regularly interspaced short palindromic repeats-cas9 system and its application in crop improvement. *Frontiers in Plant Science*. 13: 839001. DOI: [10.3389/fpls.2022.839001](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.839001)

[10] Naik B. J., Shimoga G., Kim S-C., Manjulatha M., Reddy C. S., Palem R. D., Kumar M., S-Y., & Lee S-H. (2022). CRISPR/Cas9 and nanotechnology pertinence in agricultural crop refinement. *Frontiers in Plant science*. 13: 843575. DOI: [10.3389/fpls.2022.843575](https://doi.org/10.3389/fpls.2022.843575)

[11] Wolter, F., Schindele, P., & Puchta, H. (2019). Plant breeding at the speed of light: the power of CRISPR/Cas to generate directed genetic diversity at multiple sites. *BMC Plant Biology*. 19(1), 176. DOI: [10.1186/s12870-019-1775-1](https://doi.org/10.1186/s12870-019-1775-1)

[12] Wang, T., Zhang, H., & Zhu, H. (2019). CRISPR technology is revolutionizing the improvement of tomato and other fruit crops. *Horticulture Research*. 6(1), 77. DOI: [10.1038/s41438-019-0159-x](https://doi.org/10.1038/s41438-019-0159-x)

[13] Biswal, A. K., Mangrauthia, S. K., Reddy, M. R., & Yugandhar, P. (2019). CRISPR mediated genome engineering to develop climate smart rice: Challenges and opportunities. *Seminars in Cell & Developmental Biology*, 96, 100-106. DOI: [10.1016/j.semdb.2019.04.005](https://doi.org/10.1016/j.semdb.2019.04.005)

[14] Wenyi Wang & Gad Galili. (2019). Tuning the Orchestra: miRNAs in Plant Immunity. *Trends in Plant Science*. 24:189-191. DOI: [10.1016/j.tplants.2019.01.009](https://doi.org/10.1016/j.tplants.2019.01.009)

[15] Baloglu M. C., Altunoglu Y. C., Baloglu P., Yildiz A. B., Türkölmez N. & Giftçi Y. Ö. (2022). Gene-editing technologies and applications in legumes: progress, evolution, and future prospects. *Frontiers in genetics*. 13: 859437. DOI: [10.3389/fgene.2022.859437](https://doi.org/10.3389/fgene.2022.859437)

Redes

empresariales

Winter Genomics

La bioinformática un universo de posibilidades

Karla Ruiz¹
 Kenya Contreras²
¹Project Manager
²Consultora bioinformática
 hola@wintergenomics.com

Boris Pasternak en su novela “El Doctor Zhivago” utiliza una frase profunda sobre la vida: “La vida nunca es algo material, como una sustancia moldeable. Es el principio del cambio renovándose constantemente, cambiando y transfigurándose así misma”. Pensar en la vida es hablar de evolución, diferencias entre organismos y especies, adaptación, enfermedades; pero implica también el estudio de fármacos, métodos de diagnóstico, agricultura, alimentos, etc; con el fin de resolver y de construir soluciones ¿Pero cómo estudiar algo tan complejo? ¿Son nuestros ojos y nuestra capacidad de procesamiento suficientes para develar los secretos de la vida?

Con el paso del tiempo, la cantidad de datos biológicos y conocimientos que generamos ha aumentado y de forma paralela, la tecnología también. ¿Cómo colisionar estos dos universos para resolver uno utilizando el otro? La **bioinformática** surge en los 60’s cuando Margaret O. Dayhoff utilizó computadoras para

coleccionar y comparar las secuencias de proteínas, creando el primer Atlas de proteínas reconocido en la comunidad científica.

En el año 2000, la finalización del proyecto del genoma humano trajo consigo mejoras en las tecnologías y metodologías para el análisis de datos, lo que aumentó la cantidad de datos biológicos generados en diversas especies, abriendo así la puerta a nuevas posibilidades de investigación y desarrollo. La rápida evolución tecnológica y la generación de datos en grandes volúmenes han hecho evidente la necesidad del uso de la bioinformática.

Winter Genomics es una empresa 100% mexicana con más de 12 años de experiencia que surge para innovar y revolucionar el **análisis de datos biológicos** proporcionando soluciones bioinformáticas dirigidas a la iniciativa privada, institutos de salud, instituciones académicas y gubernamentales en el mercado Mexicano y Latinoamericano.



Figura 1. Logotipo de la empresa.

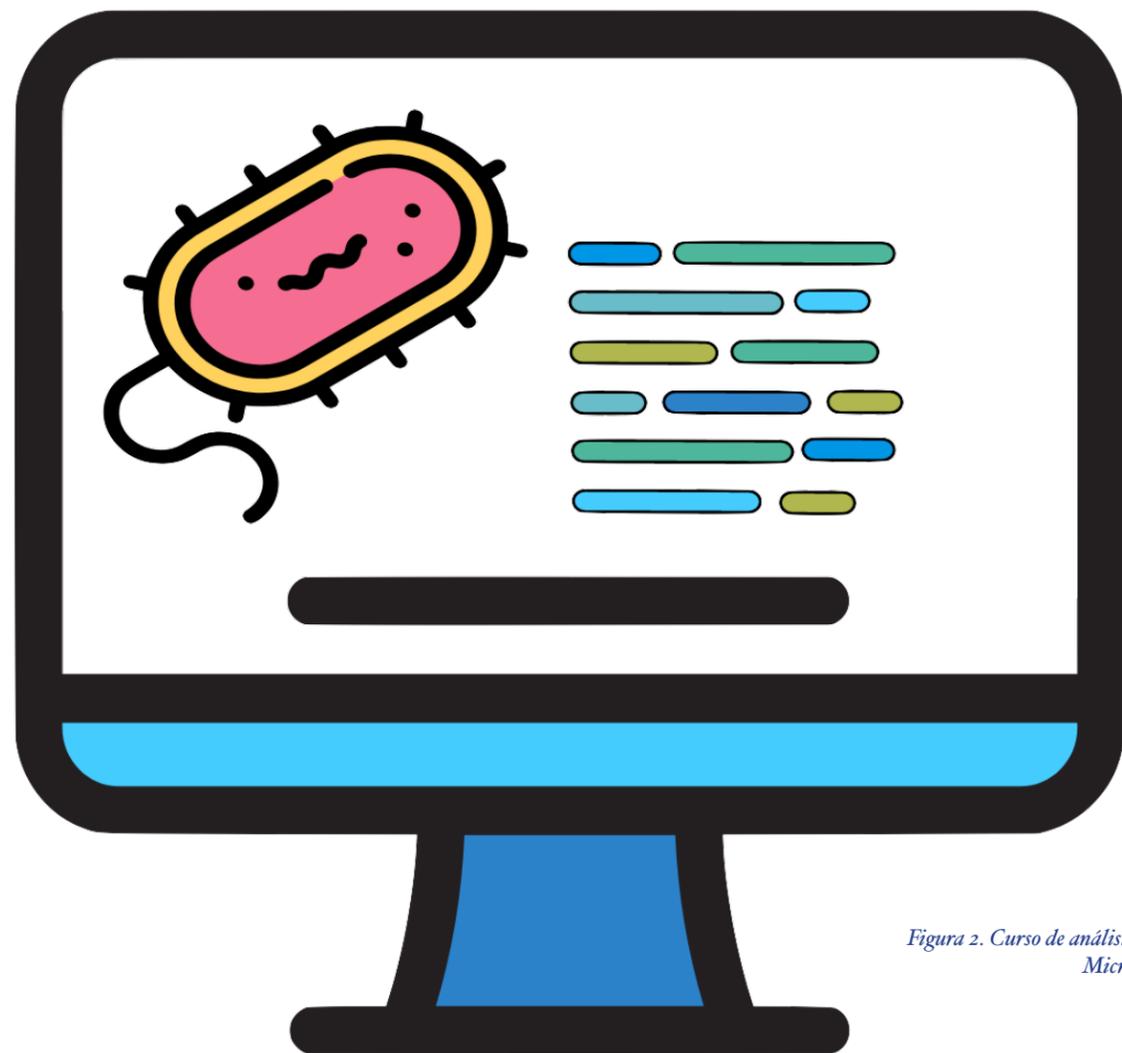


Figura 2. Curso de análisis de datos de Microbioma 16S.

Nuestro equipo está conformado por maestros y doctores mexicanos con amplia experiencia profesional y académica en la investigación, especializados en la **consultoría bioinformática**, análisis de datos y desarrollo en distintas áreas de la biología así como en las últimas tecnologías y métodos de análisis de datos.

Somos una empresa que además de capacitar al personal de diversas organizaciones internacionales, hemos sido autores del **desarrollo de algoritmos bioinformáticos** reconocidos en la **comunidad científica internacional** y contamos con publicaciones en diversas revistas científicas.

En Winter Genomics, nuestra misión principal es impulsar la innovación e investigación científica brindando soluciones bioinformáticas personalizadas para cada institución para el análisis de datos biológicos siguiendo las **buenas**

prácticas de la comunidad científica.

Dentro de nuestros servicios destacan las **asesorías personalizadas** para la realización de proyectos propios de cada institución, los servicios de análisis de datos de tecnologías de nueva secuenciación (NGS), análisis de microbioma y metagenoma, análisis de variantes en enfermedades de interés, diseño de primers, aplicaciones de Machine Learning, entre otros.

En Winter Genomics participamos activamente en la **divulgación científica** a través de talleres y ciclos de conferencias como una empresa responsable y comprometida con el desarrollo de la sociedad, la incursión de la ciencia y abriendo la puerta a las posibilidades.

Y tú, ¿ya estás explorando el universo de posibilidades? **Conoce con nosotros el potencial de tus datos.** [ibio](#)

Redes

científicas

Lacasas

La estrategia que usa la Red de Investigación LIDA para evitar/combater los contaminantes emergentes en aguas residuales

Norma A. Valdez-Cruz¹Roberto Parra^{2,3}Mauricio A. Trujillo-Roldán^{1*}

1. Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Instituto de Investigaciones Biomédicas, Universidad Nacional Autónoma de México, AP. 70228, Ciudad de México CP. 04510, México.

2. Tecnológico de Monterrey, School of Engineering and Sciences, Monterrey 64849, México.

3. Tecnológico de Monterrey, Institute of Advanced Materials for Sustainable Manufacturing, Monterrey 64849, México.

*maurotru@biomedicas.unam.mx

La contaminación ambiental causa cambios drásticos en ecosistemas, afectando a la flora y fauna, además de causar enfermedades en humanos como cáncer de pulmón, asma, trastornos del desarrollo neuronal, entre otros, provocando alrededor de 4 millones de muertes por año [1-3]. Esta contaminación descontrolada y masiva de los ecosistemas, ha sido consecuencia del aumento de la población y la industrialización [3].

Entre la diversidad de contaminantes existen los contaminantes emergentes (CEs), los cuales se encuentran en productos químicos comunes, aditivos industriales, cosméticos y artículos para el cuidado personal, pesticidas, medicamentos y disruptores endócrinos, subproductos de desinfección, compuestos fluorados, colorantes y medios de contraste, entre otros [4].

El efecto negativo de los CEs los ha convertido en una preocupación para científicos, ingenieros y el público en general, por lo que su estudio se ha convertido en el tema de investigación principal de la Red nombrada LIDA (Lacasas Inmovilizadas para la Degradación de compuestos Aromáticos en Aguas Residuales). Esta red de investigación está conformada por 20 líderes de grupos de investigación alrededor del mundo, especializados en la mejora de los cuerpos de agua y que ha sido incluida en las Redes Temáticas del CYTED (Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo).

Algunos ejemplos de CEs y sus efectos nocivos son el bisfenol A, que se ha asociado con el desarrollo de cáncer de mama [6], y conservadores como los parabenos y el triclosán, cuyo uso en la industria cosmética, se ha asociado con la aceleración de la pubertad en jóvenes [7]. Por su parte, la acumulación de compuestos orgánicos

persistentes se ha relacionado con genotoxicidad en reptiles en ríos de nuestro país [8]. Mientras, la exposición de hembras de peces cebrá a carbamazepina, acetaminofeno, gemfibrozil y venlafaxina, contenidos en efluentes de plantas de tratamiento de agua, causan una disminución en el desarrollo de sus embriones [9].

Las principales estrategias para mitigar la contaminación consisten en la transformación de contaminantes mediante procesos fisicoquímicos y biológicos [10]. Las estrategias fisicoquímicas incluyen la oxidación química, la incineración, la modificación con luz ultravioleta y vitrificación, entre otras. Mientras que las estrategias biológicas usando plantas como las algas y microorganismos como bacterias y hongos, y/o partes de ellos, como sus enzimas, proceso conocido como biorremediación [11,12].

Las principales proteínas con capacidad enzimática que se han usado para la transformación de CEs incluyen a las lacasas [11], las cuales se han empleado para la biodegradación de fenoles, fenoles clorados, herbicidas, pesticidas, colorantes textiles sintéticos, medicamentos y productos para el cuidado personal, entre otros [11]. Las lacasas se encuentran en plantas, hongos, e inclusive insectos y bacterias con funciones muy diversas como, por ejemplo, en la degradación de lignina y en la eliminación de fenoles tóxicos derivados de este proceso [11].

Así, extractos de cultivos de bacterias u hongos que contienen lacasas han mostrado potencial en la biotransformación de CEs. Por ejemplo, una lacasa del hongo *Trametes versicolor* ha logrado reducir las concentraciones

de estrógeno de aguas residuales en plantas de tratamiento [13]. Además, lacasas industriales (Novozymes, EE. UU.) pueden eliminar el fenol de muestras acuosas de una refinería [14]. La lacasa inmovilizada del hongo *Corioloopsis gallica* eliminó contaminantes conocidos como bisfenol-A, diclofenaco y etinilestradiol (EE2), en muestras de aguas residuales [15]. Mientras que la lacasa de una especie del hongo *Phoma sp.* pudo biotransformar paracetamol, bezafibrato, indometacina, ketoprofeno y naproxeno en muestras de aguas residuales [16]. Las lacasas de la bacteria *Klebsiella pneumoniae* presenta grandes ventajas como la de resistir altas temperaturas, excelente característica para ser usada en la degradación de colorantes industriales, como aquellos azules usados en la industria textil.

Actualmente en la industria textil, alimentaria y papelera ya se utilizan productos a base de estas enzimas lacasas, reflejando la

viabilidad de su uso industrial [17], aunque aún faltan avances para lograr éxito comercial. De ahí que la Red LIDA se aplique en generar conocimiento sobre las características de los cuerpos de agua, así como el aislamiento, identificación, caracterización y desarrollo de nuevas lacasas, considerando además el diseño de nuevas formas de presentación de estas enzimas que las ayuden a hacer eficientes y duraderas. El enfoque principal de la Red LIDA es desarrollar estrategias sostenibles para la degradación de CEs en aguas residuales en Iberoamérica con nuevas lacasas. Hasta ahora se han desarrollado y aplicado nuevas estrategias usando lacasas en procesos de biorremediación de aguas residuales de la industria textil. Aunque aún falta sumar y concientizar a más industrias, hospitales y público en general para lograr remediar la contaminación que se acumula de forma persistente dañando los cuerpos de agua. 



Glosario

Disruptor endocrino: Compuesto químico que al ser expuesto a un organismo es capaz de alterar el equilibrio hormonal. Tal es el caso que puede afectar y en algunos casos detener procesos fisiológicos controlados por hormonas. Normalmente, son sustancias contaminantes, que por ejemplo pueden provocar infertilidad o incluso cambios de sexo en peces e invertebrados. En los seres humanos pueden llegar a afectar la fertilidad.

Lacasas: proteínas con actividad enzimática catalizando la oxidación de una molécula que puede llegar a ser contaminante. Estas fueron descubiertas en los árboles de laca chinos en 1883 y nombradas lacasas unos 10 años después al ser aisladas.

Bisfenol A (BPA): es una molécula orgánica reportada disruptor endocrino que es ampliamente usada en plásticos y aditivos plásticos. Su uso en México no está regulado, pero países como España y Francia ya lo prohíben en cualquier recipiente en contacto con alimentos.

Genotoxicidad: Capacidad de una molécula para dañar directa o indirectamente al ADN.

Estrógenos: hormonas sexuales esteroideas producidas por los ovarios, la placenta durante el embarazo y, en menores cantidades, por las glándulas suprarrenales.

Ethinilestradiol (EE2): Es un esteroide sintético usado como anticonceptivo y para disminuir los síntomas de la menopausia.

Referencias

[1] Frye RE, Cakir J, Rose S, Delhey L, Bennuri SC, Tippett M, Melnyk S, James SJ, Palmer RF, Austin C, Curtin P, Arora M (2020) Prenatal air pollution influences neurodevelopment and behavior in autism spectrum disorder by modulating mitochondrial physiology. *Molecular Psychiatry* 26(5), 1561-77. <https://doi.org/10.1038/s41380-020-00885-2>

[2] Holst GJ, Pedersen CB, Thygesen M, Brandt J, Geels, C, Bønløkke JH, Sigsgaard T (2020) Air pollution and family related determinants of asthma onset and persistent wheezing in children: Nationwide case-control study. *The BMJ* 370, 1-9. <https://doi.org/10.1136/bmj.m2791>

[3] Ukaogo PO, Ewuzie U, Onwuka CV (2020) Environmental pollution: causes, effects, and the remedies. In *Microorganisms for Sustainable Environment and Health*. INC. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-819001-2.00021-8>

[4] Kumar A, Yadav AN, Mondal R, Kour D, Subrahmanyam G, Shabnam AA, Khan SA, Yadav KK, Sharma GK, Cabral-Pinto M, Fagodiya RK, Gupta DK, Hota S, Malyan SK (2021) Myco-remediation: A mechanistic understanding of contaminants alleviation from natural environment and future prospect. *Chemosphere* 284:131325. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2021.131325>

[6] Merzoug-Larabi M, Youssef I, Bui AT, Legay C, Loiodice S, Lognon S, Babajko S, Ricort JM (2020) Protein Kinase D1 (PKD1) is a new functional non-genomic target of bisphenol a in breast cancer cells. *Frontiers in Pharmacology* 10, 1-14. <https://doi.org/10.3389/fphar.2019.01683>

[7] Harley KG, Berger KP, Kogut K, Parra K, Lustig RH, Greenspan LC, Calafat AM, Ye X, Eskenazi B (2019) Association of phthalates, parabens and phenols found in personal care products with pubertal timing in girls and boys. *Human Reproduction* 34(1), 109-117. <https://doi.org/10.1093/humrep/dey337>

[8] González-Mille DJ, Ilizaliturri-Hernández CA, Espinosa-Reyes G, Cruz-Santiago O, Cuevas-Díaz MDC, Martín Del Campo CC, Flores-Ramírez R (2019) DNA damage in different wildlife species exposed to persistent organic pollutants (POPs) from the delta of the Coatzacoalcos river, Mexico. *Ecotoxicology and Environmental Safety* 180, 403-11. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2019.05.030>

[9] Galus M, Jeyaranjan J, Smith E, Li H, Metcalfe C, Wilson JY (2013) Chronic effects of exposure to a pharmaceutical mixture and municipal wastewater in zebrafish. *Aquatic Toxicology* 132, 212-22. <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2012.12.016>

[10] Wang J, Shih Y, Wang PY, Yu YH, Su, JF, Huang C (2019) Hazardous waste treatment technologies. *Water Environment Research* 91(10), 1177-98. <https://doi.org/10.1002/wer.1213>

[11] Arregui L, Ayala M, Gómez-Gil X, Gutiérrez-Soto G, Hernández-Luna CE, Herrera de los Santos M, Levin L, Rojo-Domínguez A, Romero-Martínez D, Saparrat MCN, Trujillo-Roldán MA, Valdez-Cruz NA (2019) Laccases: structure, function, and potential application in water bioremediation. *Microbial Cell Factories* 18(1), 1-33. <https://doi.org/10.1186/s12934-019-1248-0>

[12] Giardina P, Faraco V, Pezzella C, Piscitelli A, Vanhulle S, Sanna G (2010) Laccases: A never-ending story. *Cellular and Molecular Life Sciences* 67(3), 369-85. <https://doi.org/10.1007/s00018-009-0169-1>

[13] Auriol M, Filali-Meknassi Y, Adams CD, Tyagi RD, Noguerol TN, Pina B (2008) Removal of estrogenic activity of natural and synthetic hormones from a municipal wastewater: efficiency of horseradish peroxidase and laccase from *Trametes versicolor*. *Chemosphere* 70(3):445-52. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2007.06.064>

Importancia de la ingesta de ácidos grasos y la respuesta inmune a COVID-19

Norma Angélica Caudillo Ortega¹

Nahum Valente Hernández^{2*}

1. Tecnológico Nacional de México/ITS de Guanajuato. Carretera Guanajuato-Puentecillas Km 10,5, Puentecillas, 36262 Guanajuato, Gto.

2. Centro de Investigación Científica y de Educación Superior de Ensenada. Carretera Ensenada-Tijuana 3918, Zona Playitas. 22860, Ensenada, Baja California.

*nahum@cicese.mx

La pandemia ocasionada por el coronavirus SARS-CoV-2, que desarrolla la enfermedad de COVID-19, hasta el 13 de octubre del 2022, ha ocasionado más de 620 millones de casos y 6.5 millones de fallecimientos (<https://covid19.who.int>). La enfermedad COVID-19 ha puesto de manifiesto las deficiencias que tenemos en la alimentación a nivel mundial, en donde el consumo de ácidos grasos (AG) poliinsaturados es menor a los 0.5 g por día recomendado por la OMS [1]. La población mexicana presenta estas deficiencias alimenticias y además somos el segundo país con mayor índice de obesidad en adultos y primer lugar en obesidad infantil a nivel mundial; lo más grave, es que nuestra población presenta enfermedades asociadas a la obesidad como diabetes, hipertensión, entre otras [2]. Todas estas enfermedades de salud pública han puesto a nuestro país en los primeros lugares entre los países con mayor índice de defunciones por COVID-19 (<https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-2019>).

Una alimentación balanceada es importante para un adecuado funcionamiento del organismo y debe incluir el consumo de frutas y vegetales que proporcionan vitaminas y minerales, además, grasas de origen animal o vegetal que proporcionan lípidos como fosfolípidos, colesterol, ácidos grasos esenciales como omega 3, omega 6, entre otros, que son indispensables para las células, sin embargo, se requiere un adecuado balance entre el consumo de omega 3 y omega 6, puesto que un desbalance inhibe la actividad antiinflamatoria del omega 3 [1,3]. Los AG omega 3 (AGO3) se adquieren de la dieta al consumir alimentos como cereales, semillas, nueces, cacahuates, algunas frutas, vegetales, aceite

de canola, aceite de pescado y pescado, como salmón o sardinas, quienes obtuvieron a su vez los AGO3 de protistas acuáticos y microalgas ricas en ácido docosahexaenoico y eicosapentaenoico, respectivamente. Los AGO3 los absorben en el intestino delgado por los enterocitos y después son distribuidos a todos los órganos del cuerpo mediante la circulación linfática. Los AGO3 forman parte del metabolismo asociado al crecimiento y renovación de células y tejidos, así como en el reemplazo de células muertas por apoptosis, daño mecánico o por infección viral y bacteriana [1,4].

Las personas enfermas con COVID-19 presentan un incremento en la producción de moléculas proinflamatorias, sobre todo interleucina-6 lo que puede ocasionar todos los síntomas asociados a esta enfermedad y exacerbar la respuesta inmunitaria innata, provocando que el paciente desarrolle síntomas como fiebre, inflamación, entre otros [3,4]. Por otro lado, se han considerado que los AGO3 modulan la respuesta inmune innata y adquirida; además a través de los mediadores pro-resolutivos específicos podrían regular la inflamación por COVID-19 aumentando la fagocitosis del virus por macrófagos, evitando la producción de citoquinas proinflamatorias la infiltración de leucocitos, y también aumentando la producción de anticuerpos anti-SARS-CoV-2 [1].

Los AGO3 son ácidos grasos poliinsaturados y regulan la activación de varias células del sistema inmune como: macrófagos, neutrófilos, linfocitos T y B, células dendríticas, basófilos, entre otras.

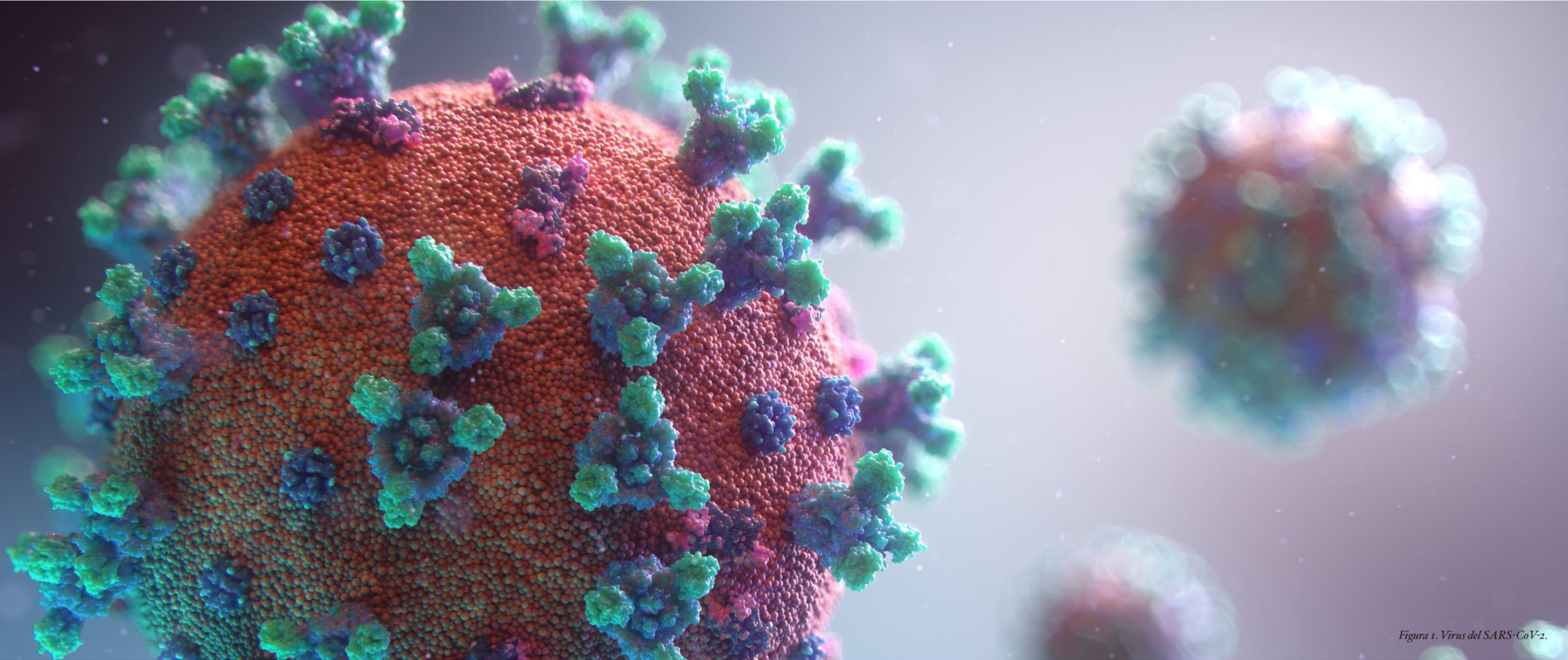


Figura 1. Virus del SARS-CoV-2.



Figura 2. Alimentos ricos en ácidos grasos omega 3.

Los AGO₃ aumentan la función de los neutrófilos, quienes forman nuestra primera línea de defensa frente a las infecciones en el cuerpo, además fortalecen la función inmunológica al promover la migración de estas células, su capacidad fagocítica y la producción de radicales libres reactivos para eliminar microorganismos. Los AGO₃ participan en activación de las células presentadoras de antígeno (CPA), estas CPA interactúan con los linfocitos T y B, activando la transducción de señales al sistema inmune innato y adquirido. Por lo tanto, se activan diferentes subgrupos de células T, como las células T CD₄ y las células T reguladoras, a su vez los linfocitos B también son activados por estos AG, produciendo más anticuerpos [1,3].

En conclusión, mejorar la alimentación

reduciendo la cantidad de carbohidratos simples en la ingesta diaria (jarabes altos en fructosa, glucosa o sacarosa) o sustituyéndolos por el consumo de vegetales que contienen carbohidratos más complejos traerá también un consumo más adecuado de vitaminas y minerales. Alimentos como nueces, pescado, sardinas y otros elementos de las dietas mediterráneas, pero de producción local valdría incluirlos en la dieta básica del mexicano. Se ha demostrado que estos alimentos están asociados a la prevención y un mejor control de enfermedades cardiovasculares, diabetes, hipertensión entre otras y recientemente también se sugiere un papel benéfico de los AGO₃ durante y posterior a la infección por el virus SARS CoV-2 [3].

Referencias

- [1] Hathaway D, Pandav K, Patel M, Riva-Moscato A, Singh BM, Patel A, et al. Omega 3 fatty acids and COVID-19: A comprehensive review. *Infect Chemother.* 2020;52(4):478-95.
- [2] Pérez Gil Romo SE. Obesidad en México: un acercamiento a la mirada social en los últimos 16 años. *INTERdisciplina.* 2021;10(26):91.
- [3] Fadiyah NN, Megawati G, Luftimas DE. Potential of Omega 3 Supplementation for Coronavirus Disease 2019 (COVID-19): A Scoping Review. *Int J Gen Med.* 2022;15(April):3915-22.
- [4] Mora I, Arola L, Caimari A, Escoté X, Puiggròs F. Structured Long-Chain Omega-3 Fatty Acids for Improvement of Cognitive Function during Aging. *Int J Mol Sci.* 2022;23(7)

Biotecnología de microalgas

Creando las bases para poblar otros planetas

Karla Soledad Macedo Osorio

Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de

México, Morelos, México

karla.macedo@ibt.unam.mx

Hot Science

En días recientes fueron publicadas las imágenes captadas por el telescopio James Webb, consideradas las imágenes más nítidas del universo hasta ahora vistas [1]. Estos avances en el conocimiento del cosmos, además de maravillarnos, nos cuestionan sobre la inmensidad del espacio, la posibilidad de encontrar vida en otros planetas y la posibilidad del ser humano para habitar otros espacios además del planeta Tierra. Todas estas interrogantes son el campo de estudio de la astrobiología, ciencia encargada de estudiar la vida en el Universo y que, en alianza con la biotecnología molecular, podrían ofrecer una alternativa para poder poblar otros espacios además del planeta Tierra.

Al igual que la Luna, Marte es considerado el próximo destino a explorar, su cercanía con la Tierra lo hace el planeta más parecido en el sistema solar; en él se han identificado depósitos de agua en forma de hielo [2] y existe evidencia de que en algún momento tuvo una temperatura más cálida y una atmósfera más espesa que pudo proporcionar las condiciones para generar un entorno potencialmente habitable. En la actualidad, la atmósfera de Marte está constituida en un 95% de dióxido de carbono y tan solo 0.13% de oxígeno, con temperaturas que van desde los -145 °C hasta los 20°C, características que lo hacen inviable para la mayoría de la vida terrestre, incluido el ser humano, pero podrían ser propicias para el crecimiento de especies extremófilas que habitan en la Tierra [3].

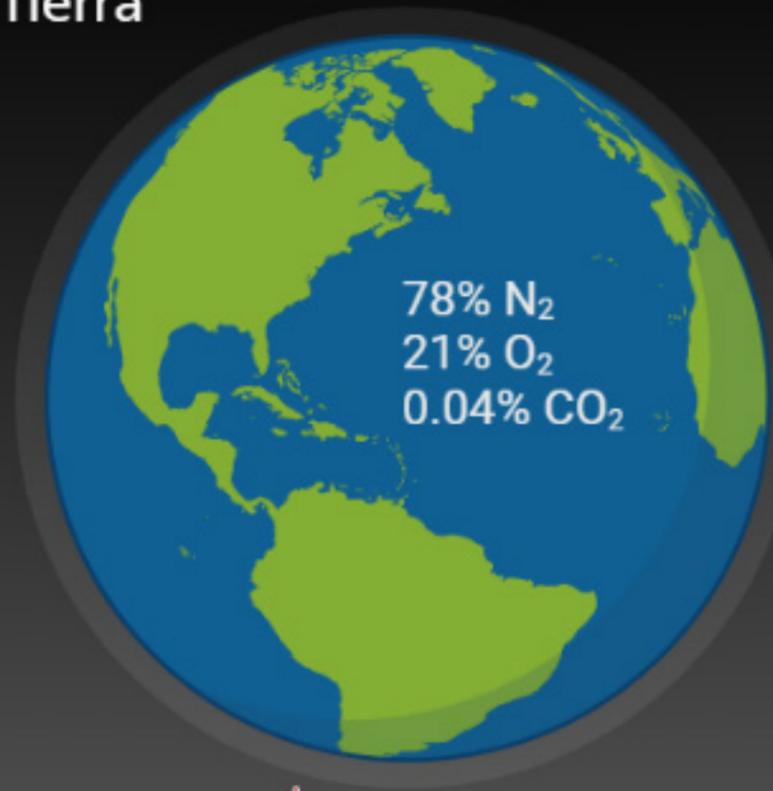
Las microalgas y cianobacterias podrían ofrecer una alternativa atractiva para la generación de recursos para la vida fuera de la Tierra [4], estos microorganismos se encuentran prácticamente en todos los ecosistemas terrestres, habitando desde aguas saladas de mares y océanos, agua dulce de ríos y lagos, arena de desiertos, pozas termales, glaciales y nieve. Su capacidad de poblar diferentes ambientes es posible gracias a que requieren

pocos elementos para vivir, prácticamente una fuente de luz, agua, dióxido de carbono y algunos micronutrientes. Al igual que como ocurre en las plantas, las cianobacterias y microalgas realizan procesos de fotosíntesis, por lo que se les denomina microorganismos fotoautótrofos, utilizan la luz para fijar el dióxido de carbono y convertirlo en biomoléculas orgánicas, como lípidos, proteínas, vitaminas, pigmentos, carbohidratos, entre otros. A diferencia de las plantas, la fotosíntesis es 10 veces más eficiente en las microalgas, además éstas pueden cultivarse en espacios pequeños con luz artificial, lo que las hace ideales para ser utilizadas en misiones espaciales donde el espacio y los recursos son limitados [4].

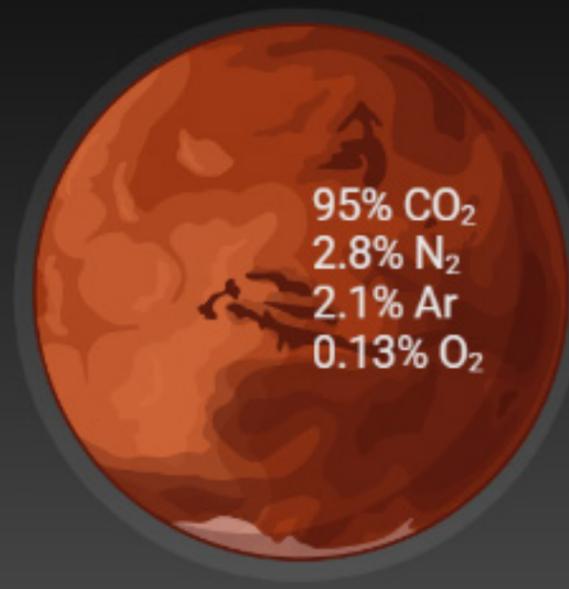
Desde hace aproximadamente 60 años ha sido estudiado el crecimiento de microalgas en condiciones controladas en el espacio. La primera microalga en viajar al espacio fue *Chlorella pyrenoidosa*, a partir de este estudio se demostró que las condiciones de microgravedad no afectan su crecimiento, abriendo la puerta para la incorporación de otras microalgas como especies de *Nostoc*, *Arthrospira platensis*, *Euglena gracilis* y *Chlamydomonas reinhardtii* y recientemente cianobacterias [4].

Chlamydomonas reinhardtii es la microalga más estudiada hasta el momento, ha sido modelo de estudio para diversos procesos celulares entre ellos la fotosíntesis y el ciclo celular. Actualmente sus genomas han sido secuenciados (núcleo, mitocondria y cloroplasto), y es posible manipular tanto su genoma nuclear como el del cloroplasto [5]. Haciendo posible que *Chlamydomonas* sea empleada como plataforma para la producción de diversos compuestos de interés farmacológico, alimenticio e industrial. Recientemente, *Chlamydomonas* fue la primera microalga incluida por la NASA (National Aeronautics and Space Administration, E. U. A.) en bases de datos de acceso libre, que permite tener disponible la información genómica, proteómica,

Tierra



Marte



Created in BioRender.com

epigenética, transcriptómica y metabolómica de su comportamiento en condiciones de microgravedad en el espacio [6], lo que facilitará el desarrollo de estrategias y futuras investigaciones que ayuden a mejorar las condiciones para la producción de compuestos de interés bajo condiciones fuera de la tierra.

Chlamydomonas, como muchas otras microalgas, es considerada un organismo GRAS (Generally Recognized as Safe) por la FDA (Food and Drug Administration, E. U. A.), es decir, su consumo puede ser seguro y sin riesgo para la salud [5]. Dado lo anterior, podría ser el vehículo para la producción de fármacos recombinantes, vacunas comestibles, biomasa y suplementos alimenticios, incluyendo vitaminas, antioxidantes y ácidos grasos, que pueden ser vitales para la supervivencia de la vida humana por periodos largos en el espacio. Actualmente en microalgas se han producido una

gran diversidad de compuestos farmacológicos que incluyen vacunas contra cólera, hepatitis B, anticuerpos contra oncoproteínas del virus del papiloma humano, influenza H1N1 [8], entre otras.

Además, gracias a que se cuentan con herramientas moleculares para la manipulación y reprogramación del metabolismo de *Chlamydomonas*, ha sido posible la producción de biocombustibles, pigmentos y bioplásticos, que sin duda son materia prima para la producción de energía, herramienta, vestimenta, infraestructura, entre otros requerimientos indispensables para la vida.

Aunque por el momento estas investigaciones están en desarrollo, podrían funcionar en un futuro no muy lejano como una fuente sustentable de insumos para la vida en el espacio. [iBio](#)

Microalgas: Biofábricas para sustentar la vida en el espacio



Referencias

- [1] Ramesh, S. (2022). Uncovering the New Mysteries of Our Universe: The Origins of the James Webb Space Telescope. *Berkeley Scientific Journal*, 26(2). <https://doi.org/10.5070/BS326258279>
- [2] Morgan, G. A., Putzig, N. E., Perry, M. R., Sizemore, H. G., Bramson, A. M., Petersen, E. I., ... & Campbell, B. A. (2021). Availability of subsurface water-ice resources in the northern mid-latitudes of Mars. *Nature Astronomy*, 5(3), 230-236. <https://doi.org/10.1038/s41550-020-01290-z>
- [3] Liu, L. G. (2022). Water on/in Mars and the Moon. *Terrestrial, Atmospheric and Oceanic Sciences*, 33(1), 1-6. <https://doi.org/10.1007/s44195-022-00001-7>
- [4] Mapstone, L. J., Leite, M. N., Purton, S., Crawford, I. A., & Dartnell, L. (2022). Cyanobacteria and microalgae in supporting human habitation on Mars. *Biotechnology Advances*, 107946. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2022.107946>

- [5] Salomé, P. A., & Merchant, S. S. (2019). A series of fortunate events: introducing *Chlamydomonas* as a reference organism. *The Plant Cell*, 31(8), 1682-1707. <https://doi.org/10.1105/tpc.18.00952>
- [6] Zhang, J., Müller, B. S., Tyre, K. N., Hersh, H. L., Bai, F., Hu, Y., ... & Settles, A. M. (2020). Competitive growth assay of mutagenized *Chlamydomonas reinhardtii* compatible with the international space station veggie plant growth chamber. *Frontiers in Plant Science*, 11, 631. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00631>
- [7] Rasala, B. A., & Mayfield, S. P. (2011). The microalga *Chlamydomonas reinhardtii* as a platform for the production of human protein therapeutics. *Bioengineered bugs*, 2(1), 50-54. <https://doi.org/10.4161/bbug.2.1.13423>
- [8] Ramos-Vega, A., Angulo, C., Bañuelos-Hernández, B., & Monreal-Escalante, E. (2021). Microalgae-made vaccines against infectious diseases. *Algal Research*, 58, 102408. <https://doi.org/10.1016/j.algal.2021.102408>

ConCiencia

Código de barras de ADN

¿El futuro pokédex del zooplancton?

Marco Antonio Jiménez-Santos^{1*}

Michael Anai Figueroa-Sánchez²

¹Biology Centre CAS, República Checa

²COMECyT, FES Iztacala UNAM, México

*marco.santos@upb.cas.cz

Satoshi Tajiri fue conocido como el Dr. Insecto, ya que en su infancia jugaba fuera de casa y se fascinaba con los insectos que encontraba a su alrededor. Colectar *bichos* fue su inspiración para desarrollar un videojuego con la tarea de capturar *monstruos*, esto derivó en la franquicia Pokémon [1]. En biología aún es indispensable: conocer, identificar y catalogar a los seres vivos, esos pequeños y grandes *monstruos* que hoy llamamos especies. Hasta la fecha conocemos más de 1 millón y cada año se descubren más.

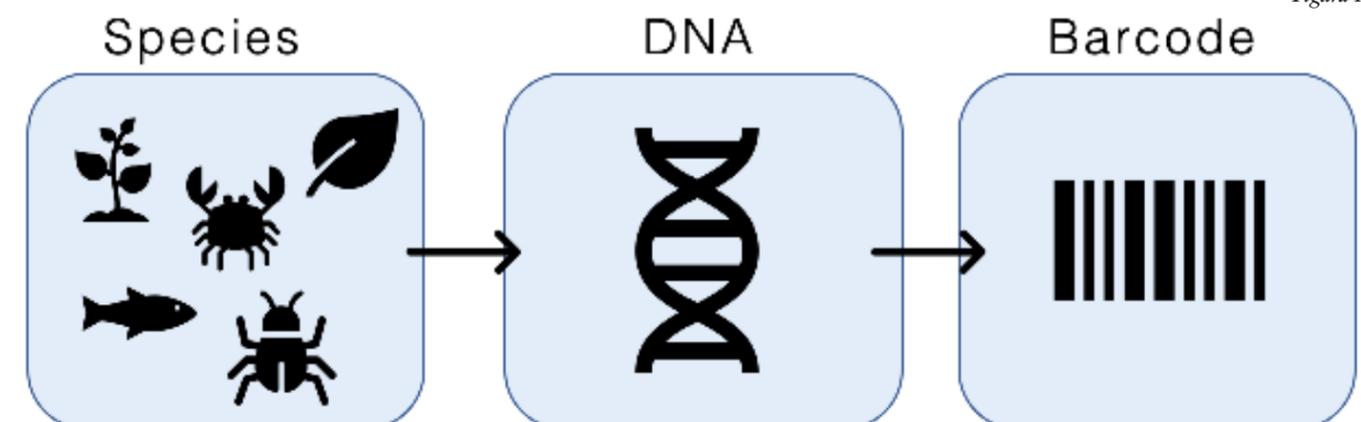
En la serie Pokémon, el pokédex es un dispositivo que brinda información sobre los monstruos que encuentran durante las aventuras de los personajes. Por consiguiente, surge la pregunta ¿en la vida real podrá existir una forma fácil, rápida y automática de reconocer a las especies? En realidad, estamos más cerca de conseguirlo gracias al ADN y la bioingeniería.

El ADN y ARN son la base para la formación de aminoácidos y proteínas, estas moléculas están formadas por nucleótidos llamados Adenina, Guanina, Timina, Citosina y Uracilo; abreviados como A, G, T, C y U (la sopa de letras de la vida). La combinación de estas letras es como un libro de cocina que se compone de múltiples recetas (genes), con ingredientes e instrucciones

para el desarrollo de los ojos, dedos, corazón, la piel, etcétera. Por ejemplo, durante la respiración participan unas proteínas que derivan de un gen en particular (gen del citocromo), sus nucleótidos se comparten entre humanos, chimpancés, ratones, peces y otros animales microscópicos, aunque con algunas diferencias; siguiendo la analogía anterior, cada especie es el resultado de una receta que se ha preparado de diferentes formas con el paso del tiempo y esas letras podrían representarse como un código de barras de la vida (figura 1).

¿Cómo se obtienen las letras de los nucleótidos en el código de barras del ADN? A grandes rasgos se compone de cuatro pasos: 1) se extrae el ADN de las células, 2) con un gen de referencia (cebador o primer) se aísla una secuencia de nucleótidos del ADN y se obtiene en grandes cantidades mediante su clonación, 3) se procesa el material obtenido anteriormente para “leer” cada nucleótido del gen y generar un documento con todos los nucleótidos (véase a detalle en: <https://youtu.be/TalHTjA5gKU>), 4) se buscan similitudes o diferencias con datos ya publicados. Cuando no hay datos o artículos para comparar, se puede proponer la descripción de las especies conocidas, así como darles nombre a otras [2].

Figura 1



Generalmente, para lograr esto se utiliza equipo que hasta hace unos años era costoso y voluminoso, pero que hoy, gracias a la tecnología, podemos acceder a ellos de forma más accesible. Se han creado equipos del tamaño de la palma de la mano, como los equipos Bento Lab y MinION (figura 2) que aún se encuentran en desarrollo. Estos equipos podrían ser de gran utilidad para los buscadores de bichos al aire libre, como todos unos maestros Pokémon.

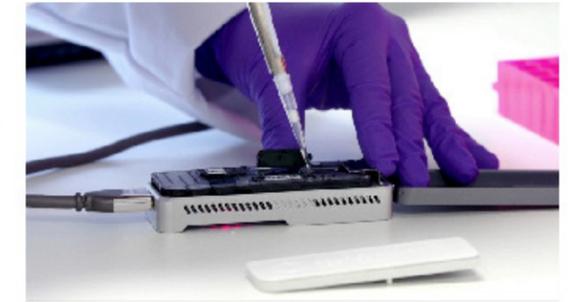
Así como Satoshi Tajiri y su interés por los insectos, el interés de los autores de este escrito por la biología va encaminada a los bichos acuáticos. En los ecosistemas acuáticos existen una gran variedad de animales, plantas, bacterias, hongos, entre otros; también se puede encontrar pequeños e importantes grupos como el zooplancton (animales microscópicos que miden entre un par de milímetros hasta 20 micrómetros, es decir dividiendo un milímetro en mil). Estos grupos son importantes en las redes alimenticias, ya que se alimentan del fitoplancton (microalgas) las cuales si no son controladas pueden llegar a crecer en exceso y provocar malos olores, cambios en el color del agua o incluso disminuir el oxígeno de los peces y otros organismos; y esto ocasiona que el agua sea de mala calidad. El zooplancton a su vez sirve de alimento a peces y a una gran variedad de larvas de insectos y otros depredadores [3].

Por lo que nos llegamos a preguntar ¿el uso del código de barras de ADN ayudaría en la identificación de especies del zooplancton? Se han descrito diversos casos donde el ADN ayuda en la identificación de especies y todo apunta a una subestimación de hasta siete veces [4]. El código de barras se ha aplicado ampliamente en los rotíferos, zooplancton importante en la acuicultura de peces y almejas de consumo humano, así como para la acuariofilia.

El rotífero *Brachionus plicatilis* es una especie muy estudiada, acuicultores e investigadores desde los años 80 notaron que algunos animales diferían en su tamaño y con estudios detallados lo separaron primero en dos y luego en tres especies (figura 3). Las diferencias entre especies son sutiles a simple vista, sin embargo, actualmente y después de análisis tradicionales de su forma, comportamiento, ecología, reproducción y del ADN, ahora se reconocen hasta quince especies, aunque se cree que podrían ser más de treinta [5]. Entonces, si en el



Bento lab



Secuenciador MinION

Figura 2

zooplancton se conocen cerca de 6000 especies y concluyendo que las estamos subestimando, el número total podría llegar a ser mucho mayor. No obstante, el código de barras aún está en desarrollo para muchos de estos organismos microscópicos.

El avance biotecnológico para identificar a las especies de manera rápida y eficaz permitirá conocer especies únicas e importantes para su conservación que, ante las múltiples amenazas como la contaminación y el cambio climático, se encuentran en riesgo. El uso del código de barras de la vida parece ser una buena herramienta en el caso de los ecosistemas acuáticos, aunque aún falta mucho por explorar y comprender. Ya que la Tierra está llena de vida, en algún momento la gente podrá interactuar más con la naturaleza e ir en busca de estos pokémon de la vida real con la pokédex en la mano, lo cual pondrá en perspectiva su valor, lo especial que es este planeta y lo frágil que pueden ser los ecosistemas tan importantes como ríos, lagos y mares, de los cuales depende nuestro bienestar. [doi:10.1007/s10841-017-9999-9](https://doi.org/10.1007/s10841-017-9999-9)

Referencias

- [1] TIME asia. (1999). The Ultimate Game Freak. Time Asia, vol. 154, no. 20, 11.
- [2] Fontaneto, D., Flot, J.-F. y Tang, C. O. (2015). Guidelines for DNA taxonomy, with a focus on the meiofauna. Marine Biodiversity, vol. 45, pp. 433-451.
- [3] Conde-Porcuna, J. M., Ramos-Rodríguez, E. y Morales-Baquero, R. (2004). El zooplancton como integrante de la estructura trófica de los ecosistemas lénticos. Ecosistemas, vol. 13 (2).
- [4] Tang, C. Q., Leasi, F., Obertegger, U. y Fontaneto, D. (2012). The widely used small subunit 18S rDNA molecule greatly underestimates true diversity in biodiversity surveys of the meiofauna. PNAS, pp. 16208-16212.
- [5] Mills, S., Alcántara-Rodríguez, J. A., Ciroso-Pérez, J., Gómez, A., Hagiwara, A., Galindo, K. H., Jersabej, C. D., Malekzadeh-Viayeh, R., Leasi, F., Lee, J.-S., Welch, D. B. M., Papakostas, S., Riss, S., Segers, H., Serra, M., Shiel, R., Smolak, R., Snell, T. W., Stelzer, C.-P., Tang, C. O., Wallace, R. L., Fontaneto, D. y Walsh, E. J. (2017). Fifteen species in one: deciphering the *Brachionus plicatilis* species complex (Rotifera, Monogononta) through DNA taxonomy. Hydrobiologia, vol. 796, pp. 39-58.

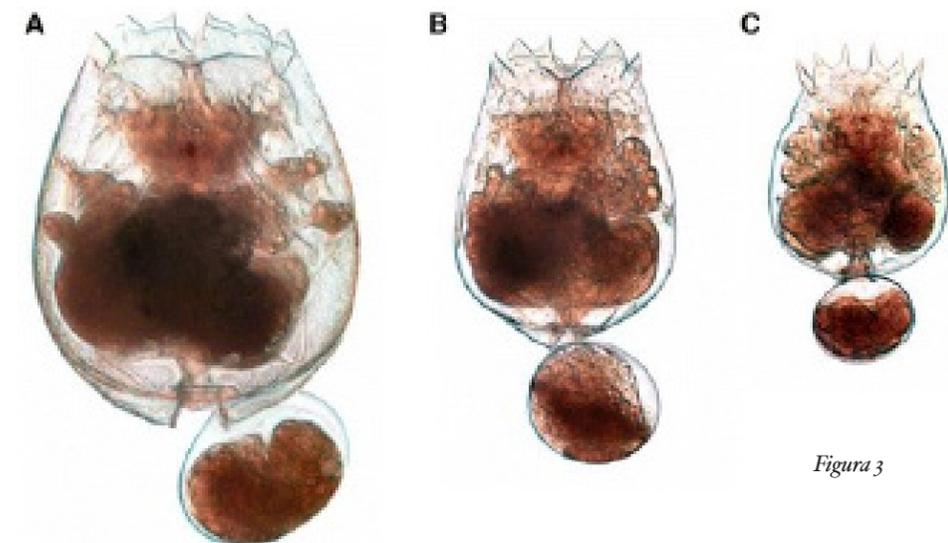


Figura 3

¿Y ahora

qué?



La respuesta correcta

Marcos Iván González Jaime

Laboratorio de Biotecnología Molecular de Posgrado – UPIBI
marcos.gzlz.j@gmail.com

Aquella ruta trazada en la que sabías qué etapa seguía: De primaria a secundaria, de secundaria a prepa y de prepa a universidad. Parecían ser pasos casi seguros.

Quizá fue hasta las últimas etapas donde comenzabas a tomar decisiones para lo que pretendías que fuera tu futuro... Lo confuso que fue decidir qué estudiar. Quizá no tenías la certeza de qué era lo que más te apasionaba o para lo que tenías mayor talento. Podría usarme de ejemplo, y contarte cómo mi primera opción fue Biotecnología y mi segunda Arquitectura - no te costará trabajo adivinar en cuál quedé -. Pero incluso esa duda me persiguió casi hasta la mitad de la carrera. Volviendo a este momento: ¿por qué ahora que estás terminando pareciera haber mucha más incertidumbre? Simplemente puede ser por una idea engañosa que te creíste hace tiempo.

Seguramente te has cuestionado si te gustaría industria o investigación. ¿En dónde podrías trabajar? Si estarás en un laboratorio, en

una oficina o en una fábrica. Peor aún si te has hecho aquella pregunta tan conflictiva de ¿qué me gusta realmente? Podríamos intentar desenredar ese hilo de dudas, pero primero necesitas calmarte. Piénsalo bien, llevas casi dos décadas entrenándote para encontrar la respuesta correcta a cada pregunta que te ponen enfrente, aun después de todos los incontables exámenes que resolviste. Y justo aquí es donde está el engaño, pues a estas alturas no existe una respuesta correcta o incorrecta en lo que respecta a tu futuro (asumiendo que no estás pensando en nada ilegal por supuesto).

Una de las trampas más importantes es creer que la siguiente decisión determinará tu camino, como si elegir entre hacer una maestría o entrar a una empresa se tratara de elegir entre el éxito o fracaso, sea cual sea tu definición personal. A partir de este momento el camino se vuelve de exploración. Necesitas experimentar, conocer y probar. Ya no hay calificaciones que te digan si vas bien o mal, porque será durante el camino cuando te vayas dando cuenta cómo te sientes y qué es lo





que te gusta. Tus guías de estudio ahora serán la observación y la paciencia.

Elige sin tanto miedo por dónde empezar, pues aquí viene otra trampa en la que has caído. Es mentira que si decides un camino no podrás cambiarlo más adelante. La opción de hacer un posgrado no te pondrá en una verdadera desventaja si después te quieres incorporar al campo laboral, así como trabajar no te quita la oportunidad de inscribirte a una Maestría o un Doctorado en algún otro momento. Siempre podrás cambiar tu rumbo. Aunque no te pueda dar el porcentaje exacto, puedes creerme cuando te digo que somos mayoría aquellas personas que terminamos en un camino distinto al que iniciamos y fue gracias al cambio de opinión que logramos estar cada vez más cerca de lo que nos llena.

En algún punto tendremos que comenzar con esa búsqueda, así que cuando consigas tu primer empleo no te desanimes si no es lo que te habías imaginado (piensa que no todo el mundo puede tener tanta suerte). No necesariamente tomaste la opción equivocada. Observa lo que te agrada o desagrada, sé paciente en conocer cómo funciona esa dinámica, esfuérate en aprender lo que vayas identificando que te gusta o que te beneficia. Inevitablemente encontrarás ese trabajo que económica y emocionalmente te satisfaga, pero solo se logrará con tiempo y experiencia.

Si hablamos del camino de la ciencia, hay mucho que contar, pero lo que por ahora debes saber es que su intensidad termina envolviéndote. Tendrás que enfocarte en los detalles y en las pequeñas emociones diarias que te impactan, abriéndose ante ti un mundo en el que el trabajo

duro y la disciplina se vuelven tus mejores herramientas. Lo que aprendes ahí a un nivel personal, lo puedes trasladar a cualquier otro camino. Es cierto que la investigación no suele ser para todas las personas, pero jamás dudes en que vale completamente la pena y lo que adquieres se vuelve demasiado valioso fuera del laboratorio.

Ahora quizá sea conveniente hablar de un caso que puede llegar a ser frustrante, así que te pido que comiences a verlo con un poco más de comprensión: No tienes que ser tan cruel contigo, el que hayas estudiado esa carrera no quiere decir que tenga que estar vinculada a lo que te quieras dedicar. No está mal que no te guste y mucho menos pienses que fue una pérdida de tiempo, ya que gracias a ello creciste demasiado como persona, adquiriste la habilidad de aprender rápidamente, conociste a las personas que quizá sean de las más importantes de tu vida, y experimentaste una diversidad enorme de perspectivas. Ningún esfuerzo es en vano, pero es importante que dejes de verlo con ese estigma para que puedas aprovechar lo que esa experiencia te dejó.

Espero que haya quitado uno que otro nudo de esa confusión, pero me parece importante decirte que tan solo platicamos de unos cuantos casos. Son incontables los caminos disponibles. De hecho, son tan variados como la diversidad de personas que conoces. No todo se resume a los tres caminos más comunes en tu mente: seguir siendo estudiante, convertirse en un godín o poner un negocio. Hay muchos otros que aún no has vislumbrado, pero te garantizo que en cuanto decidas comenzar a explorar sabrás a qué me refiero. [ibio](#)

¿Y ahora qué?

Tania Rivera Hernández
CONACyT- IMSS
tania.riverahernandez@gmail.com

Después de un par de semestres de haber iniciado la carrera de Ingeniería Biotecnológica en laUPIBI, supe que quería desarrollarme en el campo de la vacunología. Me acerqué a profesores de la carrera para pedir consejo de lugares donde pudiera realizar mi proyecto terminal y donde pudiera adquirir conocimiento que, a largo plazo, me fuera útil en ese campo. Fue así como llegué al laboratorio del Dr. Jaime Ortega en el departamento de Biotecnología y Bioingeniería del CINVESTAV. Ahí aprendí técnicas de Biología Molecular y producción de proteínas recombinantes, pero creo que tal vez lo más relevante fue aprender a leer artículos científicos y de esa forma, explorar el tipo de investigación que se realizaba en otras partes del mundo.

Fue así como identifiqué un grupo de investigación en Australia en donde se trabajaba con dos cosas que me apasionaban: la ingeniería de proteínas y el desarrollo de vacunas. Me acerqué al Dr. Ortega buscando su consejo, y sin dudarlo, me motivó e impulsó para que comenzara el proceso de admisión al programa de Doctorado en la Universidad de Queensland en Australia. Con mucho miedo y planes de contingencia en caso de que no fuera aceptada, contacté a quien más tarde se convertiría en mi tutor de Doctorado. Después de una entrevista, él me aceptó en su grupo de investigación, y posteriormente realicé mi trámite de admisión a la universidad y por último la solicitud de una beca de CONACyT.

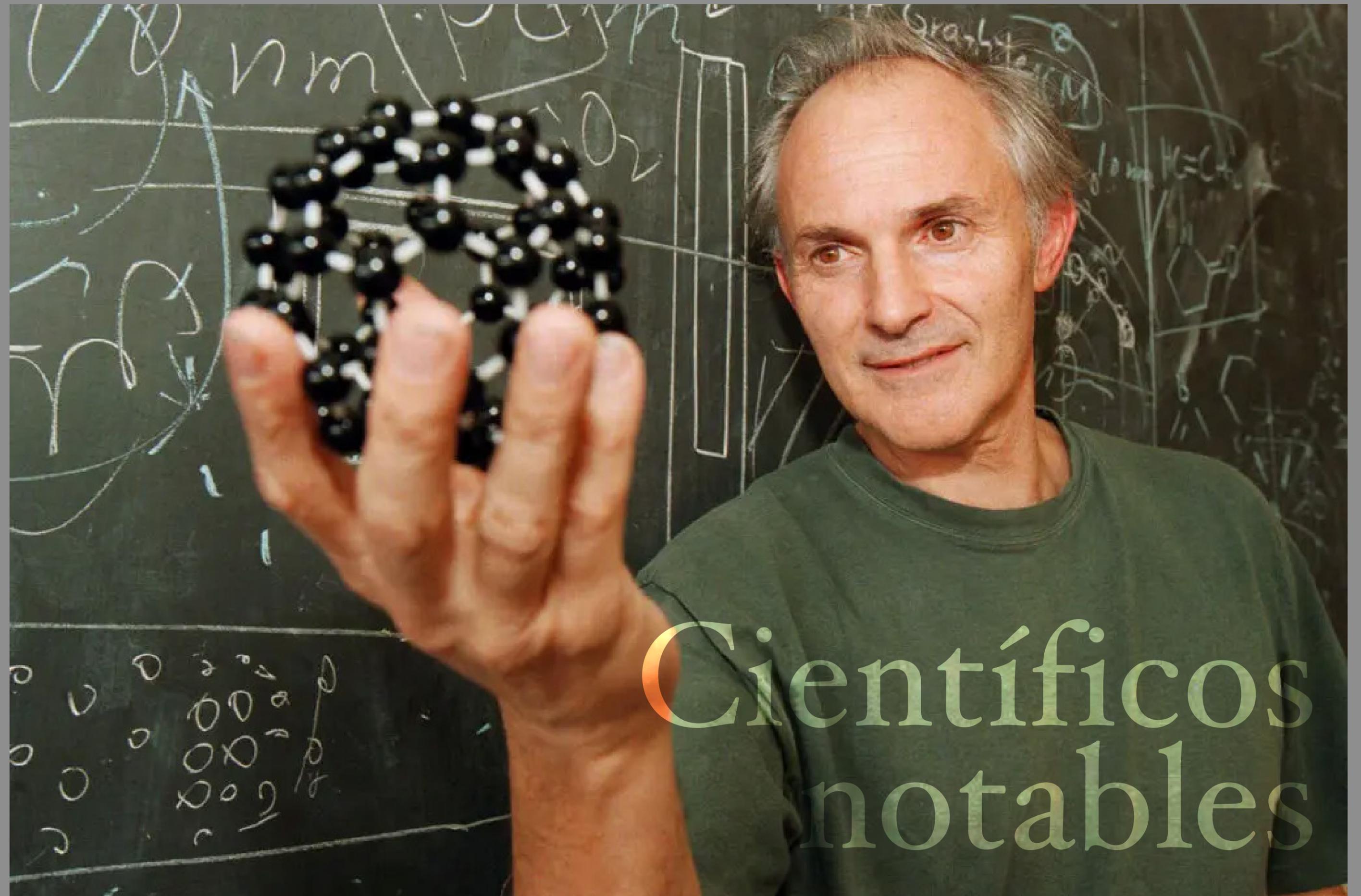
Después de muchos trámites, por fin partí a Australia a realizar mis estudios de Doctorado y durante cuatro años viví experiencias que nunca me imaginé, dentro y fuera del laboratorio. Debo aceptar que el inicio no fue fácil; estar lejos de familia y amigos y adaptarse a una cultura nueva y diferente fue un gran reto. La vida en el laboratorio fue de mucho trabajo, pero acompañada de amigos que hasta la fecha atesoro y admiro. En el ámbito profesional tuve oportunidad de desenvolverme en

un campo interdisciplinario que nutrió mi gusto por la vacunología. Hacia el final de mi Doctorado apliqué para tomar un curso de vacunología en el Instituto Pasteur, el cual amplió mi perspectiva del campo y me motivó a seguir desarrollándome en el mismo.

Después de terminar el Doctorado, yo deseaba regresar a México. Sin embargo, las oportunidades eran muy limitadas. Se presentó la oportunidad de realizar un posdoctorado y después un segundo, ambos en Australia. Durante los mismos, tuve la fortuna de trabajar con investigadores que me apoyaron y me otorgaron independencia para realizar el tipo de investigación que a mí me interesaba. Realicé estancias de investigación en la Universidad de Emory (EU) y pude establecer colaboraciones con grupos de investigación de otros países como Suecia y el Reino Unido. Colaboraciones que hasta la fecha siguen vigentes.

Durante todo ese tiempo no quité el dedo del renglón y seguí intentando regresar a México. Contacté a muchos investigadores buscando oportunidades, recibiendo negativas constantemente y en ocasiones consejos de que dejara de intentarlo. Después de seis años de intentar regresar y casi once de vivir en Australia, pude regresar a México con una Cátedra CONACyT. Tuve la fortuna de encontrar un laboratorio en el que la Inmunología y el desarrollo de vacunas son el pilar de la investigación que se lleva a cabo ahí.

No cabe duda de que los retos para realizar investigación en México son enormes y en ocasiones inimaginables, pero el potencial es enorme y trabajar en mi país, en especial con jóvenes entusiastas por aprender, me brinda una satisfacción enorme. Mi camino ha estado influenciado por excelentes mentores, quienes no necesariamente fueron mis jefes, y quienes me han guiado y han ofrecido opiniones honestas, y es una gran fortuna ahora poder llamarlos mis colegas. [ibio](#)



Científicos
notables

Harold Kroto

El descubrimiento del Fullerenos

Harold Walter fue un icónico investigador propulsor vital en el desarrollo de la nanociencia del carbono o alotropía del carbono. Nació en Inglaterra en el año 1939, se graduó en la Universidad de Sheffield en 1961, obteniendo su doctorado años más tarde en 1964. Fue miembro de la Royal Society of Chemistry en 1981, durante sus estudios recibió el Premio Nobel de Química en 1996 por sus investigaciones y avances en la química orgánica. Fue en esa década que Harold mostraba al mundo una nueva forma alotrópica del carbono, dando a lugar una estructura de 60 carbonos llamada Fullerenos, esto con ayuda de los científicos Smalley y Curl. Además del premio anterior mencionado también fue reconocido por el “International Prize for New Materials”, el premio “Hewlett Packard Europhysics” y la medalla Longstaff en 1993. Sir Harold nombrado así por la reina Isabel II en 1996 no solo era un científico excepcional, en múltiples ocasiones mencionó en diversos medios que su pasión eran las artes como lo es el diseño de logotipos, apasionado y además solidario a la creatividad catapultó dichas cualidades en las ciencias decidiendo seguir ese rumbo [1].

El descubrimiento significó más que solo eso, con este estudio se inauguraba un área de trabajo completamente desconocida para las ciencias orgánicas, complementando el desarrollo de los llamados Nanomateriales del carbono. Hablando de los puntos primordiales se sabe que gracias a las formaciones de enlace que puede presentar el carbono, la estructura y conformación tiene lugar diferentes alótropos de este como lo es el diamante, el grafito o grafeno [2]. El ordenamiento molecular da como resultado las propiedades y cualidades del material, para lograr generar alguno de los anteriores en su síntesis es necesario generar presiones muy altas. Los fullerenos tienen diversas formaciones las cuales

Mary Keiby Hernández Trejo^{1*}
Santiago José Guevara Martínez²
¹Universidad de Especialidades UNE.
²Universidad de Guadalajara
*keibytrejo066@gmail.com

pueden ser C_{70} , C_{76} , C_{84} siendo el más común C_{60} [3] que consta de 12 pentágonos y 20 hexágonos, cada carbono está hibridado a tres carbonos más en sp^2 [4].

Su cualidad más característica es la simetría que presenta tanto en rotaciones de eje, así como en reflexiones en el plano, la estructura tiene un diámetro de 7-15 Å [5], pueden ser estables incluso a temperaturas muy elevadas o bajas. La molécula en su totalidad es muy electronegativa y es fácilmente formador de enlaces con metales alcalinos. Comercializado en grandes cantidades se sabe que existen diversas formas para su síntesis, las más comunes son sublimar grafito con un láser mientras que la otra consta en hacer un arco eléctrico mediante electrodos de grafito. El Fullerenos también llamado buckyball, es una estructura tridimensional que mantiene propiedades electroquímicas y fotoeléctricas.

Se describe un futuro prometedor en el campo de la medicina y en el desarrollo de materiales innovadores, los carbonos que mantienen un acomodo espacial bis, tris, tetrakis y pentakis [6] han sido fuente de estudio debido a las propiedades electrónicas en aplicaciones metalorgánicas. Algunos ejemplos de su uso son la conversión de energía solar, inhibidores del crecimiento bacteriano, formación de materiales híbridos poliméricos para formar recubrimientos en superficies, además al exponer las moléculas del C_{60} a ondas intensas como la luz ultravioleta logra polimerizarse con esferas cercanas. Otra forma de uso es en la catálisis de reacciones químicas, esto gracias a sus propiedades donadoras yceptoras de electrones logrando así sustituir solventes caros o tóxicos. La estructura del fullerenos también da a lugar la producción de nanotubos de carbono ampliamente utilizados en la industria electrónica [7].

Los trabajos realizados por el Dr. Harold y su trayectoria fueron sin duda excepcionales

generando así un nuevo mundo en el arte de la ciencia del carbono ofreciendo áreas por explorar, que incluso hoy en día se pueden desarrollar inéditos conocimientos dándole distintos usos al fullerenos con el propósito de mejorar la calidad de vida en los humanos, el Dr. Harold falleció en el año 2016 a la edad de 76 años, pero el arduo camino que trazó en la química prosperará por siempre. *ibio*

Referencias

- [1] The University Of Sheffield, 2021. Sir Harry Kroto, The University of Sheffield <https://www.sheffield.ac.uk/kroto>.
- [2] Yan W., Seifermann M, Pierrat P, Bräse S., Synthesis of highly functionalized C_{60} fullerene derivatives and their applications in material and life sciences. *Organic & Biomolecular Chemistry*, 2015. 25-54.
- [3] Vasilevna O., Ortiz U., La estructura del fullerenos c_{60} y sus aplicaciones, *Ciencia UANL*, 2002. pp. 475-479.
- [4] Austin S. J., Fowler P. W., Manolopoulos D. E., Orlandi G., Zerbetto F., Structural Motifs and the Stability of Fullerenes. *American Chemical Society*, 1995. 8076-8081.
- [5] Zheng, L.A.; Lairson, B.M.; Barrera, E.V.; Shull, R.D., Formation of nonmagnetic thin films by dispersed fullerenes, *Applied Physics Letters*, 2000. 3242-3244.
- [6] Lamparth I., Hirsch, J.A., *Chem. Soc., Química. Comun.*, 1994, 1727-1728.
- [7] Urquiza M. Fullerenos, *Física Atómica y Materia Condensada* 2018.

