

Revista de
divulgación
científica

iBIO

Biotechnología a la vanguardia



Comunidades
microbianas en
acción

Revista de divulgación científica iBIO,
Año 8, No. 2, julio 2026 - octubre 2026,
es una publicación electrónica cua-
trimestral. Insurgentes norte 1260
509, Capultitlán, Gustavo A. Madero
CP:07370, Ciudad de México, México.
Página electrónica de la revista: [www.
revistaibio.com](http://www.revistaibio.com) y dirección electróni-
ca: jessica.sanchezvarg@gmail.com.
Editor responsable: Jessica Sánchez
Vargas. Certificado de Reserva de De-
rechos 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 actualiza-
ción de este número: Dra. Jessica
Sánchez Vargas. Fecha de última mo-
dificación: 24 de junio de 2026. Tama-
ño del archivo: 28.5 MB.

Los derechos de publicación y distri-
bución de los artículos pertenecen a la
Revista de divulgación científica iBIO.
Los artículos se publican bajo un li-
cenciamiento de tipo:

Reconocimiento - No Comercial - Sin
Obra Derivada (CC BY-NC-ND 4.0).

Se permite el autoarchivo o depó-
sito de los trabajos en su versión
post-publicación (versión editorial) en
cualquier repositorio personal, insti-
tucional o temático, así como redes
sociales o científicas.

Imagen de portada creada con Goo-
gle Gemini (versión Gemini 3.5 Flash,
2026).

Directorio

Editor en jefe

Jessica Sánchez Vargas

Editor subjefe

Isauro Guzman Cortez

Editores asociados

Viridiana W. Velázquez Vázquez

Briseida Flores Tufiño

Olga B. Benítez López

Francisco J. Valdés Parada

Jesús Torres Rizo

Claudia Sinahi Ortega Aguilar

Ana Isabel Cota Magaña

Alejandro Lara Meléndez

Galerado

Jessica Sánchez Vargas

Francisco J. Valdés Parada

Redes sociales

Bryan A. Polito Palma



revistaibio.com



[/revista.ibio](https://www.facebook.com/revista.ibio)



[ibio.revista](https://www.instagram.com/ibio.revista)

Contenido

Artículo	Pág.	Dificultad de la lectura
Hot Science		
Mucinas: ¿Los guardianes invisibles del organismo? <i>Jayro Javier Salas-Ibañez, Marisa Hernández-Barrales, Jorge Luis Ayala-Luján</i>	5	
El alimento del futuro: ¿estás listo para comer insectos? <i>Victoria Lizeth Cano-Tovar, Mayela Govea-Salas, Araceli Loredó-Treviño</i>	12	
Chiquitas pero picosas: las nanopartículas en la biotecnología vegetal <i>Karla Yunuen Trueba-Sánchez, María Teresa González-Arno</i>	18	
Biosorción de cobre: El poder de las bacterias para reestablecer ambientes contaminados <i>Meliza Jiménez Rivero, Kadiya Calderón, Luis Fernando Enríquez Ocaña</i>	24	
Farmacología de redes: los β -glucanos como moduladores de redes biológicas <i>Juan José Romero-Tovar, Jorge Vargas-Almaraz</i>	29	
De orugas a vacunas: cómo se producen vacunas con células de insecto y baculovirus <i>Francisca Villanueva-Flores, Igor García-Atutxa</i>	36	
La ciudad como laboratorio <i>Miguel Ángel Reyes-López, Carlos Machain-Williams, Francisca Villanueva-Flores</i>	43	
Algoritmos Vs Virus <i>Lucio Nájera-Maldonado, Cristian G. Delgado-Corona, Francisca Villanueva-Flores</i>	50	
¿Cómo funciona?		
Aliados en la agricultura: El ABC del control biológico en México <i>Víctor Manuel Rodríguez-Romero</i>	57	
Explorando datos abiertos en biomedicina: Una introducción práctica al uso de GEO y GEO2R <i>Camila Fernanda Cunha-Brandao, Yan Leo Melo-Vieira, José de Jesús Martínez-González</i>	62	
Algoritmos genéticos: de la teoría evolutiva a la eficiencia industrial <i>Byron Cristian Guzmán-Marín, Ailén Dumont-Viollaz</i>	72	
Arte en ciencia e ingeniería		
La ciencia: Asíntota de la realidad <i>Francisca Villanueva-Flores</i>	79	
Del matraz a la clínica: historia de una nanopartícula magnética <i>Francisca Villanueva-Flores, Ashley J. Gutierrez-Onofre, Igor García-Atutxa</i>	84	
La travesía de <i>Azotobacter vinelandii</i> : una aventura llena de cambios <i>Iliana Chantal Martínez-Ortiz, Francisca Villanueva-Flores</i>	88	

Artículo	Pág.	Dificultad
Científicos notables		
Rosa María del Ángel: método, paciencia y ciencia mexicana frente al dengue <i>Ashley J. Gutierrez-Onofre, Iliana Chantal Martínez-Ortiz, Francisca Villanueva-Flores</i>	93	
Susana López Charretón: La detective de los virus <i>Juan A. Juarez-Antonio, Francisca Villanueva-Flores</i>	97	
Concientifica		
Des-extinción de especies: ¿Mito o realidad? <i>Nahum Galindo-Vargas</i>	101	
Las dos caras del secuestro de contaminantes en suelos <i>Marisol Osorio-Torres, Viridiana W. Velázquez-Vázquez</i>	107	
¿Qué tienen en común el cáncer y los bioprocesos?: El efecto Warburg <i>Rogelio Diego Gaytán-Castro, Mauricio A. Trujillo-Roldán, Norma A. Valdez-Cruz</i>	113	
Cápsulas del tiempo		
Del elefante a la bacteria del ácido butírico, todo es lo mismo <i>Norma A. Valdez-Cruz, Mauricio A. Trujillo-Roldán</i>	119	

Mucinas: ¿Los guardianes invisibles del organismo?

Mucins: The Invisible Guardians of the Body?

Jayro Javier Salas-Ibañez^{1,2*}

Marisa Hernández-Barrales²

Jorge Luis Ayala-Luján^{1,2}

¹Maestría en Ciencias Biomédicas, Unidad Académica de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Zacatecas, Zacatecas, México.

²Laboratorio de Patología y Diagnóstico Molecular, Unidad Académica de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Zacatecas, Zacatecas, México.

*Autor para la correspondencia: jayro.jsi@gmail.com

RESUMEN

Las mucinas son glicoproteínas fundamentales para la protección de los órganos y el mantenimiento de la homeostasis del organismo. Forman parte del moco, barrera que recubre distintas superficies y las protege frente a daños físicos, químicos y biológicos. Su estructura, rica en O-glicanos, les confiere funciones únicas desde la lubricación hasta la modulación de señales celulares. Aunque están presentes en condiciones fisiológicas normales, su expresión se altera en enfermedades como el cáncer, lo que las convierte en marcadores tumorales y potenciales blancos terapéuticos. El estudio de las mucinas abre nuevas oportunidades para mejorar el diagnóstico y tratamiento de diversas enfermedades.

Palabras clave: Mucinas, proteínas, cáncer.

SUMMARY

Mucins are fundamental glycoproteins for organ protection and the maintenance of homeostasis. They constitute part of the mucus, a barrier that coats distinct surfaces and protects them against physical, chemical, and biological insults. Their structure, rich in O-glycans, endows them with unique functions, from lubrication to the modulation of cellular signaling. While there are present in normal physiological conditions, their expression becomes aberrant in diseases like cancer, turning them into tumor markers and potential therapeutic targets. Research into mucins opens new opportunities to enhance the diagnosis and treatment of diverse pathologies.

Keywords: Mucins, proteins, cancer.

¿Qué son las mucinas?

Al interior de nuestro organismo, existe una diversidad de proteínas que son poco conocidas, pero llevan a cabo funciones muy importantes, que contribuyen al mantenimiento de la homeostasis. Dentro de este conjunto de proteínas se encuentran las mucinas, una amplia familia de glicoproteínas que comparte elementos estructurales en común, como la presencia de largas cadenas de azúcares de tipo O-glicanos.

La presencia de modificaciones postraduccionales como los O-glicanos es un elemento clave en todas las mucinas. Esto permite que puedan llevar a cabo una función protectora en las células contra elementos extraños o dañinos, funcionando como un filtro y actuando como primera línea de defensa en diversos tejidos y órganos.

Actualmente, se sabe que las mucinas están presentes tanto en condiciones normales como en condiciones patológicas durante el curso de diversas enfermedades. Tienen un papel clave en el mantenimiento del equilibrio, entre el entorno externo y los tejidos internos del organismo. Ya que forman parte de la capa de moco que recubre los diferentes órganos y tejidos del organismo.

Además, las mucinas se caracterizan por tener un gran tamaño molecular, que va desde 200 mil hasta 10 millones de Daltons. Algunas de estas proteínas son producidas normalmente por células especializadas conocidas como células caliciformes. Estas células son las encargadas de producir el moco que recubre los tractos respiratorio, digestivo, gastrointestinal y genitourinario.

Debido a que se expresan ampliamente a lo largo de todo el organismo, cumplen funciones que son muy esenciales. Evitando deshi-

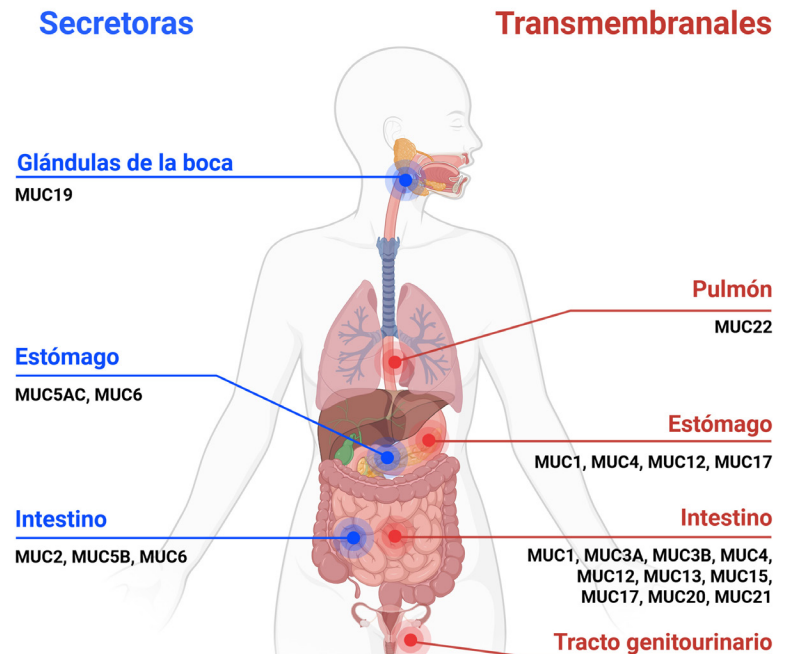


Figura 1. Clasificación principal de las mucinas en el organismo. Creada en BioRender.

dratación o daño en las células en presencia de algún tipo de daño físico o químico, y además facilitan el movimiento de partículas actuando como lubricante natural, como en el caso de la mucosa que tenemos en la nariz [1].

Clasificación de las mucinas

Hasta el momento, se han identificado 22 genes humanos que codifican para la síntesis de las mucinas, presentando una organización molecular compleja debido a su expresión variable en el organismo. Esta clasificación ha permitido entender cómo sus características estructurales y su localización determinan su función biológica, clasificándolas en dos grupos:

Mucinas secretoras. Responsables principalmente de la formación del moco, proporcionando propiedades viscoelásticas a las células epiteliales.

Mucinas transmembranales. Forman un ancla con la superficie celular, participando principalmente en procesos de señalización

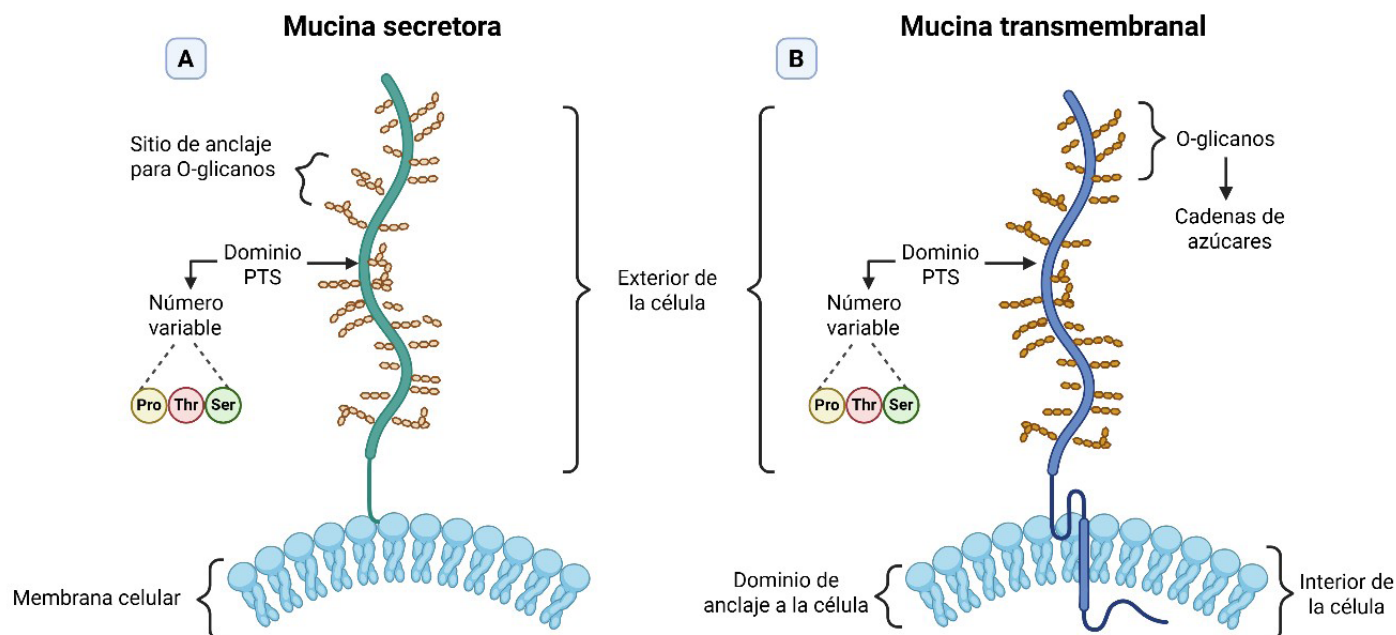


Figura 2. Comparación estructural de mucinas secretoras y transmembranales.
 A: Mucina secretora. B: Mucina transmembranal. Creada en BioRender.

celular, y además ayudan a mantener la forma y polaridad de los epitelios.

Cada mucina se identifica por el uso de la sigla MUC seguido de un número, abarcando desde MUC1 hasta MUC22. Cada una de estas proteínas cuenta con un patrón de expresión específico, ya sea en un tejido u órgano del cuerpo (Figura 1) [7].

Algunas de estas proteínas se han clasificado como mucinas atípicas, como MUC10, MUC14 y MUC18, ya que se desconoce su función en el organismo. Incluso se han identificado moléculas similares en organismos como parásitos, virus y hongos.

Principales características moleculares de las mucinas

Las mucinas se expresan ampliamente en diversos tejidos y órganos del organismo, y gracias a ello, se les relaciona directamente con procesos patológicos como el cáncer.

Donde por más de 5 décadas se ha empleado a estas proteínas como marcadores tumorales para el seguimiento y monitoreo de diversos tipos de cáncer, entre ellos cáncer de mama, cáncer de ovario y cáncer de páncreas.

Estructuralmente, las mucinas comparten un núcleo proteico conocido como "core" que presenta un gran número de repeticiones en tándem de los aminoácidos prolina, treonina y serina, conformando el dominio PTS (por las siglas de estos aminoácidos). Este dominio es el sitio principal de O-glicosilaciones, proceso que consiste en la adición de cadenas de azúcares a los grupos hidroxilo de serina y treonina. El número y tipo de O-glicanos es variable en cada mucina (Figura 2) [6].

Imaginemos un cepillo para lavar biberones: un tallo o estructura principal en la cual se unen múltiples filamentos de plástico. Teniendo esta idea en mente, es como se representan las mucinas estructuralmente, un core con dominios PTS, donde se unirá un determinado número de O-glicanos dependiendo el tipo de mucina.

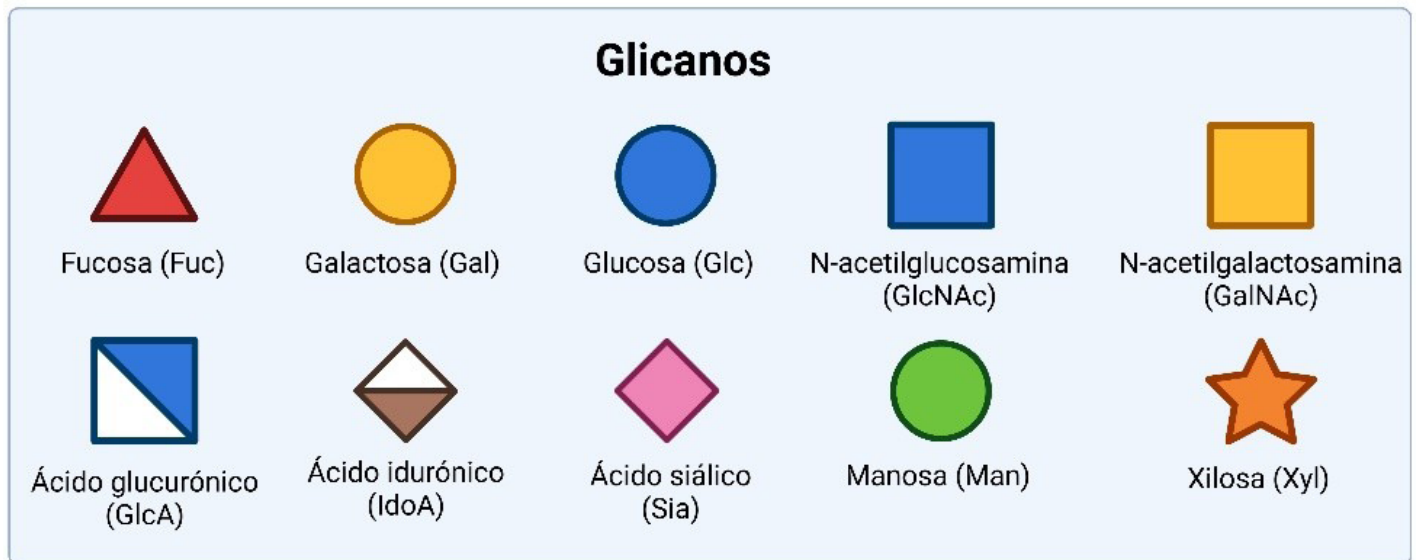


Figura 3. Principales azúcares (glicanos) presentes en las mucinas. Creada en BioRender.

Cerca del 80% de la estructura de las mucinas corresponde a las cadenas de azúcares presentes, con una conformación de glicanos específica (Figura 3). Estos aportan distintas funciones a las mucinas, y las protegen de la degradación por acción de enzimas.

Los glicanos son un elemento de gran importancia en las mucinas, por ejemplo, el ácido siálico aporta carga negativa a la proteína, proporcionando estabilidad y rigidez para la unión de un gran número de cadenas de azúcares. Por otro lado, la fucosa al poseer carga negativa, aporta una mayor viscosidad a las mucinas. La alteración en la composición de los glicanos presentes en las cadenas de azúcares, puede modificar las propiedades de las células epiteliales, fenómeno que se observa en los distintos procesos patológicos [5].

El moco como barrera de protección en el organismo

La característica principal de las mucinas secretoras MUC2, MUC5AC, MUC5B, MUC6 y MUC19 es su participación en la formación

de redes tridimensionales también llamadas moco gracias a la presencia de dominios de polimerización. Estos dominios son regiones que favorecen la unión de múltiples mucinas secretoras, creando una estructura similar a una malla. Por el contrario, la MUC7 y MUC9 aunque son mucinas secretoras, no son formadoras de moco ya que carecen de dominios de polimerización.

De manera general, sabemos que el moco actúa como una barrera que impide el paso de sustancias tóxicas del exterior, permitiendo el paso sólo de moléculas necesarias para el organismo (Figura 4A).

Gracias a las propiedades fisicoquímicas que presenta el moco, se considera un intermediario entre los epitelios y el mundo exterior, favoreciendo la lubricación de un gran número de sitios. Por ejemplo, en el ojo hay presencia de una capa de mucosa que lo lubrica; mientras que, en estómago, la capa mucosa protege a este órgano de las sustancias ácidas del jugo gástrico. De tal forma que la función del moco cambia según sea su localización en el organismo [4].

Mucinas como sensores extracelulares

Las mucinas transmembranales entre ellas MUC1, MUC4 y MUC16, además de las características estructurales antes mencionadas, presentan un dominio de anclaje a membrana, mostrando una estructura muy similar. Asimismo, presentan otras regiones en común, como el dominio SEA y EGF-like.

Una de las características más relevantes de este grupo de proteínas, es la presencia de 2 regiones principales, la región amino terminal que contiene los dominios antes descritos. Por otro lado, una región carboxilo terminal, compuesta por un dominio transmembranal y una pequeña región conocida como cola citoplásmica, la cual está en comunicación con el interior de la célula.

Se considera que, gracias a la presencia del dominio de anclaje a membrana, este grupo de proteínas actúan como un sensor extracelular. Es decir, las mucinas transmembranales son capaces de detectar cambios en el exterior celular (Figura 4B) y transmitir estas señales en respuesta a estímulos hacia el interior de la célula. Esto desencadena una serie de señales que finalmente llevan a procesos celulares como la diferenciación, proliferación, y apoptosis [3].

Mucinas: ¿amigas o enemigas del organismo?

Al estar íntimamente relacionadas con diversos procesos celulares, de forma normal favorecen la proliferación celular luego de una lesión que ponga en peligro al organismo. Sin embargo, en cáncer debido a una expresión anormal, funcionan como un sistema que captura moléculas esenciales (Figura 4C), favoreciendo la proliferación y metástasis celular. Es decir, ayudan a la reproducción de células malignas y una vez que se generan tumores, los ayudan a viajar a otros sitios para propagar la enfermedad [3,7].

En las últimas décadas, las mucinas han captado el interés de científicos que realizan investigaciones relacionadas con cáncer. Ya que se ha observado que en esta enfermedad hay una alteración en la expresión de las mucinas, donde algunas de ellas aumentan mientras que por el contrario otras disminuyen. Lo que ha permitido su uso en pruebas de laboratorio para el seguimiento y monitoreo del cáncer, a través de los marcadores tumorales CA-125, CA-15.3 y CA-19.9 [2]. Además, diversos estudios han demostrado la participación de las mucinas en el desarrollo de diversas enfermedades, gracias al papel que tienen en distintos procesos celulares esenciales para el organismo [2].

Asimismo, se ha demostrado que esta familia de proteínas regula señales de respuesta del sistema inmunológico. Disminuyendo la función de elementos clave como las células Natural Killer, las cuales son las encargadas de generar la muerte de células dañadas o que comprometan al organismo. Esto permite a las células cancerosas tener un sistema de evasión contra la apoptosis, es decir el proceso de muerte celular [8].

Perspectivas a futuro

Gracias a las características que presentan las mucinas y a su papel en procesos esenciales, su estudio abre las puertas para la generación de nuevas estrategias terapéuticas en diversas patologías. Prometiendo la generación de tratamientos novedosos y específicos que modifiquen su expresión, sin embargo, aún falta mucho por explorar acerca de su implicación en el desarrollo de procesos patológicos.

Actualmente el número de investigaciones donde se estudian las mucinas ha incrementado, siendo de interés y de gran necesidad para la comunidad científica, el estudiar cómo están involucradas en diferentes procesos del organismo. Su estudio representa una oportunidad valiosa al campo biomédico para

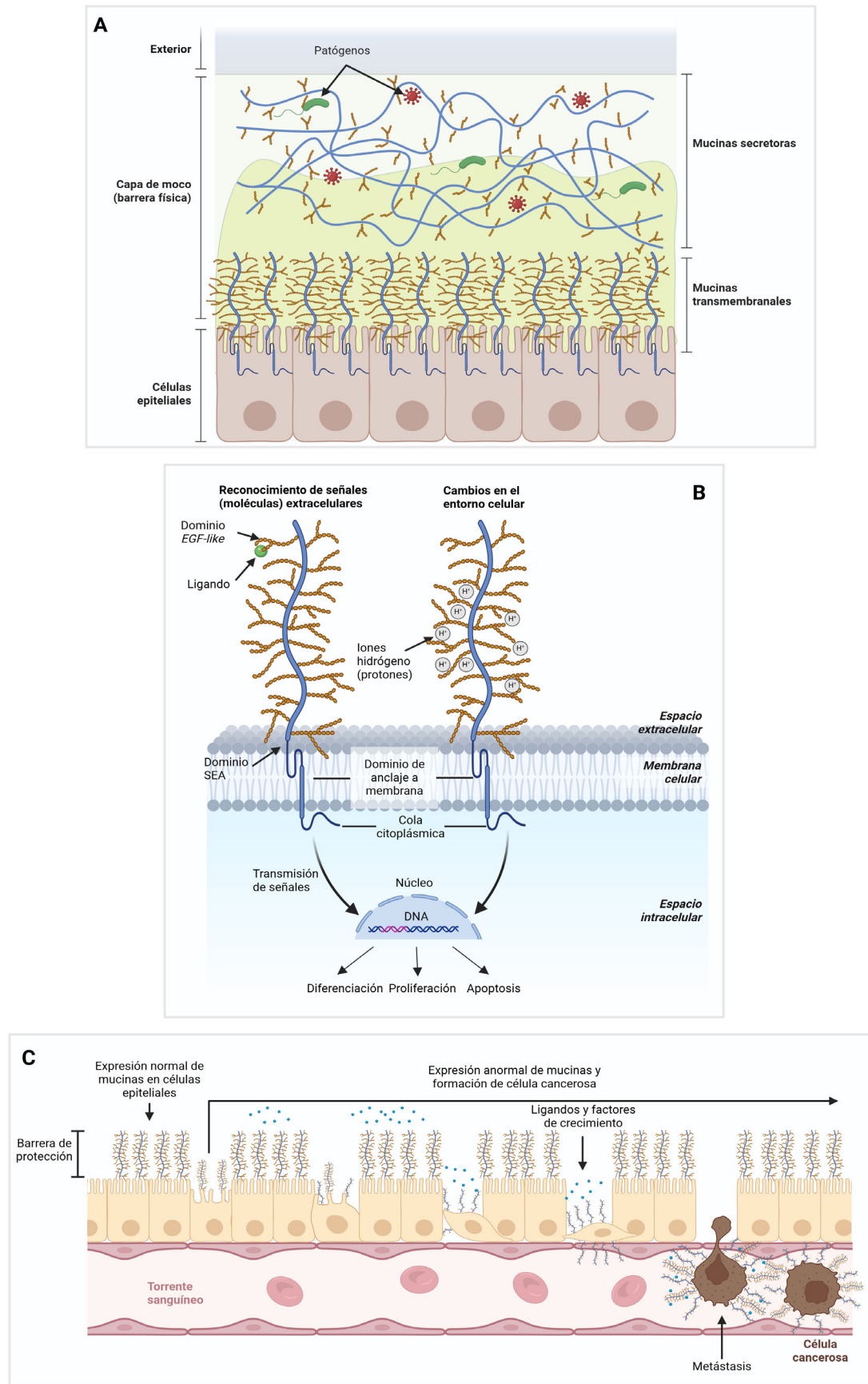


Figura 4. Papel de las mucinas en el organismo. A. Mucinas como barrera física de protección del organismo. B. Actividad de las mucinas como sensores extracelulares del organismo. C. Expresión de mucinas en células normales y su relación con cáncer. Creado en BioRender.

el desarrollo de estrategias terapéuticas más específicas y menos agresivas, permitiendo una mejor calidad de vida a los pacientes.

Referencias

- [1] Sun, L., et al. (2023). Mucin Glycans: A Target for Cancer Therapy. *Molecules*, 28(20): 7033. <https://doi.org/10.3390/molecules28207033>
- [2] Song, Y., Yuan, M., & Wang, G. (2023). Update value and clinical application of MUC16 (cancer antigen 125). *Expert Opin Ther Targets*, 27(8): 745–756. <https://doi.org/10.1080/14728222.2023.2248376>
- [3] Sheng, Y. H., & Hasnain, S. Z. (2022). Mucus and Mucins: The Underappreciated Host Defence System. *Front Cell Infect Microbiol*, 12: 856962. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.856962>
- [4] McShane, A., et al. (2021). Mucus. *Curr Biol*, 31(15): R938–R945. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.06.093>
- [5] Jonckheere, N., et al. (2013). Membrane-bound mucin modular domains: From structure to function. *Biochimie*, 95(6): 1077–1086. <https://doi.org/10.1016/J.BIOCHI.2012.11.005>
- [6] Hollingsworth, M. A., & Swanson, B. J. (2004). Mucins in cancer: Protection and control of the cell surface. *Nat Rev Cancer*, 4(1): 45–60. <https://doi.org/10.1038/nrc1251>
- [7] Dhanisha, S. S., et al. (2018). Mucins: Structural diversity, biosynthesis, its role in pathogenesis and as possible therapeutic targets. *Crit Rev Oncol Hematol*, 122: 98–122. <https://doi.org/10.1016/j.critrevonc.2017.12.006>
- [8] Aithal, A., et al. (2018). MUC16 as a novel target for cancer therapy. *Expert Opin Ther Targets*, 22(8): 675–686. <https://doi.org/10.1080/14728222.2018.1498845>

Sección: Hot science

El alimento del futuro: ¿estás listo para comer insectos?

The food of the future: are you ready to eat insects?

Victoria Lizeth Cano-Tovar¹

Mayela Govea-Salas²

Araceli Loredó-Teviño^{1*}

¹Departamento de Investigación en Alimentos, Universidad Autónoma de Coahuila, Saltillo, Coahuila, México.

²Grupo de Nanobiociencia, Universidad Autónoma de Coahuila, Saltillo, Coahuila, Mexico.

*Autor para la correspondencia: araceliloredo@uadec.edu.mx

RESUMEN

El consumo de insectos, respaldado por la ciencia, se presenta como una alternativa saludable a las proteínas convencionales. El grillo, fácil de criar y procesar en harina o snack, destaca por su alto contenido proteico. Además de ser más amigable con el medio ambiente, aporta nutrientes esenciales como proteínas, fibra, vitaminas y minerales. Abrir la mente a nuevos alimentos puede ser el primer paso hacia una dieta más sostenible y saludable, ofreciendo una opción nutritiva y eco-amigable que podría ser clave en el futuro de la alimentación.

Palabras clave: Insectos comestibles, proteína alternativa, sostenibilidad alimentaria.

SUMMARY

The consumption of insects, supported by scientific evidence, is emerging as a healthy alternative to conventional proteins. Crickets, which are easy to raise and process into flour or snacks, stand out for their high protein content. In addition to being more environmentally friendly, they provide essential nutrients such as protein, fiber, vitamins and minerals. Opening the mind to new foods can be the first step towards a more sustainable and healthy diet, offering a nutritious and eco-friendly option that could be key to the future of food.

Keywords: Edible insects, alternative protein, food sustainability.

Introducción

“Los insectos son el alimento del futuro”. Una frase que he leído en diferentes artículos de índole científico, pero la pregunta es ¿Por qué?

En muchas partes de México el consumo de insectos es muy común. Personalmente, a lo largo de mis viajes, he podido encontrar a personas vendiendo insectos, tales como hormigas chicatanas, chapulines, grillos, y, más sorprendentemente: arañas y alacranes. Así, tal cual: el insecto deshidratado y entero, listo para comer con sal y limón o salsa. Puede que esta forma sea desagradable para muchas personas; incluso a mí me parece curioso.

Y es que el consumo de insectos es parte de la alimentación de muchas personas alrededor del mundo, ya sea por tradición, por su valor nutricional o su sabor. Por esto, y otras razones que mencionaré más adelante, esta práctica ha ido en aumento a lo largo de los últimos años, llevando a estos pequeños animales no solo a mercaditos locales, sino también a grandes centros comerciales.

Seguramente te has encontrado con alguna botana de insectos: chapulines, grillos, hormigas o gusanos deshidratados para comer como aperitivo con sal y limón. Tal vez has ido al supermercado y has visto alimentos, suplementos y proteínas hechas a base de estos. Sin embargo, aunque esta tendencia alimentaria ha ido en aumento, todavía hay muchas personas que reaccionan con desconfianza al ver o leer la palabra ‘insectos’, por lo que no están dispuestos a probar ningún alimento que los incluya, sin embargo, desconocen de todos los beneficios que se están perdiendo.

Diversos estudios señalan que la mayor barrera para el consumo de insectos es el asco que provoca en las personas ver al insecto en su forma completa. Este rechazo disminuye cuando no son visibles; por ejemplo, cuando



Figura 1. Galletas elaboradas a partir de harina de grillo y hamburguesa elaborada con cocopaches. (Imagen propia).

se usan en forma de harina para la formulación de alimentos como galletas (Figura 1), barras de proteína o panes [1].

El alto costo ambiental de la carne

Para producir 1 kg de carne, el ganado requiere de 10 kg de alimento. Este gasto en alimento implica un consumo de agua y tierra para su misma producción (como se muestra en la Figura 2) [2].

Este costo ambiental ya ha sido previamente objeto de estudio en artículos y documentales. Recientemente vi el documental *cowspiracy*, en donde se examina el impacto ambiental de la ganadería y hubo un dato que realmente me sorprendió. Resulta que para producir solo medio kilo de carne de res se requieren aproximadamente 9,500 litros de agua, imagina 427 garrafrones de agua de 20 litros alineados, ¡es demasiada agua! Agua que necesitamos para poder vivir. También se usan grandes extensiones de tierra para poder cultivar su alimento y como áreas de

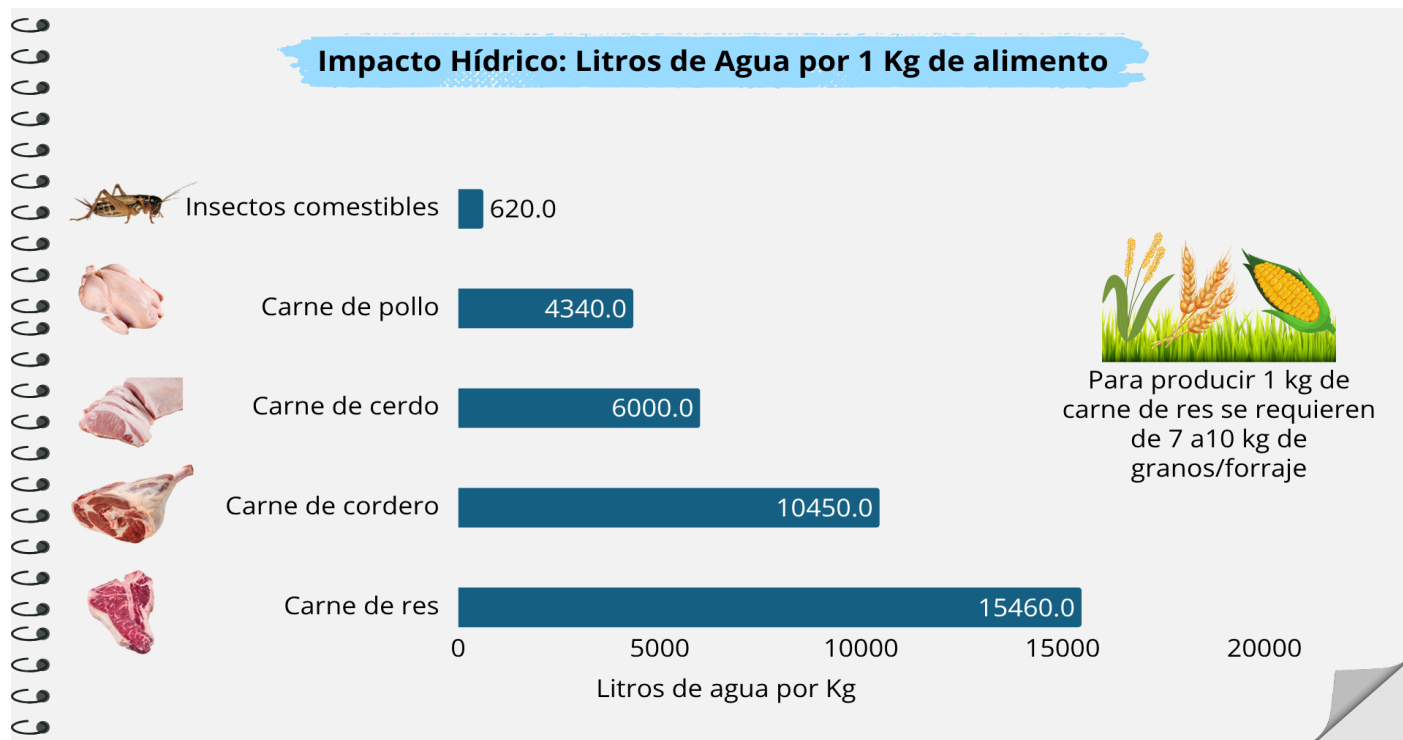


Figura 2. Uso estimado de agua para la producción de 1 kg de carne proveniente de diferentes fuentes animales y grillos. Información obtenida de la página web Water Footprint Calculator. (Elaboración propia).

pastoreo, contribuyendo a la sobreexplotación de los suelos y la deforestación. Además de todo esto, también existe contaminación del aire por gases de efecto invernadero que son liberados por las vacas [3, 4].

En un planeta donde la población y la demanda de carne siguen en aumento, este modelo no es sostenible a largo plazo. Por ello, se han buscado alternativas, que no solo cubran nuestras necesidades nutricionales, sino que también generen un menor impacto ambiental.

Es importante aclarar que esta alternativa no busca sustituir la ganadería tradicional y el consumo de carne de manera inmediata, ya que la producción pecuaria forma parte de la economía de muchos países, siendo incluso para diversas comunidades su principal medio de subsistencia. El objetivo más bien es incorporar el consumo de insectos de manera gradual y complementaria, no como un remplazo radical. Hablar sobre esto busca abrir nuevas posibilidades que permitan reducir el impacto ambiental, diver-

sificar nuestra dieta, y sensibilizar a la sociedad poco a poco [2].

Ahora que sabes todo esto, ¿ya ves por qué dicen que los insectos son el alimento del futuro?

Los insectos: una alternativa nutritiva y sostenible

Los insectos nos pueden proporcionar grasas saludables como el omega-3 y el omega-6, minerales importantes para el correcto funcionamiento de nuestro cuerpo como el hierro, calcio, zinc y magnesio, vitaminas de los grupos A, B, D y E, y por último, pero no menos importante, fibra y proteínas [5].

La proteína es uno de los nutrientes que hace a los insectos una alternativa muy atractiva y saludable, de hecho ¿Sabías que comer 100 gramos de insectos te puede dar tres veces más proteína que 100 gramos de carne?

Esto se debe a que su contenido proteico puede llegar hasta el 70% dependiendo de la especie, mientras que en la carne este valor ronda en alrededor de 25%. Pero no solo es saludable para nosotros, también lo es para el medio ambiente [4, 5].

Para producir 1kg de masa de grillo se requieren 1.7 kg de alimento, mucho menor que si lo comparamos con el requerido para alimentar al ganado, además de que la comida para los insectos puede ser de los mismos residuos de la industria agrícola. El suelo que se necesita para sus granjas también es significativamente menor, lo que implica un menor impacto a la deforestación y la biodiversidad [2].

Juntos, su contenido nutrimental y sus requerimientos de producción, hacen a los insectos una alternativa sostenible y saludable a la proteína de la carne. Entre ellos, el grillo doméstico destaca por su alto valor nutricional y las ventajas que ofrece en su crianza y procesamiento, posicionándose como un caso ejemplar dentro de esta tendencia alimentaria emergente.

El grillo doméstico; un alimento en tendencia

Dentro de los insectos comestibles que actualmente están en tendencia podemos encontrar al grillo doméstico. Este es un insecto que suele habitar cerca de viviendas humanas, suele medir entre 13 y 26 mm de largo y es omnívoro. Estas cualidades, a diferencia de otros insectos, lo hacen ideal para su producción en granjas durante todo el año y no solo por recolecta durante temporadas, como es el caso de los chapulines [6].

Actualmente en México existen empresas dedicadas a su producción y venta. Un ejemplo destacado es Griyum ubicada en Guadalajara Jalisco, pionera en la elaboración de harina de grillo. Su crianza se lleva a cabo en granjas bajo condiciones controladas, esto

para garantizar tanto su calidad de vida, como su integridad e inocuidad para nosotros como consumidores [7]. Quizás te preguntes ¿cómo es posible?

Los grillos están todo el tiempo en jaulas, dentro de estas se encuentran las condiciones óptimas para su desarrollo, tienen la temperatura y luz adecuada. También cuentan con bebederos de agua potable y comida, debido a que son omnívoros se les puede dar alimentos derivados del procesamiento de cereales, frutas y verduras [7].

Cuando estos han crecido lo suficiente son cosechados para su consumo, pero no te preocupes, ya que para que esto pase, los grillos han vivido más del 90% de su ciclo, y al momento de su recolecta estos no sufren, ¿Cómo? Pues esto gracias a la diapausa, un proceso que ocurre en los insectos de sangre fría cuando la temperatura disminuye. Durante este estado su metabolismo se ralentiza drásticamente, ya que no son capaces de producir calor por sí mismos, como resultado, entran en una especie de letargo similar a la anestesia, lo que permite su recolección sin causarles sufrimiento [8]. Por último, estos son lavados, hervidos y secados para su consumo.

De esta manera los grillos se venden ya sea deshidratados como botana o snack y como harina, justo como lo acabas de leer, ¡harina hecha de grillos! Esta se puede sustituir parcialmente en otras harinas como la de trigo, para hacer tortillas, galletas, barritas y panes aportando nutrientes a nuestro cuerpo en cualquiera de estas formas.

¿Recuerdas los nutrientes que mencioné al principio?, pues el grillo los tiene todos, destacando en su proteína, ya que tiene un contenido del 58 al 65%, además de ser una proteína de calidad, ¿en las proteínas hay diferentes tipos y calidad? Así es, las proteínas están formados por pequeñas estructuras llamadas aminoácidos (AA), y dependiendo de su tipo, es la calidad de la proteína. Los aminoáci-



Figura 3. Estructura de los 9 aminoácidos esenciales y su contenido en carne y grillos. (Elaboración propia).

dos esenciales (Figura 3), son aquellos que no produce nuestro cuerpo y por lo tanto tenemos que obtenerlos a través de la dieta. Entonces, entre más aminoácidos esenciales tenga una proteína, se considera de mayor calidad. Las proteínas de origen vegetal se consideran de calidad media, ya que no contienen todos los aminoácidos esenciales en las proporciones que el cuerpo necesita, en cambio, las proteínas de origen animal como la carne son consideradas de alta calidad porque los contienen todos en las proporciones adecuadas, lo sorprendente es que los grillos también, lo que los convierte en una opción viable para sustituir a la proteína de la carne en la dieta [5, 6].

Otro nutriente importante para mencionar es la fibra. Los insectos en general contienen un compuesto llamado quitina, este es un tipo de fibra que se encuentra en su exoesqueleto y les confiere soporte y protección. En el grillo doméstico la quitina representa entre un 5 y

8% de su peso en base seca. Aunque suena extraño probablemente ya la has consumido antes, ya que también está presente en mariscos y hongos. Nuestro cuerpo no puede digerir la fibra, pero su consumo es fundamental para la salud intestinal ya que actúa como prebiótico, es decir, sirve de alimento a nuestra microbiota, que son los microorganismos que habitan en nuestro intestino. De esta manera al consumir la quitina presente en los insectos contribuimos a mejorar nuestra digestión [9].

Debido a estos nutrientes que acabo de mencionar, así como su fácil producción y bajo impacto ambiental, los grillos son un gran ejemplo de porque los insectos son considerados el alimento del futuro. Presentando una buena opción para afrontar los retos alimentarios que se avecinan. Consumirlos se convierte no solo en una forma de aprovechar todos sus nutrientes, sino en una forma consciente de ayudar a nuestro planeta.

Conclusión

Ahora ya sabes que consumir insectos no tiene nada de malo, sino que puede ser muy beneficioso para tu salud ya que aportan nutrientes como grasas, minerales, vitaminas, proteínas y fibra. Además, su producción tiene un impacto ambiental significativamente menor en comparación con la ganadería, presentando una solución viable para los retos del futuro.

Es importante dejar un poco atrás esa mala idea que se tiene sobre su consumo y aprovechar todos estos beneficios. Podemos incluirlos en nuestra dieta a manera de botana, snack e incluso como ingrediente en otras comidas, puedes empezar con uno muy común como lo es el grillo, o arriesgarte un poco más y probar una hormiga. Yo sé que al principio puede parecer raro, pero así como nos hemos acostumbrado al sushi o los mariscos, podemos irnos adaptando poco a poco al consumo de insectos. Solo es cuestión de informarnos y atrevernos a probar algo nuevo. ¿Quién sabe? Tal vez en un futuro los insectos sean igual a comer papitas fritas.

Solo me queda esperar que la próxima vez que veas un alimento a base de insectos, le des una oportunidad y te animes a probarlo.

Referencias

[1] Ardoin, R., & Prinyawiwatukul, W. (2021). Consumer perceptions of insect consumption: A review of western research since 2015. *International Journal of Food Science and Technology*, 56(10), 4942–4958. <https://doi.org/10.1111/ijfs.15167>

[2] van Huis, A., Van Itterbeeck, J., Klunder, H., Mertens, E., Halloran, A., Muir, G., & Vantomme, P. (2013). *Edible insects: future prospects for food and feed security* (pp. 60–64). Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/3/i3253e/i3253e.pdf>

[3] Li, L., Awada, T., Shi, Y., Jin, V. L., & Kaiser, M. (2024). Global greenhouse gas emissions from agriculture: Pathways to sustainable reductions. *Global Change Biology*, 31(1), e70015. <https://doi.org/10.1111/gcb.70015>

[4] Poore, J., & Nemecek, T. (2018). Reducing food's environmental impacts through producers and consumers. *Science*, 360(6392), 987–992. <https://doi.org/10.1126/science.aag0216>

[5] Anyasi, T. A., Acharya, P., & Udenigwe, C. C. (2025). Edible insects as an alternative protein source: Nutritional composition and global consumption patterns. *Future Foods*, 12, 100699. <https://doi.org/10.1016/j.fufo.2025.100699>

[6] Pilco-Romero, G., Chisaguano-Tonato, A. M., Herrera-Fontana, M. E., Chimbo-Gándara, L. F., Sharifi-Rad, M., Giampieri, F., Battino, M., Vernaza, M. G., & Álvarez-Suárez, J. M. (2023). House cricket (*Acheta domesticus*): A review based on its nutritional composition, quality, and potential uses in the food industry. *Trends in Food Science & Technology*, 142, 104226. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2023.104226>

[7] Farkas, V. I., Máté, M., Takács, K., & Jánosi, A. (2025). The house cricket (*Acheta domesticus* Linnaeus) in food industry: Farming, technological challenges, and sustainability considerations. *Applied Sciences*, 15(17), 9494. <https://doi.org/10.3390/app15179494>

[8] Hahn, D. A., & Denlinger, D. L. (2011). Energetics of insect diapause. *Annual Review of Entomology*, 56, 103–121. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-112408-085436>

[9] García-Pérez, A. D., Muñoz-Morales, L. Y., Olmos-García, R. E., Pardo-Ríos, S. G., Pérez-Lima, C. E., & Molina-González, M. G. (2015). Efecto prebiótico de la fibra y quitina de *Acheta domesticus* sobre *Lactobacillus bulgaricus*. *Revista Tendencias en Docencia e Investigación en Química*. <https://hdl.handle.net/11191/9074>

Sección: Hot Science

Chiquitas pero picosas: las nanopartículas en la biotecnología vegetal

Tiny but powerful: nanoparticles in plant biotechnology

Karla Yunuen Trueba-Sánchez
María Teresa González-Arno*

Facultad de Ciencias Químicas Región Córdoba-Orizaba, Universidad Veracruzana, Veracruz, México.

*Autor para la correspondencia: teregonzalez@uv.mx

RESUMEN

La nanotecnología estudia la manipulación de la materia a escala de 1 a 100 nm y en ésta, los materiales adquieren propiedades únicas muy valiosas. Las nanopartículas (NPs) fueron utilizadas por las antiguas civilizaciones sin que ellas lo supieran, pero hoy en día, pueden ser encontradas en productos cotidianos y sus aplicaciones abarcan diversas áreas del conocimiento como la biotecnología vegetal. Las NPs metálicas pueden actuar como micronutrientes o agentes antimicrobianos en el cultivo *in vitro* y como protectores celulares en técnicas de conservación a largo plazo como la crioconservación.

Palabras clave: Nanotecnología, biotecnología, conservación vegetal.

SUMMARY

Nanotechnology studies the manipulation of matter on a scale of 1 to 100 nm, at which point materials acquire unique and highly valuable properties. Nanoparticles (NPs) were used by ancient civilizations without their knowledge, but today they can be found in everyday products, and their applications span various fields of knowledge, such as plant biotechnology. Metal NPs can act as micronutrients or antimicrobial agents in *in vitro* culture and as cellular protectors in long-term preservation techniques such as cryopreservation.

Keywords: Nanotechnology, biotechnology, plant conservation.

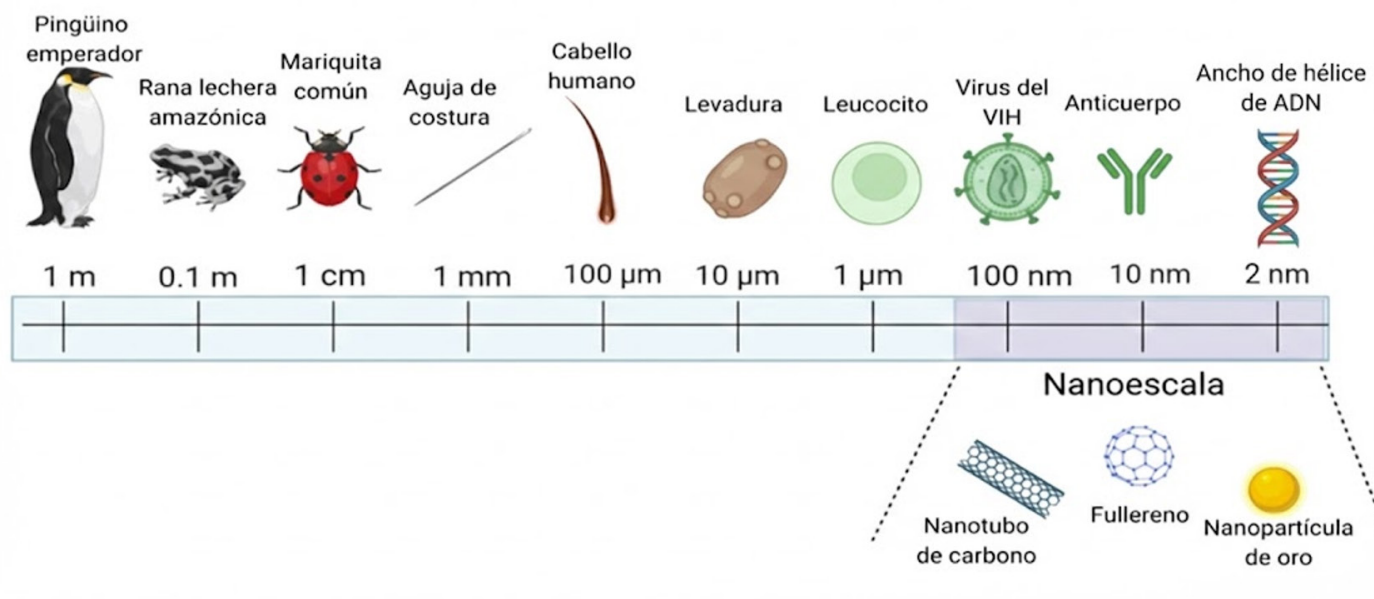


Figura 1. Ilustración comparativa de la escala de metro al nanómetro con diferentes ejemplos. Nanomateriales representados: -nanotubos de carbono, fullereno y nanopartícula de oro-. Ilustración propia creada en BioRender.

¿Sabías que algo mucho más pequeño que el grosor de un cabello puede ayudar a que las plantas crezcan mejor o sobrevivan al frío extremo? Estas diminutas aliadas se llaman nanopartículas, y están revolucionando desde la medicina hasta la biotecnología vegetal.

La nanotecnología, es el campo que estudia y manipula la materia a escala nanométrica (entre 1 y 100 nanómetros), donde un nanómetro equivale a la millonésima parte de un milímetro (Figura 1). Esta ciencia nació oficialmente a partir de 1959 a través de un discurso del famoso físico Richard Feynman. Desde entonces, ha pasado de ser una curiosidad teórica para convertirse en una herramienta clave en múltiples áreas del conocimiento. A esta escala, muchos materiales pueden presentar propiedades distintas a las habituales, como cambios en el color, la conductividad eléctrica o la reactividad química [1].

Las nanopartículas (NPs) son, en esencia, versiones miniatura de los materiales que ya se conocen como el carbono, el oro, el hie-

rró y muchos otros, pero con superpoderes. Su superficie es tan activa que puede atraer o repeler diferentes tipos de iones y moléculas, haciéndolas muy versátiles y determinando si la nanopartícula será útil para curar una enfermedad, limpiar el agua o ayudar a las plantas a crecer [2, 3].

Aunque suene a tecnología futurista, las nanopartículas nos acompañan desde la antigüedad. Las civilizaciones antiguas como la maya o la romana aprovechaban sus efectos sin conocer la ciencia detrás de ellas. El azul maya, por ejemplo, es un pigmento que se mantiene brillante después de siglos gracias a partículas nanométricas de arcilla y pigmentos orgánicos. La famosa copa de Licurgo es una pieza de vidrio romano que cambia de color dependiendo del ángulo de la luz porque contiene nanopartículas de oro y plata (Figura 2). Por consiguiente, los efectos de la materia a escala nanométrica ya se explotaban sin usar microscopios ni laboratorios [1].

El estudio científico de las NPs comen-



Figura 2. Uso de la nanotecnología en la antigüedad. El azul maya (izquierda) mantiene su color y brillo gracias a partículas nanométricas de arcilla y pigmentos orgánicos. La copa de Licurgo (derecha) cambia de color verde a rojo -como se muestra- al contener nanopartículas de oro y plata que interactúan con la luz. Fuente: Mural Maya [bbc.com/mundo/vert-cul-45503886]; Copa de Licurgo [nationalgeographic.com.es/ciencia/copa-licurgo-nanotecnologia-cambia-de-color_19118].

zó en el siglo XIX, cuando Michael Faraday observó que pequeñas partículas de oro suspendidas en líquido podían dispersar la luz de distintas maneras, sentando las bases de la investigación moderna en nanociencia. En el presente, las NPs se clasifican en tres grandes grupos: orgánicas, las basadas en carbono y las inorgánicas [3]. Entre estas últimas, las NPs metálicas (como las de oro, plata, zinc o hierro) son las más estudiadas por su estabilidad y por su capacidad para interactuar con organismos vivos [1, 3].

En los laboratorios de biotecnología vegetal, las NPs metálicas se han convertido en pequeñas aliadas del cultivo *in vitro*, una técnica que permite reproducir aceleradamente plantas en condiciones controladas de temperatura, iluminación y libres de contaminación microbiana, apoyando además la conservación de células y tejidos a corto, mediano y largo plazo. Investigaciones recientes han demostrado que las NPs pueden actuar como suplementos en los medios de cultivo y propiciando un mejor aprovechamiento de elementos esenciales como el zinc o el hierro [4]. También pueden funcionar como agentes antimicrobianos,

evitando contaminaciones durante la manipulación *in vitro* [5] o como protectores celulares, ayudando a reducir el daño oxidativo después de procesos como la crioconservación, que induce la detención total del metabolismo por el efecto de la ultra baja temperatura de almacenamiento, preferentemente la del nitrógeno líquido ($-196\text{ }^{\circ}\text{C}$) [6] (Figura 3).

Entre las NPs más estudiadas en el cultivo de tejidos vegetales (CTV), se encuentran las de plata (Ag), cuya acción antimicrobiana beneficia el desarrollo de los cultivos al garantizar un ambiente libre de gérmenes y contaminantes -lo cual es fundamental y requerido para el éxito del desarrollo de las plantas *in vitro*-, pero ¿cómo lo consiguen? La eficacia de las AgNPs se debe a la liberación de iones de plata (Ag^+) desde la superficie de estas, los cuales son altamente reactivos con diferentes compuestos celulares. La acción más conocida que provoca la muerte y eliminación de los microorganismos está relacionada con los daños que ocasionan los iones de Ag^+ a la pared celular de los agentes microbianos. Se producen cambios en la configuración tridimensional de las proteínas, se rompen enlaces de

a) NPs metálicas enriqueciendo el medio de cultivo



b) NPs metálicas incorporadas a la cápsula para crioconservación

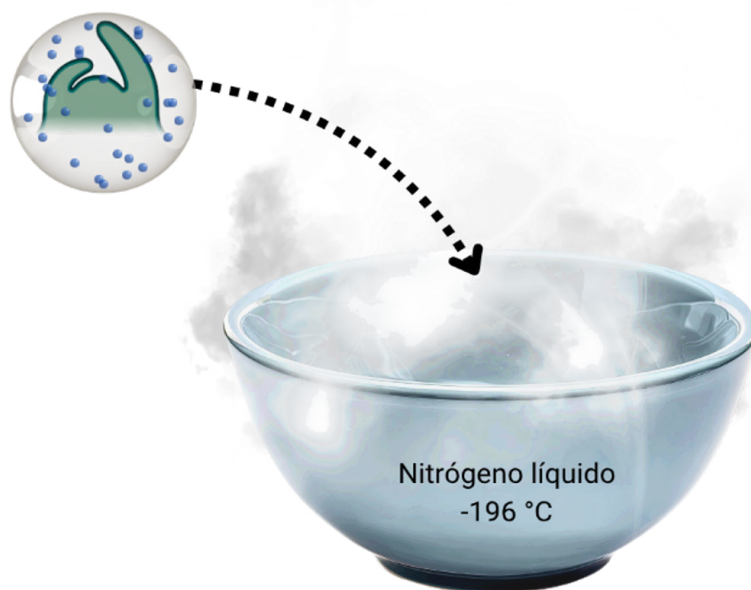


Figura 3. Uso de nanopartículas metálicas en la biotecnología vegetal para el cultivo y la conservación *in vitro* a largo plazo. a) Incorporación de nanopartículas al medio de cultivo como micronutrientes o agentes antimicrobianos. b) Uso de nanopartículas en cápsulas de alginato de calcio para la crioconservación de tejidos vegetales. Ilustración propia creada en BioRender.

azufre y, en consecuencia, se obstruyen sitios de activación enzimática. Para visualizarlo de una manera sencilla, se podría imaginar como una pared de Legos (proteínas y lípidos) la cual está formada por miles de piezas distintas funcionando todas en conjunto, pero al entrar las AgNPs, este orden se rompe, y provoca que las uniones entre las piezas se destruyan y que otras no embonen más entre ellas [6].

Por otro lado, las AgNPs tienen el efecto de bloquear al etileno. En las plantas, el etileno es una hormona natural que funge como indicador de maduración o senescencia (envejecimiento), la cual suele activarse bajo condiciones de estrés. Para algunas bacterias presentes en el medio de cultivo, el etileno puede ser una fuente de carbono o, en otras palabras, alimento. Al ser bloqueado el etileno, se obtiene un doble beneficio: las bacterias pasan hambre, pues no tienen disponible su comida, lo que ayuda a controlar el desarrollo de la po-

blación microbiana [6].

Aparte de la acción antimicrobiana, existen otros beneficios como los que aportan las NPs de óxido de zinc (ZnO) durante el cultivo *in vitro*. El zinc es un micronutriente esencial para las plantas involucrado en diversos procesos metabólicos. Al incorporar estas NPs al medio de cultivo, se favorece la regeneración de la planta a partir de un explante, que se refiere a un pequeño fragmento o tejido vegetal- como hoja, tallo o raíz- que sirve para iniciar el desarrollo en un ambiente controlado y libre de contaminación dentro de un laboratorio.

En el caso del plátano, el uso de NPs de ZnO durante el cultivo *in vitro* estimuló la producción de embriones somáticos que son estructuras celulares organizadas, capaces de generar plantas completas, con raíces y brotes idénticos a la original. En cambio, en el caso del café, estas mismas NPs favorecieron el crecimiento desorganizado de las células co-

nocido como formación de callos, los cuales se obtuvieron a partir de fragmentos de hojas. En biotecnología, el cultivo de callos es una técnica esencial para regenerar plantas completas y avanzar en los programas de mejoramiento genético [4].

Existe otro tipo de NPs, como las basadas en óxidos de hierro, siendo las de Fe_2O_3 uno de los ejemplos más representativos en investigaciones *in vitro*. Estas nanopartículas han mostrado beneficios significativos en el desarrollo de cultivos como frijoles de soya, pimientos y tomates. El hierro forma parte crucial de la estructura de la clorofila, molécula que otorga el color verde a las plantas y que juega un papel fundamental en la fotosíntesis (mecanismo por el cual se obtiene energía). Adicionar NPs basadas en óxidos de hierro promueve un mejor desarrollo de raíces, aumenta la tasa de germinación de las semillas y eleva el contenido de clorofilas en los cultivos. Por consiguiente, la aplicación de este tipo de NPs ha demostrado su utilidad en la mejora de la nutrición y en el vigor de los tejidos que resultan en la producción de plantas con mayor calidad [4].

El uso de diversas NPs en la práctica del cultivo de tejidos no solo ha contribuido con el desarrollo de las plantas, sino que también está abriendo nuevas alternativas estratégicas para la conservación a largo plazo. En este contexto, se pueden aplicar también para la crioconservación de material biológico mediante el almacenamiento a temperaturas inferiores a $-100\text{ }^\circ\text{C}$. Existen protocolos criogénicos que involucran la encapsulación de los tejidos en geles de alginato de calcio y con este recubrimiento sintético, se logra la protección frente a procesos drásticos como la deshidratación y la congelación, además, posteriormente puede funcionar como una semilla artificial. Recientemente, se ha descubierto que adicionar NPs de oro (Au), Ag^+ y ZnO a las cápsulas de alginato, incrementa la efectividad de los métodos y la sobrevivencia ante el estrés que impone la crioconservación [7].

Bioquímicamente, estas NPs pueden actuar como potentes antioxidantes, lo cual cobra mayor importancia durante la etapa de recuperación de los tejidos crioconservados. El estrés térmico que debe superar el explante, genera una gran cantidad de especies reactivas de oxígeno (ROS), moléculas tóxicas que causan daño oxidativo a las membranas celulares y al ADN. La acción antioxidante de las NPs neutraliza a las ROS, ayudando a la sobrevivencia y a la recuperación del material biológico posterior al estrés experimentado [7].

En conjunto, estos avances apuntan a que la nanotecnología puede ser una herramienta clave para la agricultura sostenible y la conservación de especies. Sin embargo, su aplicación requiere una evaluación cuidadosa ya que factores como la dosis y el tipo de nanopartícula determinan su impacto. Una concentración elevada puede provocar estrés oxidativo, daños en las membranas celulares o incluso inhibir el crecimiento de raíces, fenómeno conocido como fitotoxicidad [4].

Aun así, el uso de NPs en plantas sigue siendo un mundo de exploración constante en el que persisten vacíos significativos sobre el comportamiento a largo plazo en los ecosistemas. Es fundamental entender que cada especie reacciona de manera única; lo que funciona para un cultivo podría ser tóxico para otro, lo que requiere un estudio particular para cada sistema. Pese a estos retos, es innegable que estas diminutas estructuras están abriendo caminos prometedores para un progreso biotecnológico más eficiente, que beneficia tanto a la producción agrícola como a la investigación y conservación vegetal *in vitro*.

Una buena moraleja de las NPs es que el tamaño no lo es todo. Hay poderes que, de ser aparentemente invisibles, se proyectan a la vista con la evidencia de su efecto. En la naturaleza —y en la ciencia— todo vale y lo pequeño no demerita el impacto.

Referencias

- [1] Naito, M., Yokoyama, T., Hosokawa, K., & Nogi, K. (2018). Basic properties and measuring methods of nanoparticles. En T. Yokoyama (Ed.), *Nanoparticle technology handbook* (pp. 3–47). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/C2017-0-01011-X>
- [2] Richa, T., & Shankar, M. K. (2021). History and preparations of nanoparticles. *International Journal of Current Pharmaceutical Review and Research*, 13(4), 10–24. <https://doi.org/10.5281/zenodo.12664512>
- [3] Joudeh, N., & Linke, D. (2022). Nanoparticle classification, physicochemical properties, characterization, and applications: A comprehensive review for biologists. *Journal of Nanobiotechnology*, 20(1), Article 262. <https://doi.org/10.1186/s12951-022-01477-8>
- [4] Prasad, A., Sidhic, J., Sarbadhikary, P., Narayanankutty, A., George, S., George, B. P., & Abrahamse, H. (2024). Role of metal nanoparticles in organogenesis, secondary metabolite production and genetic transformation of plants under in vitro conditions: A comprehensive review. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, 158(2), Article 33. <https://doi.org/10.1007/s11240-024-02833-2>
- [5] Pastelín-Solano, M., Ramírez-Mosqueda, M., Bogdanchikova, N., Castro, C., & Bello-Bello, J. (2020). Las nanopartículas de plata afectan la micropropagación de vainilla (*Vanilla planifolia* Jacks. ex Andrews). *Agrociencia*, 54(1), 1–13.
- [6] Mahajan, S., Kadam, J., Dhawal, P., Barve, S., & Kakodkar, S. (2022). Application of silver nanoparticles in in vitro plant growth and metabolite production: Revisiting its scope and feasibility. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, 150(1), 15–39. <https://doi.org/10.1007/s11240-022-02249-w>
- [7] Kulus, D., Tymoszuik, A., Kulpińska, A., Vinhmannova, I., Wojnarowicz, J., & Szalał, U. (2024). Effect of nanoparticles on the ex vitro performance of cryopreservation-derived plant material. *PLOS ONE*, 19(9), e0310424. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0310424>

Sección: Hot Science

Biosorción de cobre: El poder de las bacterias para reestablecer ambientes contaminados

Copper biosorption: The power of bacteria to restore contaminated environments

Meliza Jiménez Rivero
Kadiya Calderón*
Luis Fernando Enríquez Ocaña

Departamento de Investigaciones Científicas y Tecnológicas, Universidad de Sonora, Hermosillo C.P. 83000, Sonora, México.

*Autor para la correspondencia: kadiya.calderon@unison.mx

RESUMEN

La contaminación por cobre amenaza a los ecosistemas debido a su elevada toxicidad. En respuesta, las bacterias actúan como pequeños “imanes biológicos” en un fenómeno llamado: biosorción, proceso mediante el cual los metales se adhieren a su superficie. Cuando distintas especies bacterianas se unen formando consorcios, pueden obtener resultados sorprendentes frente al cobre en comparación a cuando lo hacen solas. Este artículo aborda el impacto ambiental del cobre y cómo la biosorción por consorcios bacterianos constituye una estrategia natural para la biorremediación sostenible, planteando retos y oportunidades para su aplicación a gran escala.

Palabras clave: Biosorción, consorcios bacterianos, cobre.

SUMMARY

Copper pollution threatens ecosystems due to its high toxicity. In response, bacteria act as tiny “biological magnets” in a phenomenon called biosorption, a process by which metals adhere to their surface. When different bacterial species join together to form consortia, they can achieve surprising results against copper compared to when they act alone. This article addresses the environmental impact of copper and how biosorption by bacterial consortia constitutes a natural strategy for sustainable bioremediation, outlining challenges and opportunities for its large-scale application.

Keywords: Biosorption, bacterial consortia, copper.

Introducción

La industria minera le ha dado a la humanidad la posibilidad de poner los recursos minerales a disposición de la sociedad. Gracias a esto tenemos baterías de litio de gran durabilidad, circuitos eléctricos, paneles solares, teléfonos inteligentes e internet. Sin embargo, esta genera residuos cargados de metales pesados que, si no se manejan bien, pueden provocar daños significativos en los seres vivos que habitan cerca de la zona minera.

Los metales pueden acumularse lentamente en los organismos a través del agua, los alimentos o el aire, en un proceso conocido como bioacumulación (Figura 1a). Cuando un organismo contaminado es ingerido por otro, el nivel de contaminante se transfiere al depredador, provocando que, al avanzar en la cadena trófica, la concentración aumente. Este fenómeno llamado biomagnificación es de singular importancia para el ser humano, ya que, al situarse en la cima de la cadena trófica, los metales pueden llegar principalmente a través del consumo de alimentos contaminados (Figura 1b) [1].

El cobre es uno de los metales más usados a nivel mundial y a pesar de participar en muchos procesos biológicos importantes como la respiración celular, cuando se encuentra en altas concentraciones puede provocar afecciones al hígado y sistema nervioso en el ser humano, marchitamiento de hojas en plantas, estrés celular en organismos acuáticos e interferencia en procesos vitales de los

(a) Bioacumulación



(b) Biomagnificación

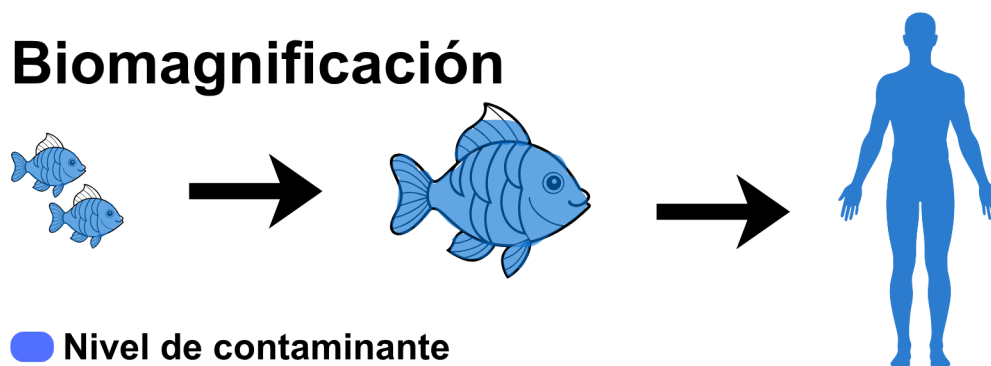


Figura 1. Representación esquemática de los procesos de (a) bioacumulación y (b) biomagnificación de metales en la cadena trófica.

microorganismos [2, 3]. Pero, la naturaleza siempre encuentra oportunidad en la adversidad. Frente a este peligro, dotó a ciertos microorganismos, en especial las bacterias, con habilidades increíbles para resistir y remover metales pesados del ambiente. Estos diminutos seres, realizan tareas extraordinarias como un David microscópico frente al Goliath de la contaminación. En este artículo conoceremos cómo las bacterias han convertido la desgracia en una fortaleza que las convierte en aliadas de la biorremediación, una técnica que las utiliza como “filtros biológicos” que absorben o transforman los contaminantes de manera que dejan de ser dañinos para el medio ambiente.

Desarrollo

A pesar de la amenaza grave que representan los metales pesados para la vida, algunas bacterias han aprendido a sobrevivir e incluso prosperar en estas condiciones extremas como *Cupriavidus necator* que como su nombre en latín indica: “deseoso de cobre” se potencia con el metal [4]. Esto es posible gracias a la presencia de mecanismos que les permiten captar, acumular o transformar metales pesados de forma efectiva:

1. **Bioacumulación:** cuando las bacterias sirven de mini cofres naturales

Las bacterias pueden internalizar grandes cantidades de metales pesados. Una vez dentro, el metal puede almacenarse en pequeños compartimentos celulares, unirse a proteínas que lo mantienen bajo control o sufrir transformaciones químicas que lo hacen menos tóxico.

2. **Bioprecipitación o Biomineralización:** cuando las bacterias hacen alquimia:

Algunas bacterias pueden inducir la producción de minerales como carbonatos que encapsulan a los metales fuera de la célula, ha-

ciéndolos menos tóxicos para el ecosistema.

3. **Biolixiviación:** cuando las bacterias disuelven metales sin contaminar:

Algunas bacterias tienen la capacidad de fabricar sustancias naturales como el ácido cítrico (como el que tiene el limón) que ayudan a “disolver” metales pesados. Esto permite atrapar y recuperar al contaminante con mayor facilidad.

4. **Expulsión:** cuando las bacterias actúan como catapultas de metales

En otros casos, pueden activar bombas de expulsión para sacar el metal o lo transforman en formas volátiles, que luego difunden fuera de la célula y deja de ser tóxico para ellas.

5. **Biosorción:** cuando las bacterias activan su “modo imán”

Las bacterias tienen abundantes cargas negativas en su superficie que actúan como microimanes que capturan los metales pesados con carga positiva. Así *Pseudomonas aeruginosa* es capaz de adsorber superficialmente hasta 180 mg de mercurio por gramo de biomasa ¡el equivalente al 18% de su propio peso! Una eficiencia de remoción asombrosa que convierte a las bacterias en una poderosa y prometedora alternativa para la descontaminación ambiental.

Lo mejor de la biosorción es que lo pueden realizar tanto bacterias vivas como muertas, ya que es un proceso pasivo (no requiere actividad metabólica). Además, es rápido ya que, en apenas una hora, la biomasa retiene todo el metal que es capaz de captar, lo que la hace ideal para remediar grandes volúmenes de agua en un periodo relativamente corto de tiempo.

También pueden secretar compuestos químicos como los biosurfactantes que atrapan al metal fuera de la célula.

Cuando la unión hace la fuerza, la descontaminación ocurre

El éxito de las tecnologías de biorremediación se puede lograr potenciando las comunidades microbianas nativas o introduciendo microorganismos con tolerancia a metales pesados conocida que actúen en sinergia para eliminarlos del ambiente [6]. Durante la biosorción, diferentes especies bacterianas pueden unirse para hacerle frente al metal. Muchas de ellas secretan sustancias pegajosas llamadas sustancias poliméricas extracelulares (SPE) que funcionan como “pegamento biológico”. Su función es doble: por un lado, ayudan a descontaminar metales pesados, debido a que sus componentes son ricos en grupos cargados negativamente que retienen a estos elementos, disminuyendo su concentración y evitando que sean tóxicos para la célula. Por otro lado, son la cuna de la formación de biopelículas; fascinantes comunidades microbianas con gran capacidad de adherencia, donde cada uno de sus miembros se beneficia de las actividades de los demás. Este nivel de cooperación marca el inicio de consorcios bacterianos, asociaciones en las que diferentes especies combinan sus potenciales para sobrevivir a estrés del ambiente como puede ser el inducido por los metales pesados dando como resultado que todas se benefician [7].

En los últimos años, los científicos han descubierto que cuando diferentes especies bacterianas se asocian, la eficiencia en la remoción de contaminantes puede multiplicarse. Diversos estudios respaldan esta sinergia. Por ejemplo, Che et al., reportaron que un consorcio formado por *Cellulomonas iranensis* y *Pseudomonas brassicacearum* no solo fue capaz de soportar concentraciones extremas de 900 mg/L de cadmio y 2500 mg/L de plomo, sino que también, eliminó 94.25 % de cadmio y 25.25 % más plomo que las bacterias individuales gracias a la formación de un material cristalino que atrapaba los metales en su superficie [8]. Resultados similares se obser-

varon con el cobre en el estudio de Irawati et al., quienes formaron consorcios con *Acinetobacter* sp. IrC1 y *Cupriavidus* sp. IrC4 que presentaron una tolerancia mayor (3mM) y lograron remover hasta un 33% el cobre presente, mientras que las bacterias aisladas solo llegaban hasta un 10% [6].

Aplicaciones y perspectivas futuras

El uso de bacterias resistentes al cobre se perfila como una alternativa eficiente, económica y ecológicamente segura frente a los métodos convencionales de remediación. La producción de SPE, la formación de biopelículas y la expresión de genes de resistencia que les permiten sobrevivir en ambientes contaminados representan una alternativa prometedora y sostenible frente a técnicas físico-químicas costosas y con eficiencia limitada.

Gracias a los avances en la investigación del tema, hoy es posible diseñar consorcios robustos, seleccionando cepas nativas resistentes y potenciando su cooperación. Aplicadas en suelos agrícolas, en asociaciones con plantas, en ríos o zonas mineras, podrían reducir la bioacumulación de cobre en los organismos, evitando que el metal llegue a las cadenas tróficas.

Pero la clave no solo está en actuar cuando el daño está hecho, sino prevenirlo. Es por ello que integrar estas tecnologías en la minería sostenible sería de gran ayuda para el planeta. Los metales recuperados por biosorción pueden volver a venderse o usarse, de manera que; transformamos un problema medioambiental en un beneficio económico.

Aun así, los desafíos no son invisibles. La biomasa bacteriana necesita ser más estable y las condiciones ambientales son muy variables. Todo esto atenta contra su aplicación a gran escala. Una solución prometedora es usar residuos de la agroindustria (como cáscaras o

restos de cosechas) para ayudar a las bacterias a ser más resistentes y eficientes. Estas innovaciones podrían hacer de la biosorción una herramienta clave en la transición hacia procesos industriales más limpios, sostenibles y regenerativos.

Conclusiones

La actividad minera produce una grave contaminación de los ecosistemas por cobre y otros metales. La biorremediación se erige como una alternativa prometedora y dentro de esta la biosorción llevada a cabo por bacterias y principalmente consorcios, se consolida como una estrategia de alto potencial. Su bajo costo y posibilidad de recuperar el metal la hacen excepcionalmente atractiva para la biotecnología y la minería sostenible.

No obstante, su escalabilidad aún enfrenta retos entre los que se encuentran la estabilidad de los cultivos, la variabilidad del ambiente y la optimización de los sistemas de operación. Estos desafíos se pueden superar aplicando enfoques multidisciplinarios donde converjan la ingeniería ambiental, la biotecnología y la economía para garantizar procesos eficientes y económicamente factibles.

La implementación de tecnologías complementarias basadas en inteligencia artificial, sensores y el desarrollo de nuevos materiales biológicos que tengan características biosorbentes potenciaría su aplicabilidad en diferentes escenarios. De esta forma se vería potenciado el poder de las bacterias para reestablecer ambientes contaminados.

Referencias

[1] Saidon, N. B., Szabó, R., Budai, P., & Lehel, J. (2024). Trophic transfer and biomagnification potential of environmental contaminants (heavy metals) in aquatic ecosystems.

Environmental Pollution, 340, 122815. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.envpol.2023.122815>

[2] Murtić, S. (2024). Heavy Metals Dynamics in the Soil-Plant Continuum. In N. Kumar (Ed.), *Heavy Metal Toxicity: Human Health Impact and Mitigation Strategies* (pp. 25-43). Springer Nature Switzerland. https://doi.org/10.1007/978-3-031-56642-4_2

[3] Dhiman, V. (2024). Heavy Metal Toxicity and Their Effects on Environment. In: Kumar, N. (eds) *Heavy Metal Toxicity. Environmental Science and Engineering*. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-031-56642-4_1

[4] Novackova, I., Hrabalova, V., Slaninova, E., Sedlacek, P., Samek, O., Koller, M.,...Obruca, S. (2022). The role of polyhydroxyalkanoates in adaptation of *Cupriavidus necator* to osmotic pressure and high concentration of copper ions. *International Journal of Biological Macromolecules*, 206, 977-989. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2022.03.102>

[5] R., Suresh, K., & Jiang, G. (2022). Bacterial bioremediation of heavy metals in wastewater: A review of processes and applications. *Journal of Water Process Engineering*, 48, 102884. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2022.102884>

[6] Irawati, W., Ompusunggu, N. P., & Yuwono, T. (2018). Influence of bacterial consortium for copper biosorption and accumulation. *AIP conference proceedings*.

[7] Ghosh, A., Sah, D., Chakraborty, M., & Rai, J. P. N. (2024). Mechanism and application of bacterial exopolysaccharides: An advanced approach for sustainable heavy metal abolition from soil. *Carbohydrate Research*, 544, 109247. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.carres.2024.109247>

[8] Che, S., Wang, J., Zhou, Y., Yue, C., Zhou, X., Xu, Y.,... Li, S. (2024). The adsorption and fixation of Cd and Pb by the microbial consortium weakened the toxic effect of heavy metal-contaminated soil on rice. *Chemical Engineering Journal*, 497, 154684.

Sección: Hot Science

Farmacología de redes: los β -glucanos como moduladores de redes biológicas

Network pharmacology: β -glucans as modulators of biological networks

Juan José Romero-Tovar^{1}**Jorge Vargas-Almaraz²*

¹Posgrado en Ciencias Químico Biológicas, Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro, Cerro de las Campanas s/n, Querétaro, México.

²Posgrado en Ciencia y Tecnología de Alimentos, Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro. Cerro de las Campanas s/n, Querétaro, México.

*Autor para la correspondencia: jromero40@alumnos.uaq.mx

RESUMEN

Los β -glucanos son polisacáridos naturales presentes en hongos, levaduras y cereales, ampliamente reconocidos como nutraceuticos por su capacidad de generar beneficios fisiológicos. Estos compuestos ejercen efectos inmunomoduladores, metabólicos y antiinflamatorios mediante la activación simultánea de múltiples receptores celulares, la modulación de la microbiota intestinal y la alteración de procesos fisicoquímicos en el tracto digestivo. Desde la perspectiva de la farmacología de redes, los β -glucanos actúan como agentes multidiana que reconfiguran nodos clave. Esta aproximación permite comprender su potencial preventivo y coadyuvante en diversas enfermedades crónicas, así como los retos para su estandarización como ingredientes funcionales y su aplicación clínica.

Palabras clave: Farmacología de redes, β -glucanos, nutraceuticos.

SUMMARY

β -Glucans are natural polysaccharides found in fungi, yeasts, and cereals, widely recognized as nutraceuticals for their ability to confer physiological benefits. These compounds exert immunomodulatory, metabolic, and anti-inflammatory effects through the simultaneous activation of multiple cellular receptors, modulation of the intestinal microbiota, and alteration of physicochemical processes within the gastrointestinal tract. From a network pharmacology perspective, β -glucans act as multi-target agents that reconfigure key biological nodes. This approach enables a clearer understanding of their preventive and adjuvant potential in various chronic diseases, as well as the challenges associated with their standardization as functional ingredients and clinical application.

Keywords: Network pharmacology, β -glucans, nutraceuticals.

Introducción

¿Te imaginas una molécula capaz de actuar como un director de orquesta en tu cuerpo? Una que coordine el sistema inmunológico, influya en el metabolismo y dialogue simultáneamente con la microbiota intestinal. No se trata de un fármaco sintético, sino de un componente natural ampliamente distribuido: los β -glucanos. Durante años, su estudio se ha abordado desde una perspectiva simplificada, resumiendo sus efectos en frases como “reducen el colesterol” o “estimulan las defensas”. Sin embargo, esta visión fragmentada es como escuchar un solo instrumento y perder la riqueza de toda la sinfonía.

El verdadero valor biológico de los β -glucanos radica en su capacidad para interactuar con redes biológicas complejas, es decir, con sistemas formados por múltiples componentes interconectados que responden de manera coordinada al igual que una orquesta guiada por su director. Este artículo analiza cómo la farmacología de redes ofrece un marco con-

ceptual sólido para entender por qué estos compuestos, aunque no actúan como fármacos tradicionales, pueden ejercer efectos fisiológicos clínicamente relevantes.

¿Qué son los β -glucanos y por qué nos interesan?

Los β -glucanos son polisacáridos formados por unidades de glucosa unidas entre sí mediante enlaces $\beta(1\rightarrow3)$, $\beta(1\rightarrow4)$ o $\beta(1\rightarrow6)$ en combinaciones específicas según la fuente (Figura 1). Se encuentran presentes en las paredes celulares de hongos (*Lentinula edodes*, *Ganoderma lucidum*, *Pleurotus ostreatus*), levaduras (*Saccharomyces cerevisiae*), algunas bacterias y en cereales como la avena y la cebada. Su estructura química (longitud de cadena, grado de ramificación, peso molecular y conformación tridimensional) determina propiedades clave como la solubilidad, la viscosidad y, sobre todo, la actividad biológica. Por ello, abordar los β -glucanos como una sola entidad es una simplificación, ya que distintas

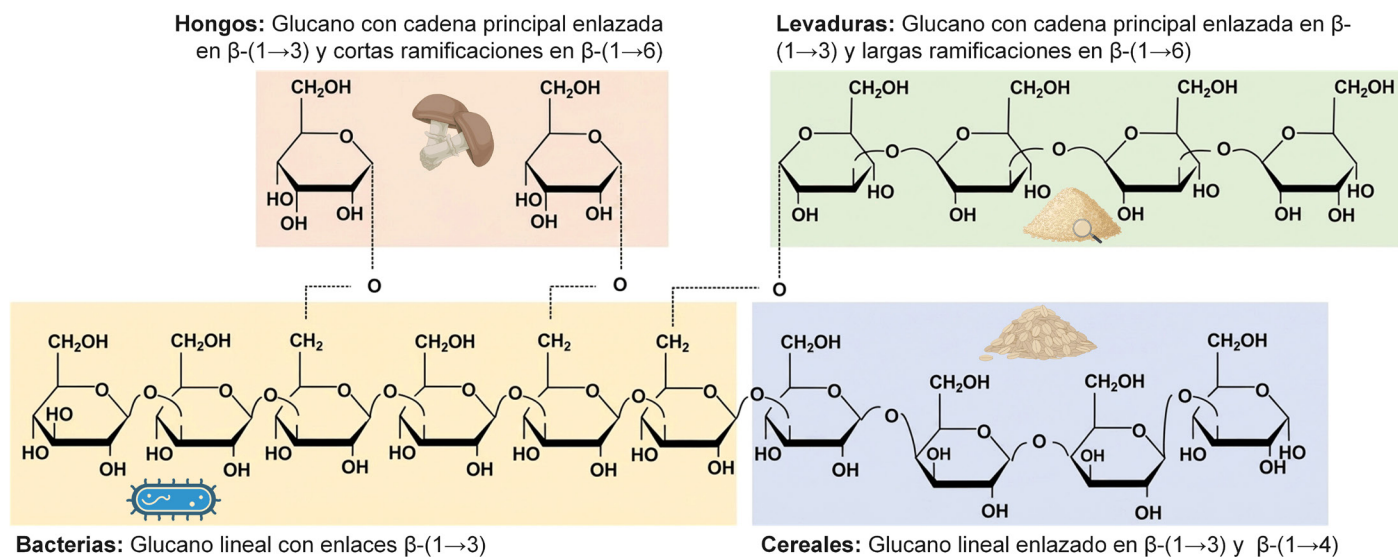


Figura 1. Glucanos y sus estructuras químicas: ejemplos y configuraciones de los β -glucanos derivados de hongos, levaduras, bacterias y cereales. Imagen adaptada de Graaff y col. 2018 [1].

estructuras pueden producir efectos farmacológicos diversos [1].

En la industria alimentaria, los β -glucanos de cereales se emplean ampliamente como fibra soluble para reducir la respuesta glucémica postprandial y el colesterol “malo” (LDL), propiedades de ingrediente funcional reconocidas por organismos regulatorios como la Autoridad Europea de Seguridad Alimentaria (EFSA) y la Administración de Alimentos y Medicamentos (FDA). También, son empleados tecnológicamente como texturizantes, gelificantes y estabilizantes. En la industria cosmética, se utilizan extractos fúngicos por sus propiedades antioxidantes y restauradoras de la piel. Y en biomedicina, los β -glucanos fúngicos y de levadura se exploran como inmunoestimulantes, adyuvantes de vacunas y coadyuvantes en la inmunoterapia oncológica [2, 3].

La farmacología clásica: una diana, un efecto

Por décadas, la farmacología se ha sustentado en un enfoque reduccionista que busca una “llave maestra” (una nueva molécula) capaz de interactuar con una única “cerradura” altamente específica (la diana farmacológica, generalmente una proteína). Al modular este punto particular, se espera desencadenar un efecto terapéutico específico. Este paradigma ha sido clave para numerosos avances médicos y se complementa con el análisis farmacocinético clásico LADME, que describe el recorrido del fármaco en el cuerpo: desde su liberación y absorción, hasta su distribución, metabolismo y excreción.

Sin embargo, este modelo resulta insuficiente para explicar el comportamiento de moléculas tan complejas como los β -glucanos. Estos compuestos no se absorben de forma intacta en grandes cantidades durante el proceso digestivo, dado que no presentan afini-

dad por una única proteína, aun así, producen efectos fisiológicos consistentes [3]. Además, asumir que una molécula tiene un único sitio de interacción ignora que incluso los fármacos más selectivos interactúan con múltiples enzimas y transportadores durante su proceso de biotransformación.

La farmacología de redes: un efecto sistémico de diversas dianas

En contraste, la farmacología de redes plantea que una misma “llave” puede interactuar simultáneamente con múltiples “cerraduras”. Desde esta perspectiva, el efecto terapéutico de una molécula no se atribuye a la modulación de una única diana farmacológica, sino a su capacidad para influir en redes completas de interacciones biológicas en el organismo. Así, más que actuar sobre un punto aislado, estas moléculas contribuyen a reconfigurar sistemas complejos de manera integrada. Desde esta perspectiva, las enfermedades se consideran alteraciones en redes complejas de interacciones moleculares (como metabólicas, inmunológicas, inflamatorias), y el tratamiento farmacológico busca reestablecer ese equilibrio en lugar de solo aliviar sus síntomas [4].

En el caso de los β -glucanos, su acción involucra simultáneamente (Figura 2):

1. Receptores del sistema inmunológico innato.
2. Propiedades fisicoquímicas del contenido intestinal.
3. La composición y actividad metabólica de la microbiota.
4. Vías sistémicas de señalización metabólica e inflamatoria.

Una comparación útil es la del tráfico en la ciudad: cerrar una sola calle rara vez colap-

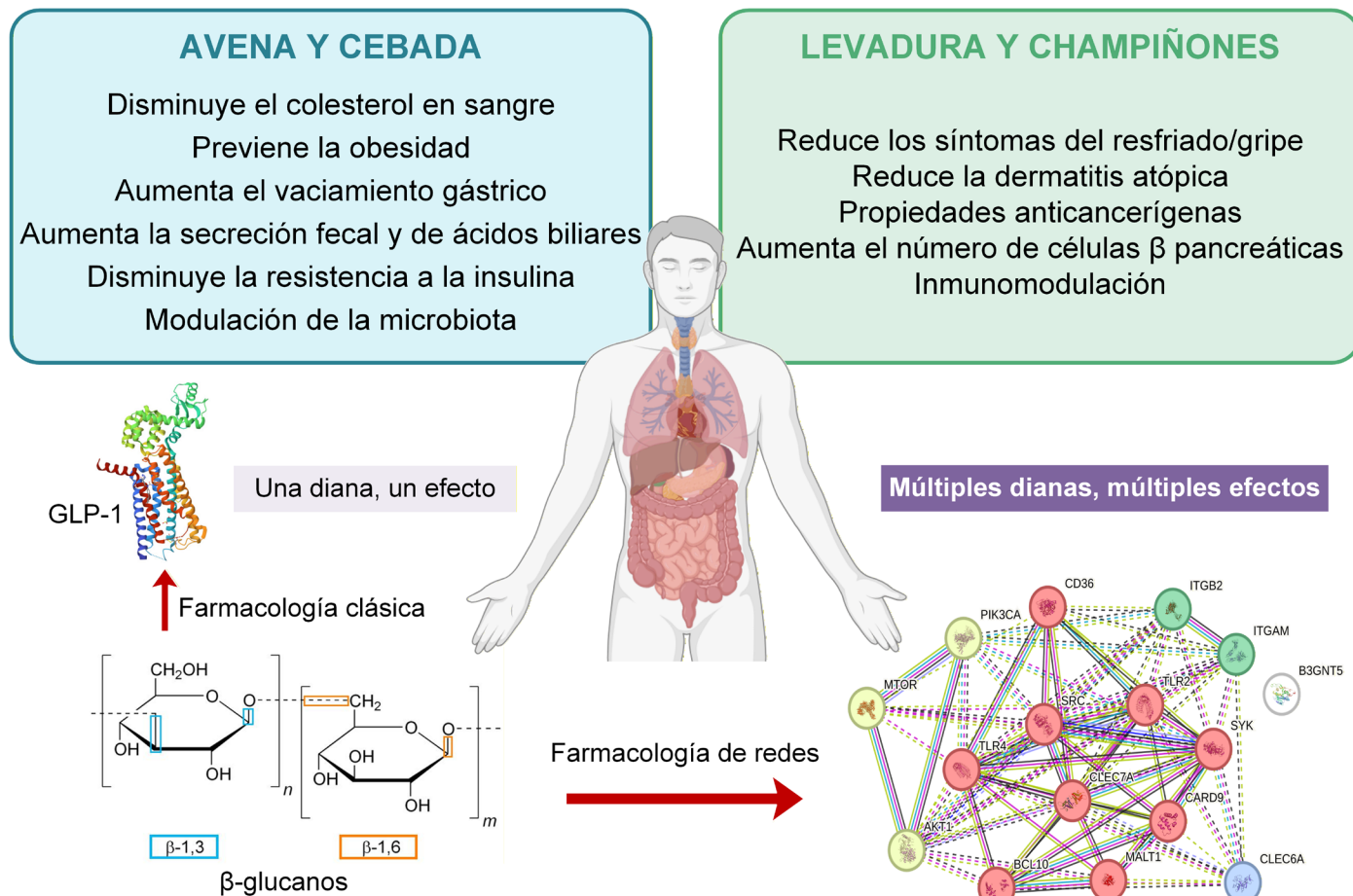


Figura 2. Efectos terapéuticos de los β -glucanos de diferentes fuentes. La figura resume cómo distintas fuentes de β -glucanos convergen en la inmunidad, el metabolismo y la microbiota, facilitando una comprensión integrada de sus efectos sistémicos. Adaptado de Bhoite y col. 2022 [1-7].

sa la ciudad, pero alterar varios cruces estratégicos cambia por completo la circulación vehicular. De manera similar, los β -glucanos no actúan sobre un único “semáforo molecular”, sino que reorganizan múltiples puntos clave de manera coordinada.

Las tres redes clave moduladas por los β -glucanos

1. La red inmunológica

Los β -glucanos son reconocidos por receptores del sistema inmune innato, como Dectin-1 y CR3, presentes en macrófagos,

neutrófilos y células dendríticas. Su activación desencadena cascadas de señalización intracelular (que involucran rutas como NF- κ B, MAPK y PI3K/Akt) que no solo inducen una respuesta inflamatoria controlada, sino que también pueden generar inmunidad entrenada, es decir, una reprogramación funcional que permite a las células responder con mayor eficacia a estímulos futuros [1, 2].

Se ha observado en modelos experimentales que este mecanismo ayuda a explicar por qué el consumo regular de β -glucanos se asocia con una menor incidencia de infecciones respiratorias y con un mejor desempeño del sistema inmune, sin provocar una activación

descontrolada [6].

2. La red metabólica y cardiovascular

En los β -glucanos de cereales, la reducción del colesterol y de los picos glucémicos se ha atribuido tradicionalmente a su capacidad para aumentar la viscosidad intestinal que actúa como barrera en la absorción de la glucosa y de los ácidos grasos. No obstante, desde una visión de redes, este efecto fisicoquímico desencadena consecuencias bioquímicas. Entre ellas, modula la liberación de hormonas intestinales como GLP-1 y PYY, influye en la señalización metabólica central y mejora la sensibilidad a la insulina [6-7].

Adicionalmente, su fermentación en el colon mediada por la microbiota asociada, produce ácidos grasos de cadena corta (AGCC), moléculas con múltiples efectos antiinflamatorios y cardioprotectores sistémicos [4].

3. La red microbiota-huésped

Los β -glucanos funcionan como prebióticos selectivos, favoreciendo el crecimiento de bacterias beneficiosas como *Firmicutes* y *Bacteroidetes* que son importantes para mantener en equilibrio la microbiota intestinal. Los metabolitos generados durante su fermentación actúan como señales químicas que influyen en la inflamación, el metabolismo energético e incluso sobre el eje intestino-cerebro [4, 6].

Limitaciones y retos traslacionales

A pesar de las diversas actividades farmacológicas de los β -glucanos, persisten desafíos importantes. En primer lugar, la heterogeneidad estructural entre fuentes de obtención y lotes, los cambios inducidos por los procesos industriales y la variabilidad dificultan la estandarización de un proceso industrial. Es fundamental subrayar que los alimentos nutracéuticos y funcionales no son medicamentos ni sustituyen a la medicina alopática. Su papel

debe entenderse como preventivo o coadyuvante, especialmente en enfermedades multifactoriales como la diabetes, la hipertensión o los trastornos inflamatorios crónicos. Por ello, sus efectos deben interpretarse en el contexto de una dieta habitual y de la evidencia disponible [6].

La frontera de la farmacología de redes

La farmacología de redes encaja naturalmente en las tendencias actuales que dan forma a la medicina personalizada y de precisión. Este enfoque reconoce que las enfermedades crónicas no son el resultado de una alteración única, sino de desequilibrios simultáneos en múltiples rutas moleculares que interactúan de forma compleja. En este contexto, comprender cómo un individuo responde a un tratamiento implica considerar su perfil genético, metabólico, inmunológico y microbiano. Los β -glucanos ilustran con claridad esta lógica, ya que su efecto depende de su estructura molecular, la microbiota intestinal y el estado fisiopatológico del organismo. Por lo tanto, la farmacología de redes no solo permite explicar su variabilidad de respuesta, sino que también proporciona un marco conceptual coherente para integrar datos ómicos y avanzar hacia intervenciones nutricionales y farmacológicas más personalizadas [4].

De modo similar, la farmacología de redes abre nuevas posibilidades en áreas como la biotecnología, promoviendo el diseño racional de fármacos multidiana, la comprensión de los mecanismos de acción de los alimentos nutracéuticos, el desarrollo de alimentos funcionales personalizados, la identificación de combinaciones sinérgicas entre compuestos bioactivos, y la integración de herramientas ómicas para anticipar y comprender respuestas biológicas sumamente complejas [2].

Conclusiones

Los β -glucanos son mucho más que un ingrediente funcional; son moduladores de redes biológicas que ejemplifican cómo los componentes de nuestra dieta pueden ejercer efectos farmacológicos relevantes mediante la modulación sistémica en nuestro organismo. Con base en la literatura reciente, su implementación en la dieta humana se alinea con las tendencias alimentarias de 2026 publicadas por NewNutrition Business, orientadas a la búsqueda de carbohidratos de calidad y al manejo de enfermedades digestivas y metabólicas. Finalmente, la farmacología de redes nos permite evaluar su verdadero potencial, no como “superalimentos”, sino como moduladores complejos y sostenibles de la inmunidad, el metabolismo y la simbiosis con nuestra microbiota. Su estudio y aplicación representan una convergencia fascinante entre la nutrición, la inmunología y la farmacología para redefinir lo que significa gestionar nuestra salud de manera holística.

Agradecimientos

Agradecemos a la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI) por las becas otorgadas a los autores (CVU 1347682 y 1236146). Durante la preparación de este trabajo, los autores utilizaron DeepSeek V3.1 para mejorar la legibilidad y el lenguaje del manuscrito. Después de usar esta herramienta, los autores revisaron y editaron el contenido según fue necesario y asumen toda la responsabilidad por el contenido del artículo publicado.

Glosario

Farmacología de redes: Enfoque que estudia cómo una molécula puede afectar múltiples procesos del cuerpo al mismo tiempo,

al interactuar con varias partes interconectadas (redes biológicas), en lugar de actuar sobre una sola diana farmacológica específica.

Diana farmacológica: Biomolécula del cuerpo (generalmente una proteína) con la que interactúa una molécula o fármaco para producir un efecto. Es el “sitio de acción” donde ocurre la respuesta biológica.

Vías de señalización celular

Conjunto de procesos mediante los cuales las células reciben y responden a señales externas. Funcionan como cadenas de comunicación internas que permiten a la célula tomar decisiones, como activarse, dividirse o defenderse.

Microbiota intestinal: Conjunto de microorganismos (principalmente bacterias) que habitan en el intestino. Estas comunidades influyen en la digestión, el sistema inmunológico y el metabolismo.

Nodos biológicos: Elementos individuales dentro de una red biológica, como genes, proteínas o metabolitos, que interactúan entre sí para llevar a cabo funciones en el organismo.

Interacciones intermoleculares: Relaciones entre moléculas (como proteínas, lípidos o carbohidratos) que permiten que ocurran procesos biológicos, como la activación de una célula o la transmisión de señales.

Referencias

- [1] De Graaff, P., Govers, C., Wichers, H. J., & Debets, R. (2018). Consumption of β -glucans to spice up T cell treatment of tumors: a review. *Expert Opinion on Biological Therapy*, 18(10), 1023–1040. <https://doi.org/10.1080/014712598.2018.1523392>
- [2] Sarkar, N., Mahajan, A. A., Pathak, S., Seth, P., Chowdhury, A., Ghose, I., Das, S., Chowdhury, R., Bera, A., Dey, A., Dutta, A., Majumder, I., Ghosh, S., Rajendran, R. L., & Gangadaran, P. (2025). Beta-Glucans in

Biotechnology: A Holistic Review with a Special Focus on Yeast. *Bioengineering*, 12(4), 365. <https://doi.org/10.3390/bioengineering12040365>

[3] Du, B., Meenu, M., Liu, H., & Xu, B. (2019). A Concise Review on the Molecular Structure and Function Relationship of β -Glucan. *International Journal of Molecular Sciences*, 20(16), 4032. <https://doi.org/10.3390/ijms20164032>

[4] Merecz-Sadowska, A., Sadowski, A., Zielińska-Bliźniewska, H., Zajdel, K., & Zajdel, R. (2025). Network Pharmacology as a Tool to Investigate the Antioxidant and Anti-Inflammatory Potential of Plant Secondary Metabolites—A Review and Perspectives. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(14), 6678. <https://doi.org/10.3390/ijms26146678>

[5] Bhoite, R., Satyavrat, V., & Premasudha Sadananda, M. (2022). Clinical benefits of β -glucan supplementation in children: A review. *Discover Food*, 2(1), 37. <https://doi.org/10.1007/s44187-022-00038-0>

[6] Ciecierska, A., Drywień, M.E., Hamułka, J., & Sadowski, T. (2019). Nutraceutical functions of beta-glucans in human nutrition. *Roczniki Panstwowego Zakładu Higieny*, 70 4, 315-324. <https://doi.org/10.32394/rpzh.2019.0082>

[7] Lante, A., Canazza, E., & Tessari, P. (2023). Beta-Glucans of Cereals: Functional and Technological Properties. *Nutrients*, 15(9), 2124. <https://doi.org/10.3390/nu15092124>

Sección: Hot Science

De orugas a vacunas: cómo se producen vacunas con células de insecto y baculovirus

From caterpillars to vaccines: how vaccines are produced using insect cells and baculoviruses

Francisca Villanueva-Flores^{1*}

Igor Garcia-Atutxa²

¹Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología, 1036 Z-1, P 2/2, 62790 Atlacholoaya, Morelos, México.

²Universidad Católica de Murcia (UCAM), Av. de los Jerónimos, 135, 30107, Murcia, España.

*Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx

RESUMEN

¿Te imaginas que un pequeño gusano pueda ayudarnos a fabricar vacunas? Esto ya es una realidad gracias al sistema células de insecto-baculovirus, que permite producir proteínas recombinantes empleadas en vacunas actuales. En productos como la vacuna antigripal recombinante Flublok®, este sistema evita el uso de huevos embrionados y permite obtener antígenos mediante biotecnología. Además, tecnologías basadas en células de insecto ya se han utilizado en vacunas aprobadas contra la influenza, el VPH y la COVID-19, y se exploran para producir otras proteínas de interés biomédico.

Palabras clave: Células de insecto, baculovirus, vacunas, proteína recombinante.

SUMMARY

Can you imagine a small caterpillar helping us produce vaccines? This is now a reality thanks to the insect cell-baculovirus system, which can produce proteins used in current vaccines. In products such as the recombinant influenza vaccine Flublok®, this system avoids the use of embryonated eggs and enables antigen production through recombinant biotechnology. Insect cell-based technologies have also been used in approved vaccines against influenza, HPV, and COVID-19, and they are being explored to produce other proteins of biomedical interest.

Keywords: Insect cells, baculovirus, vaccines, recombinant protein.

Introducción

Imagina un mundo en el que una pequeña oruga pudiera producir nuestras vacunas y medicamentos. ¿Te parece ciencia ficción? Aunque suene así, hoy es una realidad gracias a un aliado microscópico llamado baculovirus, un virus que infecta de manera natural a ciertos insectos y que puede usarse como herramienta biotecnológica (Figura 1). Este sistema ha permitido convertir las células de insecto en una plataforma útil para la producción de proteínas recombinantes con aplicaciones biomédicas [1, 2]. Para entender cómo esta idea pasó de parecer ciencia ficción a convertirse en una herramienta real de la biotecnología, vale la pena regresar al momento en que comenzó a estudiarse este sistema. Esto se logró con el uso de herramientas de biología molecular, como la clonación de restos de ADN conservado en colmillos y cráneo del lobo terrible, la edición del genoma del lobo gris y su inclusión en óvulos para generar una especie sustituta (en inglés, proxy species) de mayor tamaño, una fuerte mandíbula y pelaje blanco espeso. Políticos y hasta académicos han expresado la gran utilidad que esto representaría

para la conservación y des-extinción de especies. Pero ¿se trata realmente de una des-extinción?

De accidentes científicos a diminutas fábricas de proteínas

La historia comienza en la década de 1980, cuando dos científicos de la Universidad de Texas, Max D. Summers y Gale Smith, investigaban cómo los baculovirus infectaban a los insectos. Al trabajar con células de insecto, descubrieron de manera inesperada que, al modificar estos virus, era posible introducir nuevos genes en las células y lograr que produjeran grandes cantidades de proteínas recombinantes. Estas son proteínas obtenidas al introducir en la célula un gen diseñado o seleccionado en el laboratorio [1].

El proceso puede resumirse así: primero, el baculovirus modificado se introduce en un cultivo de células de insecto y entra en la célula hasta llegar al núcleo. Después, aprovecha la maquinaria celular para copiar su material genético y, más adelante, producir nuevas partículas virales.

En la etapa denominada “muy tardía”, las células infectadas comienzan a producir

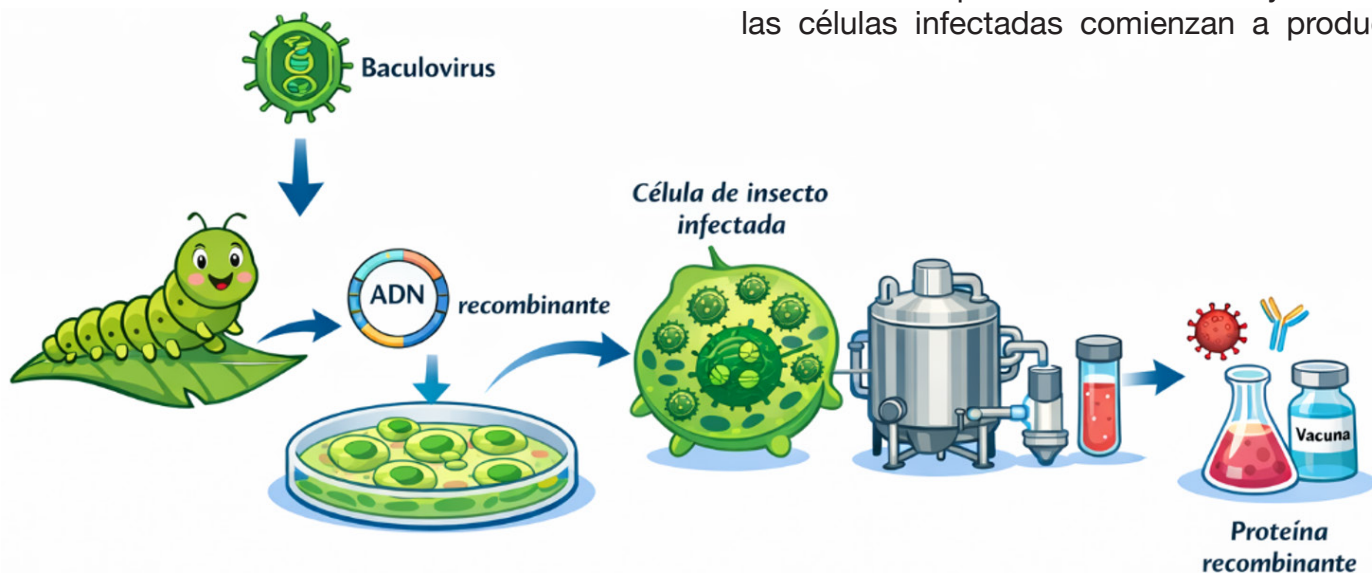


Figura 1. Caricatura del proceso de producción de vacunas mediante el sistema baculovirus-insecto. Figura elaborada con Chat GTP 5.4.

grandes cantidades de la proteína recombinante deseada. Esa proteína puede utilizarse, por ejemplo, como antígeno vacunal, es decir, como componente de una vacuna que desencadena una respuesta inmunitaria frente a un patógeno, o como otra molécula de interés médico. Después, se recolecta y se purifica para su uso en medicina. Así, lo que comenzó como un hallazgo inesperado terminó por transformar la manera en que producimos medicamentos y vacunas [1, 2]. La Figura 2 resume este proceso.

Entre las especies de insectos estudiadas,

el gusano cogollero (*Spodoptera frugiperda*, Sf), una plaga agrícola conocida por alimentarse del maíz y otros cultivos ocupó un lugar destacado, ya que de él se aislaron las líneas celulares Sf9 y Sf21. Estas células se reproducen con facilidad en el laboratorio y toleran bien las condiciones de cultivo y la infección por baculovirus, lo que las hace especialmente útiles para la producción de proteínas recombinantes. En cierto sentido, funcionan como pequeñas biofábricas vivas: reciben instrucciones genéticas precisas y producen proteínas de manera eficiente [2].

Vamos a ver por qué estas células resul-

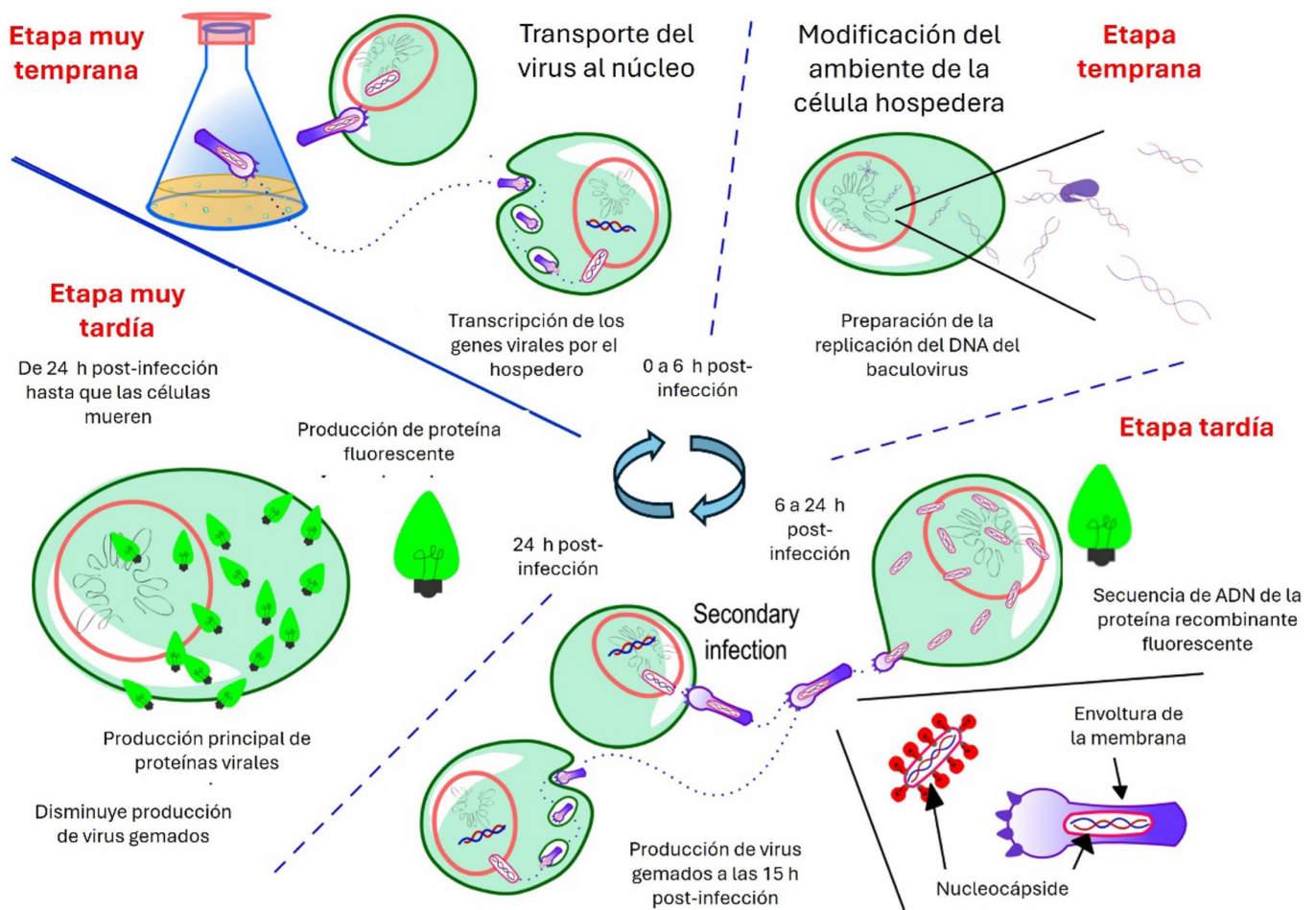


Figura 2. Esquema simplificado del proceso mediante el cual los baculovirus modificados infectan células de insecto para producir proteínas recombinantes. En la etapa muy temprana, el virus entra en las células y se dirige al núcleo. En la etapa temprana (0 a 6 horas post-infección), el virus reorganiza algunas funciones de la célula para favorecer la copia de su material genético. Durante la etapa tardía (6 a 24 horas post-infección), comienza la producción de nuevos virus gemados que infectarán otras células. Finalmente, en la etapa muy tardía (desde las 24 horas post-infección hasta la muerte celular), la célula produce grandes cantidades de la proteína recombinante deseada, que puede emplearse en medicina, por ejemplo, como antígeno vacunal. Adaptado de [1].

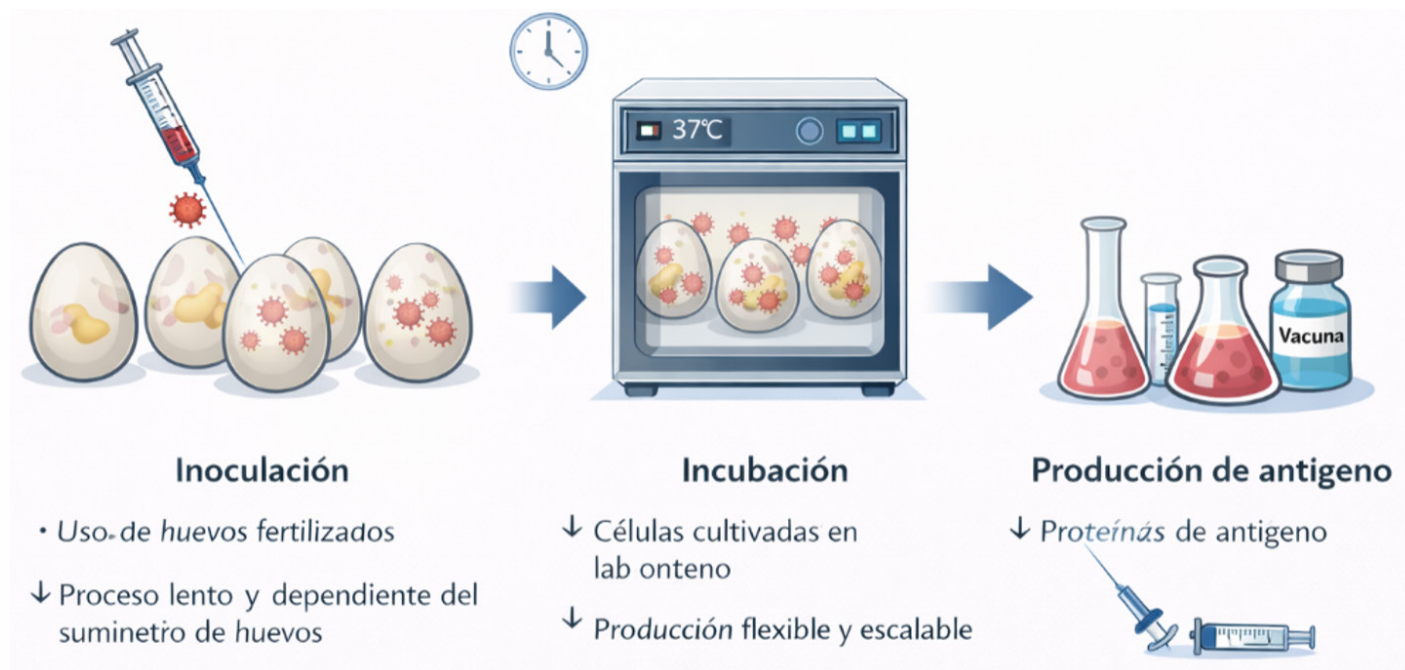


Figura 3. Caricatura del proceso de producción de vacunas en huevos embrionados. La imagen muestra las etapas principales: inoculación del virus en huevos fertilizados, incubación para la multiplicación viral y obtención del antígeno final utilizado en la formulación de vacunas. Figura elaborada con Chat GTP 5.4.

taron tan valiosas; conviene compararlas con uno de los métodos tradicionales de fabricación de vacunas: los huevos embrionados. Durante décadas, muchas vacunas se han producido en este sistema, aunque este método no está exento de limitaciones. Además de requerir grandes cantidades de huevos y tiempos de producción prolongados, algunos virus pueden adaptarse a ese entorno, lo que, en ciertos casos, puede afectar la eficacia final de la vacuna [2, 3]. La Figura 3 muestra de forma esquemática este proceso.

De huevos a células de insecto: una evolución en la producción de vacunas

Para visualizar cómo pasamos de los métodos tradicionales a plataformas más modernas, conviene comparar la producción de vacunas en huevos embrionados con la basada en el sistema células de insecto-baculovirus.

Esta comparación es útil porque la producción de huevos ha sido, durante décadas, uno de los métodos más utilizados, pero presenta limitaciones de tiempo, de escalado y de dependencia de ese insumo biológico.

Las proteínas recombinantes producidas en células de insecto pueden utilizarse como antígenos vacunales, es decir, como componentes de una vacuna que desencadenan una respuesta inmunitaria específica frente a un patógeno. Sin embargo, para formar parte de una vacuna, cada formulación debe demostrar su seguridad y eficacia primero en estudios preclínicos, que son pruebas iniciales realizadas en el laboratorio y, en algunos casos, en modelos animales para evaluar si el candidato vacunal es seguro y si puede generar una respuesta inmunitaria, y después en ensayos clínicos, que son estudios realizados en personas para confirmar su seguridad, determinar la dosis adecuada y comprobar si realmente protege frente a la enfermedad.

Entre los ejemplos mejor documentados

de esta plataforma se encuentran vacunas recombinantes contra la influenza, como Flublok®; vacunas frente al VPH, como Cervarix®; y vacunas contra la COVID-19 basadas en proteínas recombinantes, como Nuvaxovid®/Novavax [2, 3]. Uno de los casos más representativos es Flublok®, una vacuna antigripal elaborada a partir de hemaglutinina recombinante, es decir, una proteína del virus de la influenza producida en el laboratorio que puede inducir una respuesta inmunitaria protectora. A diferencia del sistema en huevos embrionados, este método no depende de ese insumo y permite obtener el antígeno mediante una estrategia recombinante [3]. Estas diferen-

cias generales entre ambos sistemas se resumen en la Figura 4.

Flublok®: Un caso de éxito impulsado por la colaboración México-EE.UU.

Uno de los casos más representativos de esta plataforma es Flublok®, una vacuna antigripal elaborada a partir de hemaglutinina recombinante producida mediante el sistema células de insecto-baculovirus. Su desarrollo mostró que esta tecnología podía aplicarse de manera práctica en la fabricación de vacunas y no solo en el ámbito experimental.

Producción de vacunas en huevo



- Largos tiempos de producción
- Riesgo de alergias
- Riesgo de contaminación por virus aviares
- Dependencia estacional y logística
- Variabilidad en la producción

Producción de vacunas en el sistema célula de insecto-baculovirus



- Menor tiempo de producción
- Producción escalable y controlada
- Menos riesgo de contaminación por patógenos
- Menor variabilidad entre lotes
- Adecuada para proteínas complejas
- Sin dependencia estacional

Figura 4. Comparación esquemática entre la producción tradicional de vacunas en huevos embrionados y la producción basada en el sistema células de insecto-baculovirus.

En México, este avance también abrió oportunidades de colaboración científica y regulatoria. En ese contexto, la Dra. Laura A. Palomares Aguilera, investigadora del Instituto de Biotecnología de la UNAM, desempeñó un papel relevante en el estudio de las proteínas empleadas en este tipo de vacunas, así como en el fortalecimiento de las capacidades analíticas y de control de calidad en el país. En colaboración con la empresa estadounidense Protein Sciences Corporation, su grupo aportó experiencia tecnológica, métodos analíticos para la evaluación de estas proteínas e impulsó la adopción de herramientas de control de calidad en instituciones como la COFEPRIS, la autoridad encargada de evaluar y autorizar productos para la salud en México [4, 5].

Más allá de las vacunas: otras proteínas exitosas

El sistema baculovirus–células de insecto no solo ha revolucionado la fabricación de vacunas, sino que también se ha convertido en una herramienta valiosa para obtener proteínas terapéuticas y diagnósticas, es decir, moléculas que pueden usarse para tratar enfermedades o para ayudar a detectarlas. Además del ámbito vacunal, esta plataforma puede emplearse para producir otras proteínas de interés biomédico, como hormonas humanas. Un ejemplo es la hormona del crecimiento, utilizada en niñas y niños con trastornos del crecimiento para favorecer un desarrollo adecuado.

Esta tecnología también ha resultado útil para generar enzimas terapéuticas, entre ellas el activador tisular del plasminógeno (tPA), una proteína que acelera las reacciones químicas en el organismo. En este caso, el tPA ayuda a disolver los coágulos sanguíneos. Por ello, tiene aplicaciones médicas bien conocidas en ciertas emergencias cardiovasculares y cerebrovasculares, en las que favorece el restablecimiento de la circulación.

Asimismo, esta plataforma ha sido explorada para la producción de anticuerpos monoclonales, proteínas diseñadas para unirse de manera muy específica a una molécula diana, como una proteína presente en células cancerosas o un componente implicado en enfermedades autoinmunes. Sin embargo, en este tipo de productos, el grado de desarrollo tecnológico y la validación clínica pueden variar según la molécula, debido a retos adicionales de producción y de caracterización.

Otro de sus aportes importantes es la obtención de proteínas diagnósticas, o reactivos recombinantes, utilizadas en pruebas que permiten detectar de manera temprana enfermedades infecciosas y crónicas. Estas herramientas han contribuido a que muchos métodos diagnósticos sean hoy más rápidos y confiables, lo que favorece una atención médica más oportuna.

En conjunto, la variedad de proteínas que pueden obtenerse mediante esta tecnología muestra que sus aplicaciones van mucho más allá del ámbito vacunal. Desde el punto de vista sanitario, esto amplía las posibilidades de disponer de nuevas herramientas para prevenir, diagnosticar y tratar enfermedades. En el caso de México, también abre oportunidades para fortalecer las capacidades científicas y tecnológicas en biomedicina.

Perspectivas

Precisamente porque esta plataforma ya ha demostrado diversas aplicaciones, hoy resulta pertinente preguntarse hacia dónde podría avanzar en los próximos años. Tras consolidarse como una herramienta útil para la producción de antígenos recombinantes, el sistema células de insecto-baculovirus empieza a explorarse con mayor amplitud en otras áreas biomédicas. Su versatilidad abre nuevas posibilidades para el desarrollo de tratamientos frente a enfermedades complejas, como el

cáncer y los trastornos autoinmunes.

Para aprovechar al máximo el potencial de estas biofábricas vivientes, será fundamental fortalecer la colaboración entre la academia, la industria y las autoridades regulatorias. Solo mediante este trabajo conjunto será posible impulsar terapias avanzadas que sean no solo más eficaces y seguras, sino también más accesibles para la población.

En el caso de México, fortalecer la capacidad nacional para producir vacunas y otros productos biotecnológicos representa una prioridad estratégica, especialmente ante crisis sanitarias como las pandemias. La experiencia de la COVID-19 dejó claro que contar con capacidades tecnológicas propias permite responder con mayor rapidez a las emergencias de salud pública y disminuir la dependencia del exterior.

Avanzar hacia esta soberanía biotecnológica daría al país un mayor control sobre el abasto, la calidad y el costo de estos productos esenciales, además de favorecer un acceso más equitativo a la salud. Al mismo tiempo, impulsaría la creación de empleos especializados y el desarrollo científico, tecnológico y económico, con el potencial de posicionar a México como referente regional en biomedicina y biotecnología.

Conclusiones

El sistema de células de insecto-baculovirus se ha utilizado para la producción de antígenos recombinantes y vacunas. Su aplicación en productos ya aprobados muestra que puede ser una opción útil para desarrollar estrategias biomédicas orientadas a la prevención de enfermedades infecciosas.

Asimismo, su capacidad para generar diversas proteínas recombinantes amplía sus posibilidades de uso biotecnológico. Por ello, esta tecnología también se estudia en el desa-

rollo de productos con posibles aplicaciones terapéuticas y diagnósticas frente a enfermedades complejas, como el cáncer y los trastornos autoinmunes.

Agradecimientos

Este trabajo fue realizado con el apoyo financiero del Instituto Politécnico Nacional, a través de los proyectos SIP20254781 y MULTI-2026-0029-M3, así como del proyecto CBF-2025-I-1532, otorgado en el marco de la Convocatoria de Ciencia Básica y de Frontera 2025 de la SECIHTI.

Referencias

- [1] Paz-Cortés, E., Pastor, A. R., Salinas-Marín, R., Ramírez, O. T., & Palomares, L. A. (2025). Molecular characterization of the effects of heat shock on the infection cycle progression and productivity of the baculovirus expression vector system. *PLoS one*, 20(4), e0320917. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0320917>
- [2] Cox, M. M. J. (2012). Recombinant protein vaccines produced in insect cells. *Vaccine*, 30(10), 1759-1766. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2012.01.016>
- [3] Felberbaum, R. S. (2015). The baculovirus expression vector system: A commercial manufacturing platform for viral vaccines and gene therapy vectors. *Biotechnology Journal*, 10(5), 702-714. <https://doi.org/10.1002/biot.201400438>
- [4] Palomares, L. A., Estrada-Mondaca, S., & Ramírez, O. T. (2004). Production of recombinant proteins: challenges and solutions. In R. I. Freshney & G. N. Stacey (Eds.), *Culture of Animal Cells: A Manual of Basic Technique and Specialized Applications* (6th ed., pp. 669-692). Wiley.
- [5] Treanor JJ, Schiff GM, Hayden FG, Brady RC, Hay CM, Meyer AL, Holden-Wiltse J, Liang H, Gilbert A, Cox MMJ. (2007). Safety and immunogenicity of a baculovirus-expressed hemagglutinin influenza vaccine: a randomized controlled trial. *JAMA*, 297(14):1577-1582. <https://doi.org/10.1001/jama.297.14.1577>

Sección: Cápsulas del tiempo

La ciudad como laboratorio

The city as a laboratory

*Miguel Ángel Reyes-López*¹*Carlos Machain-Williams*²*Francisca Villanueva-Flores*^{3*}

¹Centro de Biotecnología Genómica. Laboratory of Conservation Medicine, Instituto Politécnico Nacional (IPN), Blvd. Del Maestro SN, Narciso Mendoza, 88710, Reynosa, Tamaulipas, México.

²Estudios en Una Salud, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Ingeniería Campus Palenque, Instituto Politécnico Nacional (IPN), Carretera Federal 199, Nueva Esperanza, 29960, Palenque, Chiapas, México.

³Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada (CICATA), Unidad Morelos, Instituto Politécnico Nacional (IPN), Boulevard de la Tecnología 1036, Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos, México.

*Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx

RESUMEN

Las ciudades son ecosistemas donde ratas, palomas y murciélagos pueden funcionar como “sensores vivos” de cambios biológicos. Al convivir con basura, agua, alimentos, mascotas y alcantarillas, se acumulan rastros que permiten detectar señales tempranas de riesgo. Este artículo propone anticiparnos mediante muestras sencillas y no invasivas, antes de que aparezcan casos de infección o brotes en personas y animales, o signos de deterioro ambiental. Estas señales incluyen microbios, virus y fragmentos de material genético. Integradas en varias capas, se resumen en un semáforo por zonas que mide el nivel de atención requerido en cada área.

Palabras clave: Ritmos circadianos, vigilancia zoonótica, metagenómica viral, Una Salud.

SUMMARY

Cities are ecosystems where rats, pigeons, and bats can function as “living sensors” of biological change. By living among waste, water, food sources, pets, and sewers, they accumulate traces that can reveal early warning signs of risk. This article proposes getting ahead of potential problems through simple, non-invasive sampling, before cases of infection or outbreaks appear in people and animals, or signs of environmental deterioration emerge. These signals include microbes, viruses, and fragments of genetic material. Integrated across several layers, they can be summarized in a zone-based traffic-light system that measures the level of attention required in each area.

Keywords: Circadian rhythms, zoonotic surveillance, viral metagenomics, One Health.

Introducción

De noche, cuando la ciudad baja el volumen, siguen pasando cosas. Una rata cruza una coladera, una paloma se acomoda en una cornisa, un murciélago traza rutas invisibles entre farolas... y, sin que lo notemos, microbios flotan sobre nuestras cabezas y, a veces, terminamos respirándolos. Solemos verlos como “plaga” o “molestia”. Pero, si hacemos zoom, también pueden ser otra cosa: sensores vivos de enfermedades y de otros cambios biológicos que ocurren en la ciudad.

Cuando aquí hablamos de “sensores vivos”, no queremos decir que los animales midan como lo haría un aparato. Queremos decir que en sus heces, saliva, piel o en el ambiente que los rodea pueden aparecer señales biológicas que ayudan a detectar la posible circulación de agentes infecciosos y otros cambios en la zona. Esas señales pueden ser virus, bacterias, hongos, fragmentos de ADN o ARN, o respuestas del propio organismo ante infección o estrés.

El problema no es la falta de ciencia, sino el enfoque: muchos agentes infecciosos, como virus, bacterias, hongos o parásitos, pueden circular primero en animales urbanos o en el ambiente sin causar de inmediato un brote visible. Detectarlos a tiempo exige mirar más allá de una lista corta de “enemigos famosos”. A menudo llegamos tarde, cuando el animal ya está enfermo, o cuando ya aparecen casos en personas o en animales domésticos o silvestres, aunque el animal que porta ese agente infeccioso puede verse perfectamente sano [1].

La idea que está ganando fuerza cambia el tablero: pasar de reaccionar a anticiparnos. No se trata de “adivinar” brotes, sino de vigilar mejor: elegir dónde buscar, confirmar señales tempranas (como microbios, fragmentos de material genético o cambios en moléculas del propio organismo) y actuar antes de que haya casos.

Para que funcione, hay un paso clave: conocer lo normal de cada zona. Hacer un “mapa base” de cómo se ve la ciudad cuando todo está en equilibrio. Sin ese punto de partida, cualquier cambio puede ser solo una variación natural. Con él, las diferencias sí hablan: permiten distinguir el ruido de fondo de las señales que merecen atención. En pocas palabras: antes de detectar lo peligroso, hay que entender lo habitual [1].

¿Qué significa “internet biológico”?

El “internet biológico” es una forma de imaginar la ciudad como una red que intercambia información, al igual que internet. Solo que aquí los “nodos” no son computadoras: son animales, microbios, el agua, el aire, la basura, las alcantarillas, los parques, las plantas y también las personas. Y lo que “circula” no son mensajes, sino rastros biológicos: microbios, restos genéticos y señales de cómo responden los organismos al entorno.

No se trata de vigilar a individuos, sino de ver el panorama general: qué señales aparecen, dónde cambian y cómo se mueven con el tiempo en distintos barrios. La idea es detectar patrones, no señalar culpables.

Lo interesante es que esas señales existen incluso antes de que haya gente gravemente enferma: el reto es aprender a leerlas. Es como la seguridad vial: una cosa es contar choques cuando ya ocurrieron y otra es detectar señales previas que anuncian problemas. Además, juntar varias señales ayuda mucho: una sola puede ser ruido, pero si dos o tres apuntan en la misma dirección, ya es un aviso temprano... e incluso puede revelar “sorpresas” que nadie estaba buscando.

Cómo se “escucha” a los sensores sin convertir esto en una cacería

Cuando hablamos de vigilar la fauna urbana, mucha gente imagina trampas y sacrificios. Pero en realidad, gran parte de la información puede obtenerse sin dañar animales, con muestras sencillas del entorno: heces, saliva, hisopos, agua, lodo o guano; y solo en casos puntuales, con capturas controladas y mínimas.

Si aparece una señal de alerta, se emplean pruebas de laboratorio muy específicas para confirmar la presencia de un agente infeccioso concreto, por ejemplo, un virus, una bacteria o un hongo. Y aquí entra un detalle práctico importante: no todas las muestras se conservan igual. Algunas señales aguantan más; otras se degradan rápido, por lo que, tan importante como la técnica, es cuidar la muestra desde que se toma en la calle hasta que llega al laboratorio [2].

Cinco capas, cinco tipos de pistas

1. **MicroRNAs:** señales tempranas de respuesta. Son moléculas muy pequeñas que ayudan a regular el funcionamiento de la célula. Cuando hay infección o estrés, sus niveles pueden variar. Por eso sirven como una pista temprana de que el organismo está reaccionando, aunque por sí solas no indican cuál es la causa [3].
2. **Genes de interfaz:** la cerradura y la llave. Un virus solo puede entrar en una célula si logra unirse a ciertas moléculas de su superficie. Esas moléculas funcionan como “cerraduras” y el virus necesita una “llave” compatible para entrar. Como no todos los animales tienen la misma “cerradura”, saber dónde encaja mejor ayuda a enfocar la vigilancia y la prevención en los puntos de mayor riesgo [4].
3. **Microbioma y micobioma:** el vecindario microbiano. Aquí se observa qué bacterias y hongos son más comunes en una muestra y cómo cambian con el tiempo. Las regiones 16S e ITS son fragmentos del material genético que ayudan a identificar bacterias y hongos, algo así como etiquetas de identificación. Si de manera sostenida disminuye la diversidad o se domina un grupo, eso puede indicar cambios en el entorno, como la humedad, los residuos, la contaminación o el estrés. No confirma una enfermedad, pero sí puede indicar que una zona se está volviendo más favorable para ciertos agentes [5, 6].
4. **Viromics:** el radar de lo conocido y lo desconocido. En vez de buscar un solo virus, esta aproximación analiza el conjunto de material genético viral presente en la muestra. Eso permite detectar tanto virus ya conocidos como señales de otros que aún no se estaban buscando de forma específica. Sin embargo, encontrar material genético viral no basta para afirmar que hay una infección activa: hace falta confirmar cuánto hay, si se repite y si coincide con otras señales [7].
5. **Transcriptómica:** la respuesta del organismo en tiempo real. Esta herramienta mide qué genes están activos en un tejido en un momento determinado. Puede compararse con una “película” de lo que el cuerpo está haciendo: si está activando defensas, si hay inflamación o señales de estrés. No identifica por sí sola al agente responsable, pero ayuda a detectar actividad biológica incluso cuando el animal se ve sano por fuera [8].

El semáforo de riesgo: una forma simple de aterrizarlo

Imagina un semáforo por zona (colonia, parque, mercado), no para asustar, sino para priorizar acciones. Ese semáforo no mide “qué



Figura 1. Resumen de cinco tipos de pistas que pueden combinarse para la vigilancia temprana en ciudades. Los microARN indican si el organismo está reaccionando; los genes de interfaz ayudan a estimar qué especies podrían ser más susceptibles; el microbioma y el micobioma reflejan cambios en el entorno; el viroma permite detectar virus conocidos y desconocidos; y la transcriptómica muestra cómo responde el organismo. Al integrar estas capas, es posible decidir mejor dónde conviene vigilar y qué hallazgos vale la pena confirmar en el laboratorio. Imagen generada con ChatGPT 5.2 de OpenAI.

tan enferma” está una zona, sino qué tan urgente es revisarla con más detalle.

● Verde (atención baja): sin señales inusuales ni sostenidas en las capas, con variaciones pequeñas que parecen “ruido de fondo” del ecosistema.

● Amarillo (atención intermedia): una señal moderada (por ejemplo, un microbioma que pierde diversidad o un microRNA que aumenta) o dos señales débiles que aún no se han confirmado.

● Rojo (prioridad de vigilancia): señales consistentes en dos o más capas (por ejemplo, viromics sugiere un virus de interés + transcriptómica marca respuesta antiviral), por lo que se recomienda confirmación dirigida y medidas de control.

La clave es cruzar señales para no sacar conclusiones apresuradas: una puede ayudar a confirmar o a explicar la otra. Y las medidas no tienen que ser espectaculares; muchas veces funcionan mejor las acciones cotidianas, como retirar la basura y el agua estancada, evitar que la fauna urbana tenga acceso fácil a alimento, mantener al día la vacunación y la desparasitación de las mascotas, controlar mosquitos y otros vectores, y alertar a las autoridades sanitarias para que refuercen la vigilancia en una zona (Figura 2).

Así funcionaría en la vida real

Imagina una escena cotidiana. Un equipo toma, durante varias semanas, muestras sencillas en tres parques, por ejemplo, heces de paloma y material del entorno. Al analizarlas, en uno de los parques se observa un patrón recurrente: las bacterias y los hongos habituales cambian de forma sostenida y, en roedores muestreados de forma controlada, aparecen señales compatibles con una respuesta biológica activada. Eso no significa que ya haya un

brote, pero sí que esa zona merece más atención que las demás.

No hay titulares ni alarma: solo un “amarillo” en el semáforo que activa medidas básicas y proporcionales, como reforzar la limpieza, mejorar el manejo de residuos y del agua estancada, evitar alimentar a la fauna urbana, mantener al día la desparasitación y la vacunación de las mascotas, y controlar los vectores. Después viene lo crucial: confirmar. En lugar de analizar todas las muestras, se seleccionan las más informativas y se aplican pruebas más precisas para determinar si esas señales apuntan a un virus, una bacteria, un hongo o simplemente al estrés ambiental.

Si no se confirma nada específico, no se “declara” una epidemia: se mantiene la vigilancia y se busca la causa, por ejemplo, la temporada, el clima o los residuos. Si se confirma, se escala la respuesta, pero de forma local. En ambos casos, se vuelve a muestrear para ver si el “amarillo” pasa a verde y si lo que se hizo realmente funcionó.

No es magia ni una “cacería” de animales. Es una forma de vigilancia temprana que combina el muestreo ambiental, el análisis de laboratorio y la toma de decisiones proporcionales. También hay un reto de comunicación: encontrar algo “raro” no implica un peligro inmediato; mucha vida microbiana forma parte del paisaje normal. Por eso, el semáforo sirve cuando combina varias señales y cuando el mensaje al público es prudente: el riesgo no es certeza.

Si este enfoque funciona, permitirá actuar antes y mejor. En vez de esperar a que se presenten muchos casos, ayudaría a identificar focos locales de riesgo y a responder con mayor precisión. También puede ayudar a entender mejor la ciudad como un ecosistema compartido, donde la salud humana, animal y ambiental está conectada.

El semáforo de riesgo: una forma simple de aterrizarlo

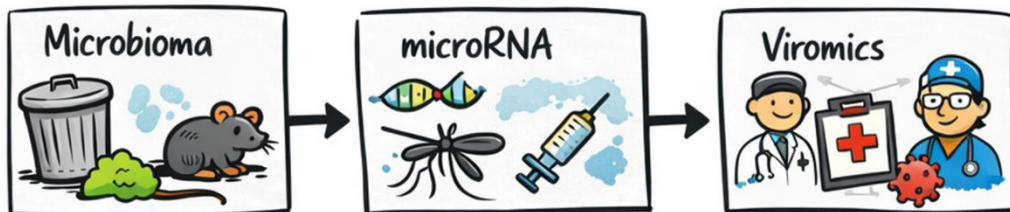
Imagina un semáforo por zona.

No para asustar, sino para priorizar acciones.



Validación cruzada

Conecta las capas.



Medidas básicas en la zona:

- Limpiar
- Vacunar
- Controlar plagas.
- Avisar a salud.



Figura 2. Semáforo para resumir el nivel de atención que requiere una zona, según las señales biológicas observadas. El verde indica cambios fuera de lo esperado; el amarillo, señales que deben seguirse; y el rojo, coincidencias que justifican la confirmación y la acción local. El objetivo no es alarmar, sino decidir dónde conviene vigilar más y qué medidas preventivas pueden aplicarse primero. El muestreo debe hacerse con permisos, bienestar animal y bioseguridad, y con comunicación prudente: una “señal” guía acciones, no es alarma pública. Imagen generada con ChatGPT 5.2 de OpenAI.

Agradecimientos

Agradecemos el financiamiento de los fondos SIP20250306, SIP20251096 y SIP20254781, otorgados por el Instituto Politécnico Nacional, así como el del proyecto Ciencia Básica y de Frontera CBF-2025-I-1532, otorgado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI). Para la preparación del manuscrito se utilizó ChatGPT-5.1 (OpenAI) únicamente como apoyo en la revisión gramatical y sintáctica. El contenido, la originalidad y el rigor científico son responsabilidad exclusiva de las personas autoras.

Referencias

- [1] Meurens, F., Dunoyer, C., Fourichon, C., Gerdts, V., Haddad, N., Kortekaas, J., et al. (2021). Animal board invited review: Risks of zoonotic disease emergence at the interface of wildlife and livestock systems. *Animal*, 15(6), 100241. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100241>
- [2] Schilling, A. K., Mazzamuto, M. V., & Romeo, C. (2022). A review of non-invasive sampling in wildlife disease and health research: What's new? *Animals*, 12(13), 1719. <https://doi.org/10.3390/ani12131719>
- [3] Kimura, M., Kothari, S., Gohir, W., Camargo, J. F., & Husain, S. (2023). MicroRNAs in infectious diseases: Potential diagnostic biomarkers and therapeutic targets. *Clinical Microbiology Reviews*, 36(4), e00015-23. <https://doi.org/10.1128/cmr.00015-23>
- [4] Yan, H., Jiao, H., Liu, Q., Zhang, Z., Xiong, Q., Wang, B. J., et al. (2021). ACE2 receptor usage reveals variation in susceptibility to SARS-CoV and SARS-CoV-2 infection among bat species. *Nature Ecology & Evolution*, 5(5), 600–608. <https://doi.org/10.1038/s41559-021-01407-1>
- [5] Ribas, M. P., García-Ulloa, M., Espunyes, J., & Cabezón, O. (2023). Improving the assessment of ecosystem and wildlife health: Microbiome as an early indicator. *Current Opinion in Biotechnology*, 81, 102923. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2023.102923>
- [6] Nguyen, N. H., Song, Z., Bates, S. T., Branco, S., Tersoo, L., Menke, J., et al. (2016). FUNGuild: An open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology*, 20, 241–248. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2015.06.006>
- [7] Elbehiry, A., & Abalkhail, A. (2025). Metagenomic next-generation sequencing in infectious diseases: Clinical applications, translational challenges, and future directions. *Diagnostics*, 15(16), 1991. <https://doi.org/10.3390/diagnostics15161991>
- [8] Mejias, A., Cohen, S., Glowinski, R., & Ramilo, O. (2021). Host transcriptional signatures as predictive markers of infection in children. *Current Opinion in Infectious Diseases*, 34(5), 552–558. <https://doi.org/10.1097/QCO.0000000000000750>

Sección: Hot Science

Algoritmos Vs Virus

Algorithms Vs Viruses

Lucio Nájera-Maldonado^{1,2}

Cristian G. Delgado-Corona^{1,2}

Francisca Villanueva-Flores^{2*}

¹Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Carpio y Plan de Ayala S/N, Colonia Santo Tomás, 11340, Ciudad de México, México.

²Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología, 1036 Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos, México.

*Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx

RESUMEN

¿Y si te dijera que, cuando aparece un virus nuevo, los primeros en reaccionar no son solo médicos y científicas, sino también algoritmos? Hoy las computadoras pueden leer el “ADN” de un virus como si fuera un código secreto y, en días, sugerir ideas para nuevas vacunas que antes tardaban años. Este texto cuenta con ejemplos reales (COVID-19 y malaria) de cómo la inteligencia artificial se está convirtiendo en aliada contra las infecciones y cómo podría cambiar la forma en que nos protegemos en el futuro.

Palabras clave: Inteligencia artificial, vacunas, virus, algoritmos, medicina personalizada.

SUMMARY

What if I told you that when a new virus appears, the first to react aren't just doctors and scientists, but algorithms too? Today, computers can read a virus's “DNA” as if it were a secret code and, in just a few days, suggest ideas for new vaccines that used to take years. This article, using real-world examples (COVID-19 and malaria), explains how artificial intelligence is becoming an ally in combating infections and could change how we protect ourselves in the future.

Keywords: Artificial intelligence, vaccines, viruses, algorithms, personalized medicine.

Introducción

Imagina la escena: en la pantalla del laboratorio aparece un mensaje sencillo, casi aburrido:

“Nuevo virus detectado. Secuencia genética disponible.”

Hace no tanto, oír “Nuevo virus detectado”, incluso una vez obtenida su secuencia genética, anunciaba años de trabajo por delante: cultivar el virus, manipularlo con el máximo cuidado, probar versiones atenuadas, equivocarse, ajustar, volver a empezar. Mucho ensayo y error antes de siquiera intuir qué tipo de vacuna podría funcionar (Figura 1).

Hoy el primer movimiento es distinto. Cuando ya se dispone de la secuencia genética del nuevo virus, se carga en una computadora y, en lugar de una sola persona frente a una libreta, entran en juego programas capaces de revisar millones de combinaciones en poco tiempo. Analizan el genoma, es decir, el conjunto de instrucciones del virus, lo comparan con bases de datos de otros virus, señalan

qué regiones podrían ser buenos blancos para una vacuna y sugieren cómo presentarlas al sistema inmunitario, las defensas del cuerpo, para que las reconozca mejor.

No es magia ni una “IA que lo hace todo sola”: siguen siendo imprescindibles los laboratorios, los ensayos clínicos, las pruebas en personas voluntarias que acreditan la seguridad y la eficacia, los controles de seguridad y toda la cadena regulatoria. Pero esta alianza entre la vacunología y la inteligencia artificial ya está cambiando las reglas y los tiempos del juego. Iniciativas como la llamada “misión de los 100 días” de CEPI, siglas en inglés para una coalición internacional que impulsa vacunas frente a nuevas enfermedades, se apoya en estas herramientas con una meta muy concreta: que, cuando se detecte el próximo patógeno con potencial pandémico, un microbio capaz de causar brotes a gran escala, podamos tener un candidato vacunal, un primer diseño de vacuna listo para probar, preparado para entrar en ensayos clínicos en unos pocos meses y no en varios años (Figura 2) [1].



Figura 1. Caricatura de un algoritmo (izquierda) enfrentándose a un virus (derecha), que ilustra cómo la inteligencia artificial puede ayudarnos a detectar y combatir las infecciones. Imagen elaborada con ChatGPT 5.1.



Figura 2. El reto de los 100 días. Ilustración del objetivo impulsado por CEPI: que, desde que se detecta un nuevo virus hasta que se tiene lista una vacuna candidata, transcurran como máximo 100 días. El cronómetro simboliza esa carrera contra el tiempo, en la que la información genética del virus (las letras A, C, T, G) se traduce rápidamente en diseños de vacuna para frenar futuros brotes antes de que se conviertan en grandes epidemias. Imagen elaborada con ChatGPT 5.1.

No es una promesa de invencibilidad frente a los virus, pero sí un cambio profundo en la velocidad y la forma en que podemos responder [2].

De la vacuna “artesanal” a la vacuna “digital”

Durante buena parte de la historia, una vacuna consistía en presentar al sistema inmunitario una versión atenuada o inactivada del virus o de la bacteria que causa la enfermedad. Esto implicaba trabajar directamente con el microorganismo: cultivarlo, debilitarlo o inactivarlo, y purificarlo mediante procesos de laboratorio muy manuales que requerían tiempo, control y mucha paciencia. Con el tiempo aparecieron enfoques más precisos: primero, las vacunas que ya no usan el microorganismo completo, sino solo una parte concreta que el sistema inmune pueda reconocer; y, más re-

cientemente, las vacunas de ARN mensajero (ARNm), que incorporan un pequeño mensaje químico que nuestras células leen como una receta para fabricar temporalmente la proteína que queremos enseñar a las defensas. Este cambio, de trabajar con el virus “en persona” a trabajar sobre todo con información (secuencias, estructuras, datos de respuesta inmune), convirtió gran parte del diseño de vacunas en un problema de manejo de datos, y abrió la puerta para que herramientas capaces de analizar grandes volúmenes de información, como la inteligencia artificial, puedan ayudar identificando patrones y realizando predicciones [3].

La IA no sustituye a las vacunas, ni a los laboratorios, ni a las agencias reguladoras: siguen siendo indispensables los experimentos, los ensayos clínicos y los controles de seguridad. Lo que hace es acelerar y afinar el camino que va desde la secuencia de un virus hasta un candidato vacunal viable, ordenando grandes



Figura 3. ¿Cómo funciona la IA en el diseño de una vacuna? Secuencia (de izquierda a derecha y de arriba abajo) del “taller” de diseño asistido por IA: (1) lectura del genoma para identificar regiones codificantes y posibles epítomos; (2) evaluación de “llave-cerradura” para priorizar fragmentos con mejor encaje en moléculas MHC; (3) predicción de la estructura 3D de proteínas; (4) generación de variantes con propiedades mejoradas (p. ej., estabilidad o inmunogenicidad); (5) organización multivalente en nanopartículas que imitan al virus; (6) optimización de vacunas de ARNm y su formulación lipídica; y (7) simulación *in silico* para priorizar candidatos antes de su validación en el laboratorio. Imagen elaborada con ChatGPT 5.1.

volúmenes de datos biológicos (ADN, estructuras de proteínas, y evidencia previa de estudios preclínicos y clínicos) para responder con mayor rapidez a preguntas clásicas: qué parte del patógeno conviene enseñar, cómo presentarla para que el sistema inmune la recuerde y cómo lograr que funcione de forma segura en personas distintas. Recientemente desarrollamos una versión más técnica de estas ideas en un artículo en *NPJ Vaccines*, en el que científicos del Instituto Politécnico Nacional y de la Universidad Católica de Murcia revisamos modelos de IA para predecir epítomos, pequeños fragmentos del virus (como “pedacitos” de sus proteínas) que el sistema inmunitario puede reconocer como una huella, y proponemos una

guía práctica para integrar estas herramientas en los laboratorios de vacunas [4].

¿Cómo trabaja realmente la IA en el diseño de una vacuna?

Para que no suene a “caja negra”, pensemos en el proceso como un taller. Como se ilustra en la Figura 3, la IA no es la jefa del laboratorio; es la asistente súper organizada que ayuda al resto del equipo a trabajar mejor

1. *Leer el genoma:* Al secuenciar el genoma de un virus o una bacteria, obtenemos un texto de letras (A, T, C y G) que la IA “lee” para localizar proteínas clave y, en-

tre ellas, pequeños fragmentos llamados epítomos, los trozos que nuestras defensas pueden reconocer. Es como un resaltador inteligente que marca las zonas con mayor probabilidad de activar una buena respuesta inmune, ya que estos modelos, a partir de miles de epítomos conocidos, han aprendido qué regiones suelen ser reconocidas por anticuerpos o células T. Se han usado con éxito en diseños vacunales previos y aplican esos patrones a patógenos nuevos [5].

2. *La prueba de la “llave y la cerradura”:* Nuestro sistema inmune “coloca” esos fragmentos en unas moléculas llamadas presentadoras de antígenos (MHC), como bandejas que exhiben señales en la superficie de las células; si el epítomo encaja bien en esa “bandeja”, se activan células defensoras llamadas células T y atacan. La IA puede predecir qué epítomos encajan mejor con distintos tipos de MHC, para priorizar fragmentos que funcionen en personas con diferentes antecedentes genéticos y de distintas regiones del mundo.
3. *Ver la forma sin tener que cristalizarla:* En biología, la forma 3D de una proteína es clave para saber si una “pieza” del sistema inmune, como un anticuerpo (una proteína defensiva que se pega al patógeno) o un receptor (un “sensor” en la superficie de las células), podrá reconocerla. Hoy, herramientas de IA como AlphaFold predicen esa estructura a partir de la secuencia, ofreciendo maquetas bastante precisas que ahorran años de trabajo y guían el diseño de vacunas. Esto ya se ha usado, por ejemplo, para vacunas contra la malaria, eligiendo la conformación de las proteínas que mejor despierta una respuesta inmune útil ante una infección real.
4. *No solo escoger: proponer nuevas versio-*

nes. Aquí, la IA usa modelos generativos para proponer variantes modificadas de proteínas: sustituye algunos aminoácidos para hacerlas más estables, más fáciles de producir o más visibles para el sistema inmune, sin perder su función. Es como un editor que reescribe el texto para que se entienda mejor y luego esas versiones se comprueban en el laboratorio, como cualquier otro candidato vacunal.

5. *Organizar el montaje: nanopartículas y multivalencia.* El sistema inmune no solo responde a lo que le mostramos, sino también a cómo se lo presentamos. La IA ayuda a diseñar nanopartículas (estructuras diminutas, miles de veces más pequeñas que un grano de polvo) que imitan al virus y presentan antígenos en su superficie. Al hacerlo con multivalencia (es decir, con muchas copias del mismo antígeno a la vez), los anticuerpos los detectan mejor y pueden generar respuestas más amplias, incluso frente a diversas variantes.
6. *Afinar el mensaje en las vacunas de ARNm:* La “magia” está en el ARNm: debe ser fácil de leer para la célula, estable y bien protegido. La IA ayuda a optimizar la secuencia (elige los mejores codones y mejora su estabilidad) y a diseñar su encapsulado en nanopartículas lipídicas para que llegue a las células correctas. Esta combinación de IA y biología permitió acelerar el paso de las vacunas de ARNm del ordenador a los ensayos en humanos durante la pandemia de COVID-19.
7. *Simular antes de gastar tubos y reactivos:* Antes de pasar al laboratorio “mojado” (donde se trabaja con muestras reales, líquidos y experimentos), las plataformas de IA pueden priorizar los candidatos más prometedores: estiman cuáles tienen mayor probabilidad de inducir una buena respuesta inmune y cuáles podrían pre-

sentar señales tempranas de problemas, para que el equipo pruebe primero a los que tienen mejor perfil y reduzca ensayos innecesarios.

No sustituyen los experimentos ni los ensayos clínicos, pero sí ayudan a priorizar qué vale la pena probar primero, ahorrando tiempo, reactivos y esfuerzo humano.

Lo que ya es una realidad y lo que falta por resolver

La IA ya se usa en vacunas reales: apoyó el análisis rápido del genoma del SARS-CoV-2, ayudó a priorizar antígenos como la proteína Spike y a optimizar diseños de ARNm, contribuyendo a que vacunas como las de Moderna y Pfizer-BioNTech avanzaran a ensayos clínicos y obtuvieran autorización en un plazo sin precedentes. También se aplica a patógenos complejos, como la malaria, y a virus respiratorios (gripe, VRS), mediante herramientas de predicción y modelado estructural (p. ej., AlphaFold), que permiten estudiar antígenos en 3D y guiar su diseño. Iniciativas como la misión de los 100 días de CEPI buscan ir más allá y preparar candidatos vacunales con antelación para familias de virus con potencial pandémico.

Pero la IA no es magia: si los datos de entrenamiento representan solo a unas pocas poblaciones, las predicciones pueden no funcionar bien en otros grupos, por lo que es esencial incluir diversidad geográfica y genética. La calidad de los datos también es crítica: experimentos ruidosos o mal anotados pueden generar modelos engañosos, por lo que siempre hace falta criterio científico y validación experimental. Y, sobre todo, las vacunas siguen sujetas a estándares muy estrictos de seguridad y transparencia: hay que entender por qué un modelo propone un epítipo, qué evidencia lo respalda y cómo responde ante nuevas variantes, porque aquí no solo están en

juego algoritmos, sino vidas [6].

Conclusiones

La inteligencia artificial puede acelerar desde la lectura del genoma hasta la elección de candidatos vacunales, pero sigue siendo una herramienta: lo decisivo es la brújula humana que la guía. Eso implica usar datos diversos, compartir conocimiento y preguntarse siempre a quién beneficia y quién queda fuera, para que las nuevas vacunas sean no solo más rápidas y precisas, sino también más justas. Al final, no se trata de máquinas sustituyendo a personas, sino de algoritmos y de ciencia de bata blanca trabajando juntos para proteger mejor más vidas.

Agradecimiento

Se agradece el financiamiento de los fondos SIP20250306, SIP20251096 y SIP20254781, otorgado por el Instituto Politécnico Nacional, así como el proyecto Ciencia Básica y de Frontera 2025 (CBF-2025-I-1532), otorgado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), para la realización de este trabajo. LNM y CGDC recibieron una beca de la SECIHTI para sus estudios de posgrado, con los números 2046158 y 4005957, respectivamente. Se empleó inteligencia artificial (ChatGPT-5.1, OpenAI) como apoyo en la revisión gramatical y sintáctica del manuscrito; el contenido, la originalidad y el rigor científico son responsabilidad exclusiva de las personas autoras.

Referencias

[1] Barnsley, G., et al. (2024). Impact of the 100 days mission for vaccines on COVID-19: A mathematical modelling study. *The Lancet Global Health*, 12(11), e1764–e1774. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(24\)00286-9](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(24)00286-9)

- [2] Kumar, A., Dixit, S., Srinivasan, K., D., M., & Vincent, P. M. D. R. (2024). Personalized cancer vaccine design using AI-powered technologies. *Frontiers in Immunology*, 15, 1357217. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2024.1357217>
- [3] Lokras, A. G., Bobak, T. R., Baghel, S. S., Sebastiani, F., & Foged, C. (2024). Advances in the design and delivery of RNA vaccines for infectious diseases. *Advanced Drug Delivery Reviews*, 213, 115419. <https://doi.org/10.1016/j.addr.2024.115419>
- [4] Villanueva-Flores, F., Sanchez-Villamil, J. I., & Garcia-Atutxa, I. (2025). AI-driven epitope prediction: A systematic review, comparative analysis, and practical guide for vaccine development. *NPJ Vaccines*, 10(1), 207. <https://doi.org/10.1038/s41541-025-01258-y>
- [5] Reynisson, B., Alvarez, B., Paul, S., Peters, B., & Nielsen, M. (2020). NetMHCpan-4.1 and NetMHCIIpan-4.0: Improved predictions of MHC antigen presentation by concurrent motif deconvolution and integration of MS MHC eluted ligand data. *Nucleic Acids Research*, 48(W1), W449–W454. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa379>
- [6] Kaczanowski, S. (2023). Detection of positive selection acting on protein surfaces at the whole-genome scale in the human malaria parasite *Plasmodium falciparum*. *Infection, Genetics and Evolution*, 107, 105397. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2022.105397>

Sección: ¿Cómo funciona?

Aliados en la agricultura: El ABC del control biológico en México

Partners in agriculture: The ABCs of biological control in Mexico

*Víctor Manuel Rodríguez-Romero**

*Laboratorio de Biotecnología Alimentaria, Unidad Profesional Interdisciplinaria de Biotecnología (UPIBI).
Instituto Politécnico Nacional (IPN). Avenida Acueducto s/n, Barrio La Laguna Ticomán, CP
07340, Ciudad de México, México.*

**Autor para la correspondencia: vmrodriguezr@ipn.mx*

RESUMEN

El control biológico consiste en aprovechar organismos vivos para reducir o eliminar plagas. Esta tecnología se ha consolidado como una herramienta de la agricultura para disminuir el uso de productos químicos que, aunque efectivos, generan efectos negativos sobre el ambiente, la biodiversidad y la salud de las personas. En México existe una legislación clara que define a los agentes de control biológico y, además, esta alternativa se aplica con el respaldo de instituciones y laboratorios, reportando resultados que ya no solo se quedan en la teoría si no son completamente una realidad en el campo.

Palabras clave: Control biológico, agricultura, fitopatógenos.

SUMMARY

Biological control involves the use of living organisms to reduce or eliminate pests. This technology has become a valuable tool for agriculture, decreasing the use of chemical products which, although effective, have negative impacts on the environment, biodiversity, and human health. In Mexico, there is a clear legislation defining biological control agents, and this approach is implemented with the support of institutions and laboratories, reporting results that are no longer just theoretical but a reality in the field.

Keywords: Biological control, agriculture, phytopathogens.

Introducción

La agricultura es un pilar económico y cultural de México, la demanda de productos agrícolas se satisface en gran medida por el uso de agroquímicos, estos productos son efectivos para controlar diversos organismos, desde malezas, insectos hasta microorganismos fitopatógenos. Su uso genera una peligrosa exposición y acumulación de contaminantes orgánicos e inorgánicos con importantes efectos negativos sobre el medio ambiente, la biodiversidad y la población; por ejemplo, el uso inadecuado de productos químicos incrementa la presión sobre poblaciones de organismos lo que podría favorecer a unos sobre otros, derivando en organismos resistentes, además el daño a organismos no objetivo es claro, afectando abejas (mencionadas específicamente por su importancia en polinización), enemigos naturales de plagas, aves, organismos acuáticos, etc. Los problemas a la salud de la población se presentan especialmente en quienes aplican o trabajan con plaguicidas en contextos agrícolas y se han descrito una gran variedad de enfermedades relacionadas, que van desde ligeras intoxicaciones, problemas cardíacos, neurológicos, daño renal y hepático, cáncer e incluso la muerte. Por ello, durante varios años se han explorado tecnologías que reduzcan el uso e impacto de agroquímicos, posicionando al control biológico como una alternativa sustentable para esta problemática [1].

¿Qué es el control biológico?

En el contexto específico de la agricultura existen métodos en los que se usan organismos vivos para combatir a otros organismos indeseables, así como métodos parecidos en los que se emplean productos que pueden contener partes o metabolitos de organismos y sustancias no vivas de origen natural. Para englobar ambos métodos se utiliza el término

bioprotección, que incluye todas las herramientas de naturaleza biológica utilizadas para el manejo de plagas; sin embargo, necesario mantener una clara distinción entre ambas categorías debido a razones regulatorias. Para entender qué se considera control biológico, primero debemos comprender que es el resultado de la interacción de tres actores: una plaga; un agente vivo que cause la disminución de la plaga; y un beneficiario humano de ese servicio (Figura 1).

En el control biológico se distinguen cuatro estrategias o modalidades. Para facilitar la explicación, nos referiremos a los organismos que combaten la plaga como “enemigos”.

El control biológico clásico introduce enemigos desde fuera del área invadida para que se establezcan de forma permanente y mantengan a la plaga por debajo de niveles dañinos.

El control inoculativo libera pequeñas cantidades de enemigos al inicio del ciclo del cultivo para que se multipliquen y actúen más adelante; se emplea como medida preventiva.

El control inundativo realiza liberaciones masivas buscando un efecto inmediato; suele aplicarse más tarde en el ciclo del cultivo como medida correctiva. En el caso de estas dos estrategias hay excepciones: si la plaga se propaga muy temprano, podría necesitarse un control inundativo en fases tempranas y a la inversa, en cultivos muy cortos el control inoculativo puede no tener tiempo de establecerse, por lo que se opta por el control inundativo.

El control por conservación modifica el hábitat y las prácticas para potenciar a los enemigos ya presentes. Cabe destacar que la regulación de plagas por sus enemigos sin intervención humana es posible y frecuente en agroecosistemas. Sin embargo, no se considera en alguna de las modalidades porque no lleva la mano de los humanos y al no implicar liberaciones, insumos ni labores visibles, sus

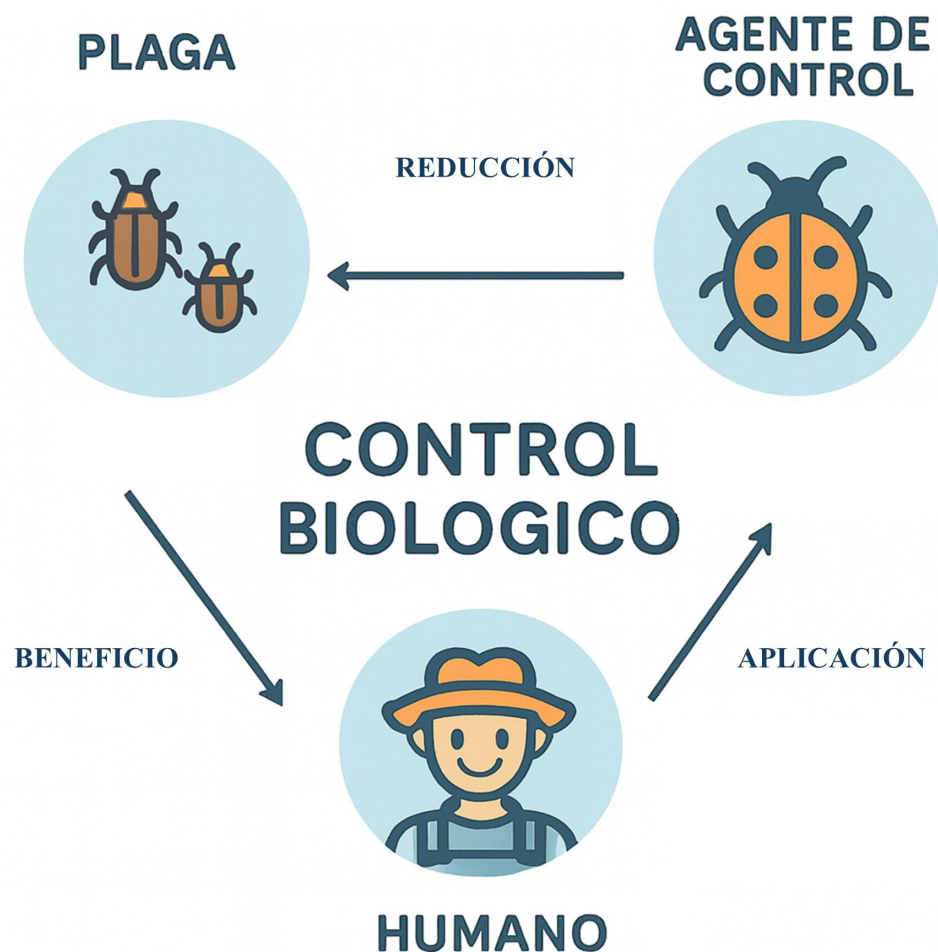


Figura 1. Control biológico como interacción de tres componentes: el humano, agente de control biológico y la plaga. Ilustración creada con Microsoft 365 Copilot.

beneficios pasan desapercibidos y no se contabilizan en presupuestos, protocolos o reportes [2].

¿Quiénes son estos aliados naturales?

Desde una perspectiva normativa, la clasificación técnica de “enemigos” debe conectarse con las categorías legales que regulan su uso. En México, la Ley Federal de Sanidad Vegetal (LFSV) identifica como agentes de control biológico a parasitoides, depredadores, entomopatógenos y organismos antagonistas, estas categorías permiten traducir las estrategias prácticas en instrumentos regulados [3].

Los agentes de control biológico actúan por mecanismos bien definidos: los parasitoides localizan a la plaga y ponen sus huevos dentro o sobre ella; la larva se desarrolla a costa del hospedero y a menudo termina causándole la muerte, con lo que disminuye la plaga y el daño a la planta. Los depredadores se comen una o varias fases del ciclo de la plaga (huevos, ninfas/larvas o adultos), generando mortalidad directa. Los entomopatógenos, infectan por ingestión, penetración cuticular u otras rutas, luego se multiplican dentro del insecto debilitándolo y causando su muerte. Frente a patógenos de plantas, los organismos antagonistas (bacterias, levaduras y hongos) ejercen control mediante competencia por espacio y nutrientes en el suelo, liberan antibióticos y

compuestos volátiles que inhiben el crecimiento del patógeno y secretan enzimas que degradan su pared celular (Figura 2) [4].

Casos de usos en México

En México, el control biológico no es solo teoría: es una estrategia aplicada con el respaldo del Departamento de Control Biológico (DCB), antes Centro Nacional de Referencia de Control Biológico (CNRCB) que, junto con otros laboratorios, produce, produce y libera organismos benéficos para reducir el uso de agroquímicos y mantener la productividad. Estas liberaciones se realizan con especies altamente específicas a su plaga objetivo, cuidan-

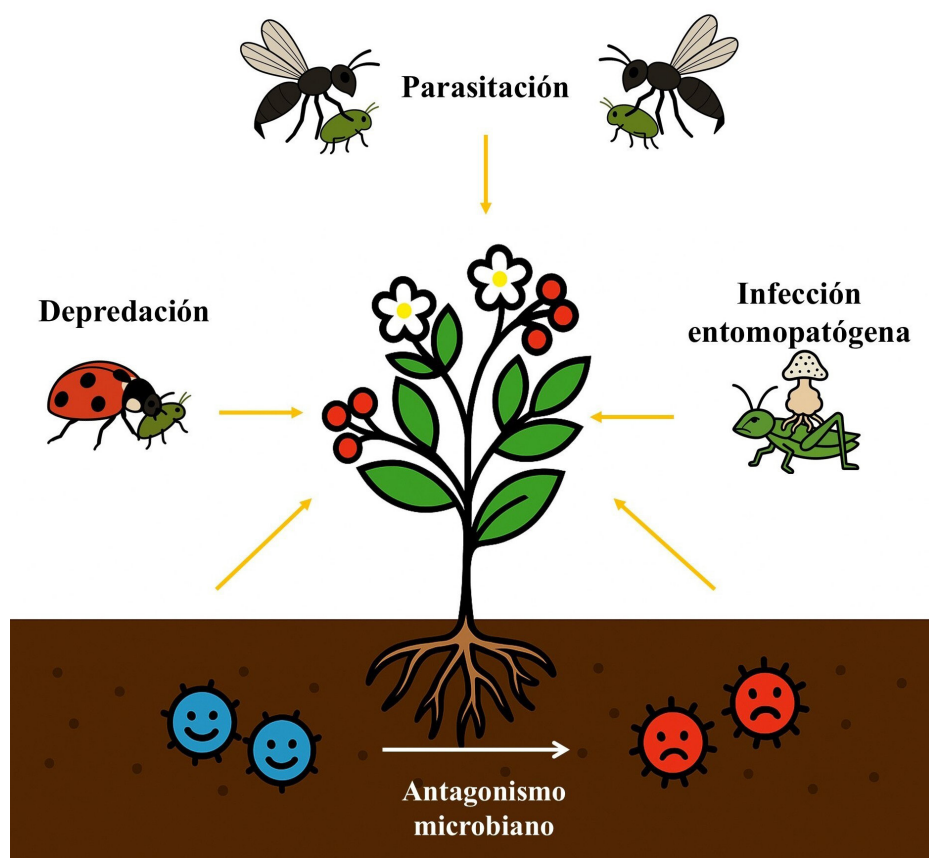


Figura 2. Agentes de control biológico mencionados en la Ley Federal de Sanidad Vegetal. Ilustración creada con Microsoft 365 Copilot.

do el equilibrio ecológico y evitando impactos no deseados sobre organismos no blanco.

Su implementación se ha documentado con buenos resultados en cultivos clave y a continuación, se presentan ejemplos concretos de estas aplicaciones en el territorio nacional:

La avispa parasitoide (*Tamarixia radiata*) se cría y libera de forma masiva para parasitar al psílido asiático de los cítricos (*Diaphorina citri*), que transmite la enfermedad conocida como huanglongbing. Esta enfermedad provoca el amarillamiento de los brotes, frutos deformes y amargos, y puede causar la muerte del árbol, no existe cura conocida.

Para controlar la cochinilla rosada del hibisco (*Maconellicoccus hirsutus*), se cría y libera el depredador conocido como catarinita

(*Cryptolaemus montrouziei*). La cochinilla afecta de forma importante a cultivos y árboles frutales como mamey, limón, naranja, mango y aguacate; provoca deformaciones drásticas, acumulación de brotes en forma de roseta, defoliación, amarillamiento y en casos severos, la muerte de la planta. La catarinita ha sido parte de una estrategia oficial de manejo en México.

La mosca prieta de los cítricos (*Aleurocanthus woglumi*) succiona savia y excreta mielecilla, lo que favorece el desarrollo de hongos superficiales y provoca retraso en el crecimiento, daño a brotes y frutos más pequeños y de menor calidad. Para su control, se introdujo un hongo entomopatógeno (*Aschersonia aleyrodis*) que

se adhiere a la superficie del insecto, germina, penetra y su micelio coloniza los tejidos internos, matándolo. El control biológico con este hongo redujo marcadamente la infestación y permitió la recuperación productiva, en Oaxaca, Chiapas y en Morelos, lo que permitió reanudar la cosecha de limón mexicano y mejorar la calidad comercial del fruto en las zonas atendidas.

Se ha implementado el uso de hongos antagonistas como *Trichoderma spp.* para manejar *Phytophthora capsici*, *Fusarium oxysporum* y *Rhizoctonia solani*, causantes de enfermedades de raíz y vasculares del chile y el nematodo endoparásito sedentario *Meloidogyne incognita* que parasita hortalizas y cucurbitáceas. En este sentido, *Trichoderma spp.* se considera un agente de amplio espectro, coloniza con rapidez el suelo y la superficie de las raíces, ocupa el nicho y consume recursos que

requieren los patógenos; secreta metabolitos secundarios y compuestos orgánicos volátiles que inhiben el crecimiento, la esporulación y la germinación de los patógenos; y produce enzimas extracelulares que limitan la viabilidad de los patógenos en el suelo [5, 6, 7].

Conclusiones

La evidencia muestra que el control biológico en México es una estrategia funcional, vigente y respaldada institucionalmente con evidentes resultados positivos como son descensos de infestaciones y recuperación productiva documentada en cultivos de interés alimentario. Esto confirma que el control biológico reduce la dependencia de agroquímicos y protege la productividad y la calidad de los cultivos cuando se integra de forma técnica al manejo. Al mismo tiempo, el frente de conocimiento sigue abierto; es necesario optimizar protocolos de uso, escoger cepas, elaborar estrategias locales y acelerar la validación o la transferencia de tecnología para más plagas y regiones. Con ese enfoque, el control biológico mantendrá su papel como eje sustentable del manejo fitosanitario nacional y expandirá su alcance en el corto y mediano plazo en México.

Agradecimiento

Se declara que se utilizó la herramienta Microsoft 365 Copilot, como apoyo para la creación de las ilustraciones y en la revisión gramatical y ortográfica en algunas secciones del presente manuscrito, sin comprometer la originalidad ni el rigor científico.

Referencias

[1] United Nations Environment Programme. (2022). *Environmental and health impacts of pesticides and fertilizers and ways of minimizing them: Summary for policymakers*. <https://wedocs.unep.org/xmlui/bitstream/>

[handle/20.500.11822/34463/JSUNEPPF.pdf](https://wedocs.unep.org/xmlui/bitstream/handle/20.500.11822/34463/JSUNEPPF.pdf)

[2] Eilenberg, J., Hajek, A., & Lomer, C. (2001). Suggestions for unifying the terminology in biological control. *BioControl*, 46(4), 387-400. <https://doi.org/10.1023/A:1014193329979>

[3] México. Cámara de Diputados del H. Congreso de la Unión. (1994). *Ley Federal de Sanidad Vegetal* (última reforma publicada el 6 de mayo de 2022). Diario Oficial de la Federación.

[4] Stenberg, J. A., Sundh, I., Becher, P. G., Björkman, C., Dubey, M., Egan, P. A., & Viketoft, M. (2021). When is it biological control? A framework of definitions, mechanisms, and classifications. *Journal of Pest Science*, 94(3), 665-676. <https://doi.org/10.1007/s10340-021-01354-7>

[5] Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). (10 de febrero de 2025). *Trichoderma reduce los daños que inducen fitopatógenos en la raíz de chile habanero*. Recuperado de: <https://www.gob.mx/inifap/articulos/trichoderma-reduce-los-danos-que-inducen-fitopatogenos-en-la-raiz-de-chile-habanero>

[6] Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria (SENASICA). (26 de junio de 2019). *Efectivo control biológico de Sader reactiva la productividad de citricultores de Oaxaca, Chiapas y Morelos* [Comunicado]. Recuperado de: <https://www.gob.mx/senasica/prensa/efectivo-control-biologico-de-sader-reactiva-la-productividad-de-citricultores-de-oaxaca-chiapas-y-morelos?idiom=es>

[7] Dirección de Protección Fitosanitaria, Dirección General de Sanidad Vegetal (SENASICA). (2019). *Manual operativo de la campaña contra cochinilla rosada*. Recuperado de: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/625766/Manual_operativo_de_la_campa_a_contra_cochinilla_rosada.pdf

Sección: ¿Cómo funciona?

Explorando datos abiertos en biomedicina: Una introducción práctica al uso de GEO y GEO2R

Exploring open data in biomedicine: A practical introduction to using GEO and GEO2R

Camila Fernanda Cunha-Brandao^{1,2}

Yan Leo Melo-Vieira^{1,2}

José de Jesús Martínez-González^{3*}

¹Internal Medicine Department, Ribeirão Preto Medical School, São Paulo State University, Ribeirão Preto, Brasil.

²Research Laboratory on Metabolism, Physiology and Physical Exercise (LAPEMFE), Minas Gerais State University, Divinópolis, Brasil.

³Universidad Autónoma del Estado de Morelos, CIIICAp, Av. Universidad 1001, Col. Chamilpa 62209, Cuernavaca, Morelos, México.

*Autor para la correspondencia: jose_mtz09@hotmail.es

RESUMEN

El Gene Expression Omnibus (GEO) del NCBI es un repositorio público con miles de estudios de expresión génica y otros perfiles moleculares. Reutilizar estos datos abiertos permite generar hipótesis, validar hallazgos y realizar análisis exploratorios in silico sin costo de laboratorio. En este artículo explicamos, con lenguaje sencillo, qué es GEO, qué información contiene y cómo usar herramientas accesibles como GEO2R para análisis básicos reproducibles, incluso en instituciones con recursos limitados. Además, presentamos un ejemplo ilustrativo del flujo de trabajo y posibles resultados, sin establecer conclusiones biológicas o clínicas definitivas.

Palabras clave: GEO, bioinformática accesible, datos biomédicos abiertos.

SUMMARY

The NCBI Gene Expression Omnibus (GEO) is a public repository containing thousands of gene expression studies and other molecular profiles. Reusing these open data makes it possible to generate hypotheses, validate findings, and perform exploratory in silico analyses without laboratory costs. In this article, we explain in simple language what GEO is, what information it contains, and how to use accessible tools such as GEO2R to perform basic reproducible analyses, even in institutions with limited resources. We also present an illustrative example of the workflow and potential results, without establishing definitive biological or clinical conclusions.

Keywords: GEO, accessible bioinformatics, open biomedical data.

Introducción

En los últimos años, la disponibilidad de datos biomédicos abiertos ha crecido de forma sostenida. Entre los repositorios más usados se encuentra el Gene Expression Omnibus (GEO), administrado por el NCBI, que almacena estudios de expresión génica y otros perfiles moleculares provenientes de múltiples especies, tejidos y condiciones. Aparte de almacenar datos, no todos saben que los datos públicos pueden ser reanalizados y que los nuevos análisis in silico pueden publicarse; el reanálisis de resultados ya publicados es una práctica consistente con la ciencia abierta y la reproducibilidad [1].

En este contexto, el objetivo de este artículo es presentar, de manera accesible, el potencial de GEO como herramienta para el aprendizaje y la exploración inicial de datos biomédicos abiertos, así como ilustrar el uso básico de GEO2R mediante un ejemplo práctico. El caso mostrado tiene una finalidad exclusivamente didáctica y no pretende sustituir análisis bioinformáticos más rigurosos ni sustentar conclusiones biológicas o clínicas definitivas.

¿Qué es GEO y por qué importa?

GEO es, en esencia, una gran biblioteca digital de datos de expresión génica (actividad de los genes). Creada en el año 2000 por el Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI) de Estados Unidos, fue el primer repositorio público dedicado a recopilar y compartir datos de este tipo. Surgió en paralelo al Proyecto Genoma Humano, cuando la comunidad científica necesitaba un lugar común para almacenar y consultar grandes volúmenes de información omica [2].

El análisis diferencial consiste, de forma sencilla, en comparar dos o más grupos de muestras para identificar cambios moleculares

asociados con una condición biológica o clínica. En estudios de expresión génica, este análisis permite reconocer qué genes están más o menos activos entre grupos; por ejemplo, puede utilizarse para comparar tejido hepático sano y tejido hepático enfermo, e identificar qué genes aumentan o disminuyen su actividad en asociación con la enfermedad. El análisis de expresión génica diferencial consiste, de forma sencilla, en medir qué genes están más encendidos o apagados en diferentes grupos de muestras [1,3]. Por ejemplo, este tipo de análisis puede emplearse para comparar tejido hepático sano y tejido hepático enfermo, con el fin de identificar qué genes aumentan o disminuyen su actividad en asociación con una enfermedad. La expresión génica puede entenderse como una fotografía de los procesos celulares que ocurren en el momento en que se toma la muestra. GEO nació para almacenar esas “fotografías” en forma de tablas y ponerlas al alcance de cualquier persona, en cualquier país, sin costo.

GEO no almacena únicamente estudios de expresión génica, sino también otros tipos de datos omicos, como metilación del ADN, microARN y otros perfiles moleculares. En estudios de metilación, como el presentado en este trabajo, el análisis se orienta a identificar sitios CpG con diferencias en su nivel de metilación entre grupos, en lugar de cambios en la actividad génica. Por ello, los resultados obtenidos con GEO2R dependen del tipo de estudio analizado y pueden consistir en genes diferencialmente expresados o en sondas y sitios CpG diferencialmente metilados [3].

Cómo empezar con GEO sin programar

En la ciencia tradicional, los datos solían quedarse en el laboratorio donde se generaban, a veces “olvidados” tras la publicación del artículo. GEO cambió esa dinámica: una vez que el estudio se publica, los datos quedan

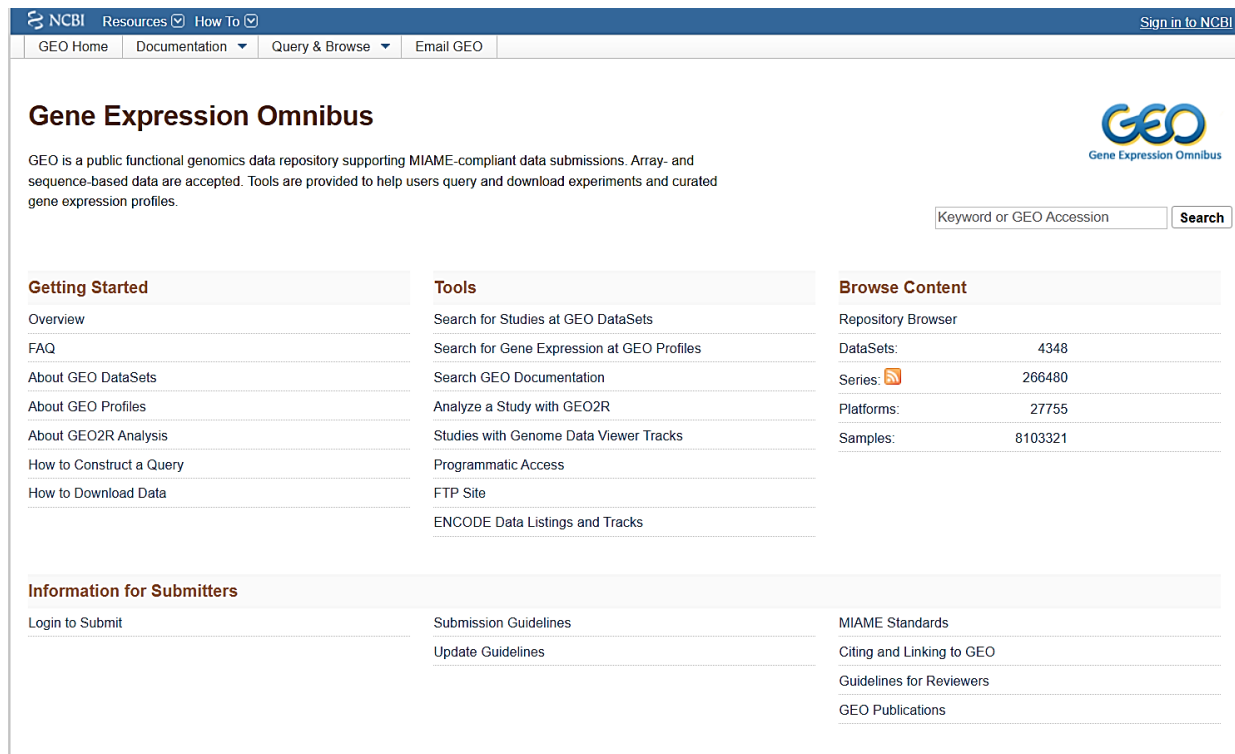


Figura 1. Página principal de Gene Expression Omnibus (GEO), repositorio público del NCBI para consulta de estudios y muestras de datos ómicos.. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo>

disponibles para toda la comunidad (Figura 1).

Esta posibilidad de reanalizar datos es especialmente valiosa para grupos que inician su trayectoria, que trabajan con presupuestos ajustados y que no tienen experiencia en análisis en laboratorio de biología molecular, pues solo con una computadora y conexión a internet es factible realizar experimentos *in silico* a gran escala sin incurrir en costos de reactivos, infraestructura o animalarios. Además, el uso de métodos estadísticos y plataformas bioinformáticas amigables permite contrastar hipótesis de forma rápida, comparar estudios y aumentar la solidez de los hallazgos mediante validaciones cruzadas.

Advertencia metodológica. El análisis presentado es únicamente ilustrativo y no debe considerarse evidencia concluyente. En estudios ómicos, en particular de metilación del ADN, la interpretación requiere un diseño estadístico y experimental riguroso, incluyendo control de calidad, normalización, efectos

de lote, covariables y validación independiente.

Los datos públicos de GEO también pueden promover colaboraciones internacionales, por ejemplo, para validar un resultado encontrado en determinada población con otras poblaciones.

Caso ilustrativo: búsqueda y reanálisis exploratorio en obesidad

La obesidad, campo de estudio de nuestro grupo de investigación, es una enfermedad crónica de creciente prevalencia a nivel mundial; su origen es multifactorial [4] y el uso de herramientas ómicas puede aportar más información sobre la condición [5]. La Figura 2 muestra la cantidad de datos disponibles al buscar el término *obesity* en GEO; se recuperaron 23,813 conjuntos de datos (consulta realizada el 15 de enero de 2026).



Figura 2. Resultados de búsqueda en GEO para el término “obesity”, que muestran el número de conjuntos de datos recuperados al momento de la consulta (15 de enero de 2026).

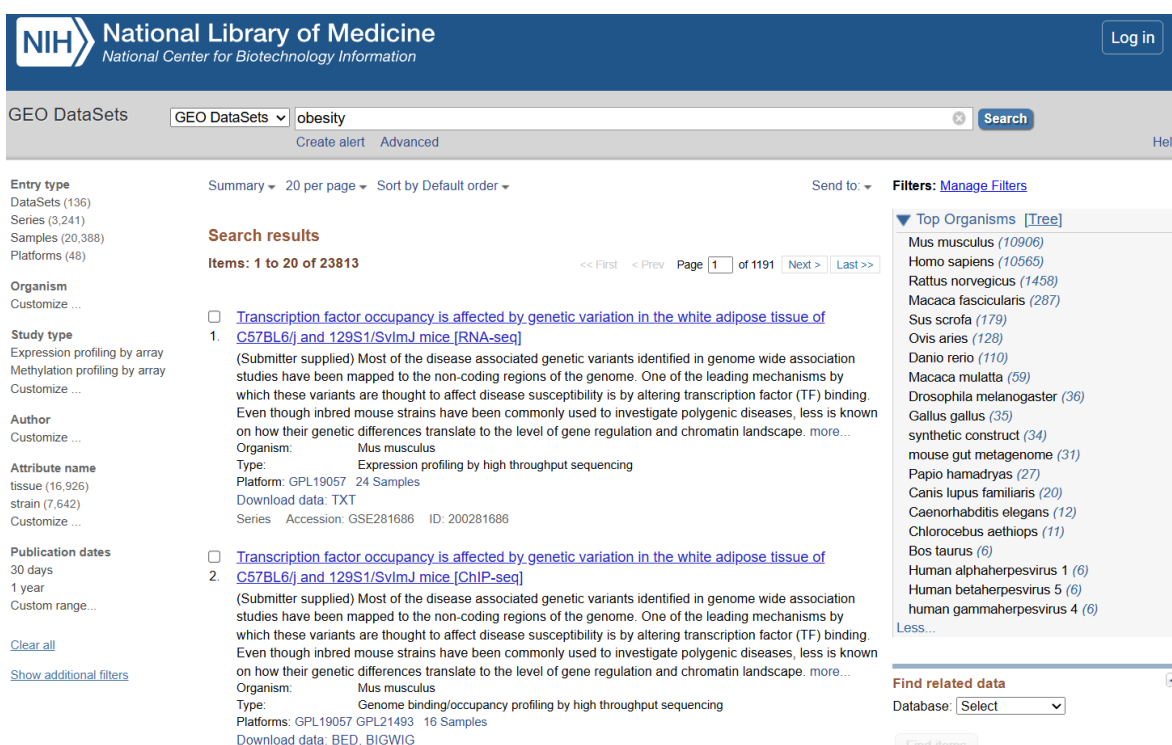


Figura 3. Resultados de GEO DataSets para el término obesity, mostrando los organismos más frecuentes asociados a los conjuntos de datos recuperados.

Salvo indicación en contrario, las búsquedas y capturas de pantalla incluidas en este trabajo corresponden a consultas realizadas en GEO en enero de 2026. En la búsqueda del término obesity, GEO recuperó 23,813 conjuntos de datos (15 de enero de 2026), como se muestra en la Figura 2.

De estos conjuntos de datos, encontramos para el término “obesity” estudios correspondientes a veinte grupos de organismos diferentes, como se muestra en la Figura 3.

La Figura 4 muestra qué tipos de experimentos se almacenan en la base de datos; en el menú de la izquierda, el usuario puede

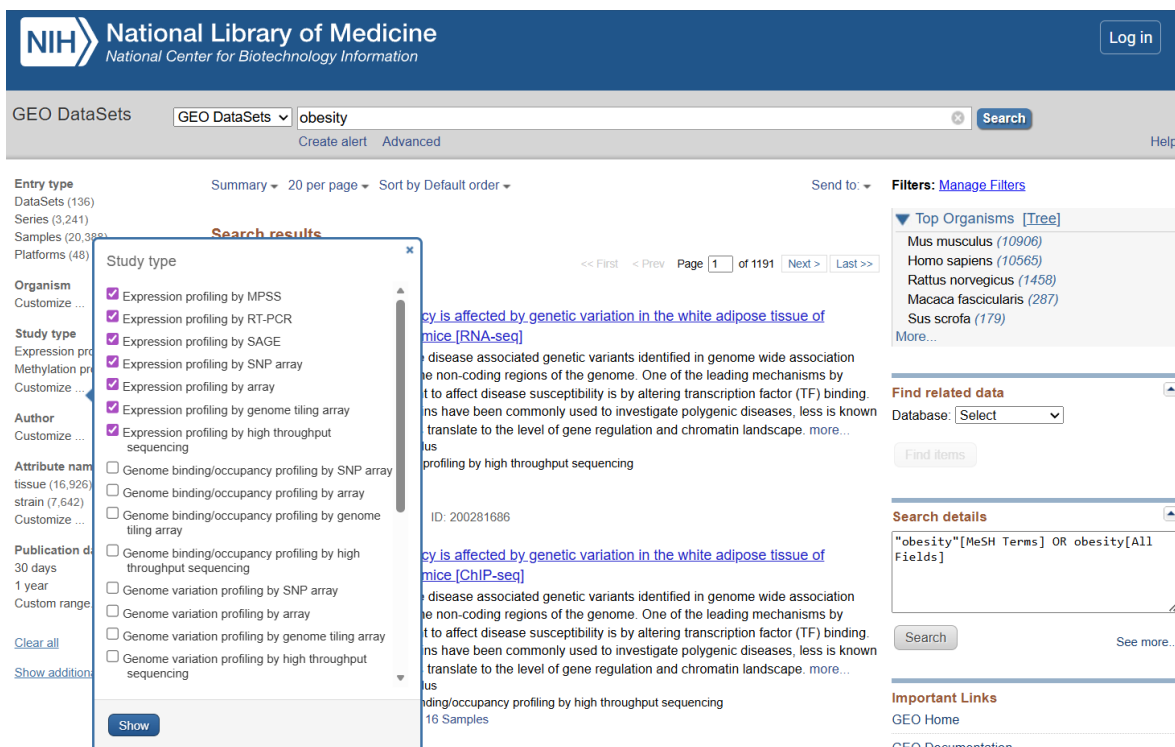


Figura 4. Filtro de búsqueda para estudios con seres humanos y selección del tipo de análisis de expresión génica.



Figura 5. Un estudio sobre las firmas epigenéticas moduladas por la intervención del entrenamiento físico en mujeres obesas, desarrollado por el grupo.

seleccionar el tipo de experimento deseado eligiendo las técnicas en study design para algunos estudios.

En las siguientes imágenes, hemos se-

leccionado un estudio para ejemplificar las funcionalidades de la plataforma. La Figura 5 muestra el estudio seleccionado para los pasos siguientes. Para este ejemplo, seleccionamos un estudio de nuestro grupo donde evaluamos

NCBI > GEO > **Accession Display** [?](#) Not logged in | [Login](#) [?](#)

Scope: Format: Amount: GEO accession:

Series GSE296180 [Query DataSets for GSE296180](#)

Status	Public on May 06, 2025
Title	COMBINED EXERCISE AND ITS EPIGENETIC SIGNATURES: 8-WEEKS PROTOCOL MODULATED THERMOGENESIS, CARDIOVASCULAR AND LIPID BIOMARKERS RELATED PATHWAYS
Organism	Homo sapiens
Experiment type	Methylation profiling by genome tiling array
Summary	Background: Obesity, a health concern shaped by genetic, epigenetic, and environmental factors, has emerged as a global epidemic, particularly with a 60% increment in Brazil from 2006 to 2016. This study explored the effects of an 8-week integrated strength and aerobic training protocol on the DNA methylation patterns in 11 sedentary women with obesity
Overall design	MethylationBrazil Assay
Contributor(s)	Rodrigues G
Citation missing	<i>Has this study been published? Please login to update or notify GEO.</i>

Analyze with GEO2R

Submission date	May 02, 2025
Last update date	May 07, 2025
Contact name	Guilherme Da Silva Rodrigues
E-mail(s)	guirodrigues@usp.br
Phone	+5516981757737
Organization name	Universidade de São Paulo
Street address	Avenida Bandeirantes, 3900
City	Ribeirão Preto
ZIP/Postal code	14040907
Country	Brazil

Figura 6. Resumen del estudio seleccionado.

la metilación de ADN antes y después de la intervención de ejercicio físico durante ocho semanas en mujeres con y sin obesidad. Para utilizar las herramientas bioinformáticas incorporadas al sistema sin necesidad de programación, el usuario debe consultar los estudios que incluyen la opción “Analyze with GEO2R”.

La Figura 6 muestra la interfaz del estudio localizado. Para analizar utilizando las herramientas básicas, se debe hacer clic en el botón “Analyze with GEO2R”.

En este caso ilustrativo, la pregunta ex-

ploratoria planteada fue si existen sitios CpG con metilación diferencial entre participantes con circunferencia de cintura elevada y participantes con circunferencia de cintura normal dentro del conjunto de datos seleccionado. Esta comparación se utiliza únicamente para mostrar cómo GEO2R permite organizar grupos, ejecutar análisis básicos y visualizar resultados en un estudio de metilación del ADN.

Los datos públicos de GEO pueden reutilizarse con distintos fines, incluyendo la reproducción de análisis originales con fines de aprendizaje o verificación, así como la explo-

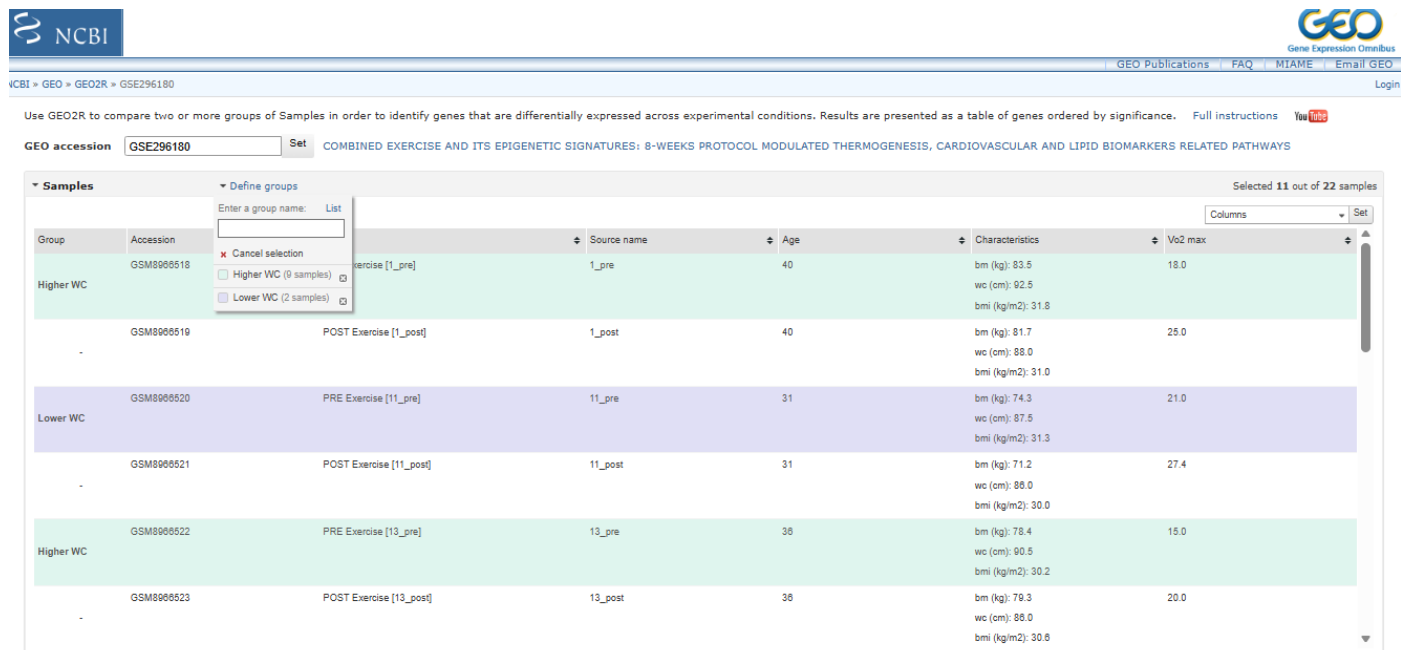


Figura 7. Filtrado del estudio seleccionado y separación de las muestras según la circunferencia de cintura para realizar una comparación exploratoria de metilación del ADN entre grupos.

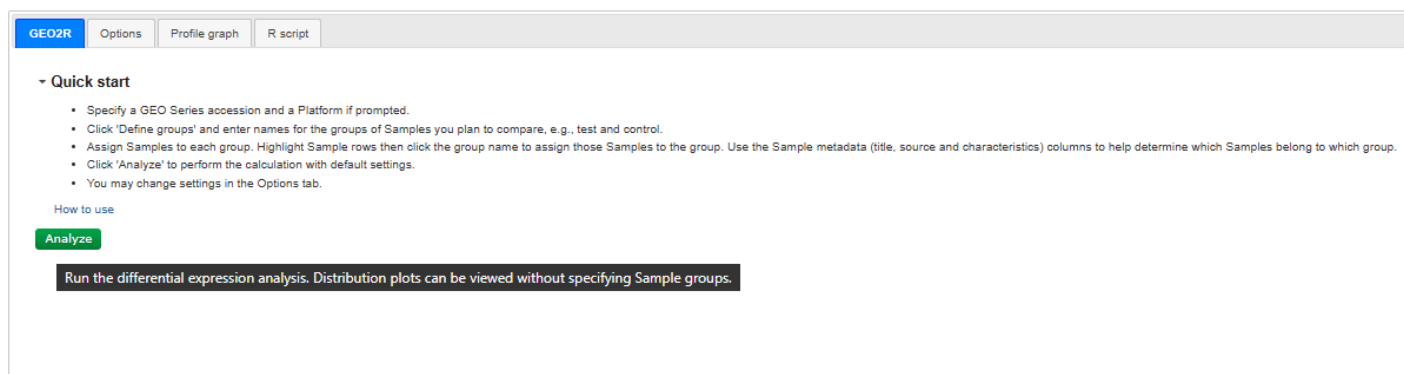


Figura 8. Información sobre cómo iniciar el análisis después de la búsqueda, con una guía de "Quick start" con consejos sobre cómo analizar. Referencia.

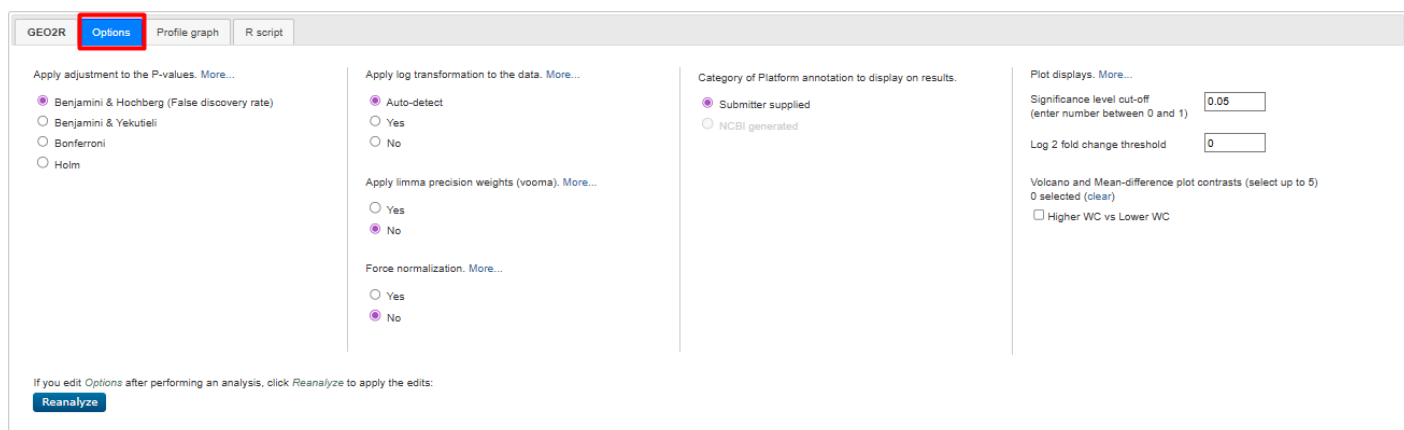


Figura 9. Opciones de análisis específicas relacionadas con el objetivo del estudio.

Figura 10. Opciones de análisis específicas relacionadas con el objetivo del estudio.

Consideramos High WC a las personas

A volcano plot showing the results of a differential gene expression analysis. The x-axis represents the log2(fold change) and the y-axis represents the -log10(P-value). The plot includes a horizontal line at approximately y = 1.3, which corresponds to a p-value of 0.05. Vertical lines are drawn at x = 1.3 and x = -1.3, representing a 2-fold change threshold. Red dots represent significantly up-regulated genes (positive log2(fold change) and high -log10(P-value)). Blue dots represent significantly down-regulated genes (negative log2(fold change) and high -log10(P-value)). A large cluster of grey dots represents non-significant genes. The plot shows a clear separation between the significant up-regulated and down-regulated genes from the non-significant ones.

Figura 12. Resultados de la comparación entre los grupos como altos (grupo High WC) y normales (grupo Lower WC), mostrados en un gráfico de volcán generado con GEO, útil para visualizar diferencias estadísticas en estudios epigenéticos.

Acceder a GEO no exige habilidades avanzadas de programación. Varias herramientas web permiten realizar análisis con pasos guiados. GEO2R es la interfaz del pro-



pio GEO para comparar grupos de muestras dentro de un estudio y obtener listas de genes diferencialmente expresados o metilados con métodos estadísticos consolidados (por ejemplo, limma). Presenta resultados tabulados y gráficas básicas, y ofrece el código empleado para fomentar la transparencia.

La Figura 8 muestra cómo iniciar el análisis después de seleccionar a las participantes.

Otras opciones de análisis (Figura 9) y también el código del script se pueden consultar en la interfaz (Figura 10). Aunque este estudio se centra en la metilación del ADN, se utiliza la función limma, que es el estándar de oro para analizar datos de expresión génica y también puede usarse para analizar datos de metilación de ADN [7].

La Figura 11 muestra los resultados de este análisis de ejemplo; se generan varios gráficos y análisis sin necesidad de conocimientos de programación.

En este ejercicio ilustrativo, el análisis mostró señales diferenciales en dos sitios CpG, cg08977382 (gen EDARADD) y cg13920856 (gen TANC1), los cuales pueden observarse en el gráfico de volcán (puntos rojos, Figura 12). Este tipo de visualización es ampliamente utilizado en estudios epigenéticos para mostrar, de manera exploratoria, la magnitud del cambio y su significancia estadística [8]. Los resultados aquí presentados se incluyen únicamente para ejemplificar el tipo de salida que GEO2R puede generar a partir de un conjunto de datos público. Debido al tamaño muestral reducido, al desbalance entre grupos y al carácter exploratorio del ejercicio, estos hallazgos no deben interpretarse como evidencia concluyente de asociación biológica o clínica, sino como una demostración del potencial de la herramienta para apoyar análisis iniciales y la generación de hipótesis [9].

Más allá de la obtención de tablas y gráficos, el análisis con GEO2R debe entender-

se como una aproximación exploratoria y no como una conclusión definitiva. Su interpretación requiere revisar metadatos, calidad muestral, balance entre grupos, covariables y posibles efectos de lote, además de contrastar los hallazgos con la literatura y, de ser posible, con otros conjuntos de datos o herramientas complementarias. En este sentido, GEO2R permite generar hipótesis iniciales a partir de datos públicos y familiarizar al usuario con la selección de muestras, la definición de grupos de comparación y la revisión de resultados estadísticos básicos en un entorno accesible, sin que ello implique establecer conclusiones biológicas o clínicas sin validación adicional.

Ciencia inclusiva: una oportunidad para los países con menos recursos

Plataformas como GEO ayudan a reducir la brecha entre centros ricos y pobres: con datos abiertos, un estudiante de una universidad rural puede analizar la misma información que un grupo de élite, sin invertir en laboratorios caros. Así, los países con menos recursos no solo consumen conocimiento, también generan y comparten evidencia sobre sus propios problemas de salud, incluyendo enfermedades desatendidas y variantes genéticas locales.

Impacto en formación e innovación en América Latina

En América Latina, GEO permite “aprender haciendo”: cursos cortos pueden incluir prácticas con GEO2R para que estudiantes desarrollen habilidades básicas en análisis de datos biomédicos usando estudios reales [10]. De este modo, GEO se convierte en un punto de encuentro global y un ejemplo de cómo los datos abiertos democratizan la ciencia y favorecen innovaciones en salud pública más allá de unos pocos centros privilegiados.

Conclusiones

GEO y las plataformas complementarias de análisis fácil constituyen una palanca para acelerar la investigación biomédica con criterios de apertura, eficiencia y rigor. El reuso de datos hace posible que equipos con distintas realidades presupuestales participen en la generación de conocimiento, a la vez que mejora la transparencia y la reproducibilidad. Con preguntas bien planteadas, documentación cuidadosa y una combinación de herramientas accesibles, es factible transformar matrices públicas en hipótesis sólidas, listas para validación experimental y comunicación responsable.

Agradecimientos

Agradecemos a la Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG), a la Universidade de São Paulo (USP) y a la Universidad Autónoma del Estado de Morelos (UAEM) por el apoyo institucional brindado durante el desarrollo de este trabajo. Asimismo, expresamos nuestro agradecimiento a la Dra. Natalia Yumi Noronha por sus valiosas contribuciones académicas y apoyo científico durante la preparación del manuscrito. También extendemos nuestro agradecimiento a la Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), cuyo respaldo fue fundamental para la realización de este estudio.

Referencias

- [1] Clough, E., Barrett, T., Wilhite, S. E., Ledoux, P., et al. (2024). NCBI GEO: archive for gene expression and epigenomics data sets: 23-year update. *Nucleic Acids Research*, 52(D1), D138–D144. <https://doi.org/10.1093/nar/gkad965>
- [2] Kesh, S., & Raghupathi, W. (2004). Critical issues in bioinformatics and computing. *Perspectives in health information management/AHIMA, American Health Infor-*

mation Management Association, 1, 9.

- [3] Wang, Z., Lachmann, A., & Ma'ayan, A. (2019). Mining data and metadata from the Gene Expression Omnibus. *Biophysical Reviews*, 11(1), 103–110. <https://doi.org/10.1007/s12551-018-0490-8>
- [4] Kułak, K., Sztybór, I., & Kamińska, K. (2024). Obesity-an epidemic of the 21st century—literature review. *Journal of Education, Health and Sport*, 70, 49557–49557.
- [5] Marchant, E., Singh, E., Kureel, S., Blair, B., Maroto, R., Sheetz, M., & Rasmussen, B. (2024). Abstract 2197 Whole-body ultrasound treatment increases insulin production and lowers fasting blood glucose in aged insulin-resistant mice. *Journal of Biological Chemistry*, 300(3). <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2024.106486>
- [6] Alsulami S, Nyakotey DA, Dudek K, Bawah AM, Lovgrove JA, Annan RA, Ellahi B, Vimalaswaran KS. Interaction between metabolic genetic risk score and dietary fatty acid intake on central obesity in a Ghanaian population. *Nutrients* 12: 1906, 2020. <https://doi.org/10.3390/nu12071906>
- [7] Sahoo, K., & Sundararajan, V. (2024). Methods in DNA methylation array dataset analysis: A review. *Computational and Structural Biotechnology Journal*, 23, 2304–2325. <https://doi.org/10.1016/j.csbj.2024.05.015>
- [8] Chen, J. Q., Salas, L. A., Wiencke, J. K., Koestler, D. C., Molinaro, A. M., Andrew, A. S., & Christensen, B. C. (2022). Immune profiles and DNA methylation alterations related with non-muscle-invasive bladder cancer outcomes. *Clinical Epigenetics*, 14(1), 14. <https://doi.org/10.1186/s13148-022-01234-6>
- [9] Han, M. R., Jeong, J. H., Kim, Y. G., Yang, H. H., Seo, C. O., Kim, Y., ... & Choi, J. I. (2024). Epigenetic regulation on left atrial function and disease recurrence after catheter ablation in atrial fibrillation. *Clinical Epigenetics*, 16(1), 183. <https://doi.org/10.1186/s13148-024-01794-9>
- [10] Chen, E. Y., Tan, C. M., Kou, Y., Duan, Q., Wang, Z., et al. (2013). Enrichr: interactive and collaborative HTML5 gene list enrichment analysis tool. *BMC Bioinformatics*, 14, 128. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-14-128>

Sección: ¿Cómo funciona?

Algoritmos genéticos: de la teoría evolutiva a la eficiencia industrial

*Genetic algorithms:
from evolutionary theory to industrial efficiency*

Byron Cristian Guzmán-Marín¹

Ailén Dumont-Viollaz^{2,3,4*}

¹Facultad de Ingeniería y Ciencias, Univ. Adolfo Ibáñez, Av. Diagonal Las Torres 2700, 7910000 Santiago, Chile.

²Programa de Doctorado en Medicina de la Conservación, Universidad Andrés Bello, República 440, Santiago, Chile.

³One Health Institute, Faculty of Life Sciences, Universidad Andrés Bello, Santiago, 8370251, Chile.

⁴Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago 8370134, Chile.

*Autor para la correspondencia: a.dumontviollaz@uandresbello.edu

RESUMEN

La optimización de procesos ha buscado inspiración en la naturaleza para superar las limitaciones de los métodos matemáticos tradicionales. Este enfoque bio-inspirado ha sido fundamental para abordar problemas donde el cálculo convencional resulta insuficiente. Los Algoritmos Genéticos (AG) permiten explorar vastos espacios de búsqueda de manera eficiente, fortaleciendo la toma de decisiones y optimizando recursos sin la dependencia exclusiva de la experimentación física. El presente artículo explora de dónde provienen teóricamente los AG y demuestra su potencial a través de dos casos de estudio. Se evidencia cómo estas herramientas bio-inspiradas se aplican con éxito para resolver problemas industriales complejos.

Palabras clave: Bioprocesos, optimización, simulación computacional.

SUMMARY

Process optimization has looked to nature for inspiration to overcome the limitations of traditional mathematical methods. This bio-inspired approach has been fundamental in addressing problems where conventional computation proves insufficient. Genetic algorithms (GAs) allow for the efficient exploration of vast search spaces, strengthening decision-making and optimizing resources without relying solely on physical experimentation. This article explores the theoretical origins of GAs and demonstrates their potential through two case studies. It shows how these bio-inspired tools are successfully applied to solve complex problems in industry.

Keywords: Bioprocesses, optimization, computational simulation.

El arte de simular lo imposible

Desde el plegamiento de proteínas hasta el destino celular, la naturaleza resuelve problemas complejos cada segundo. A este proceso de hallar la mejor solución entre infinitas opciones, lo llamamos optimización. Ante un número astronómico de combinaciones, el cálculo exhaustivo es computacionalmente inmanejable. Para superar esta limitación, recurrimos a la simulación como un atajo inteligente. Hoy podemos crear “mundos virtuales” y usar estrategias inspiradas en la biología y la física para resolver problemas de alta complejidad que antes se consideraban inabarcables.

Desglosando el concepto: de algoritmos a metaheurísticas

Un algoritmo es una secuencia finita y bien definida de instrucciones para resolver un problema. Pensemos en una receta de cocina, una serie de pasos para lograr un plato. Son procedimientos deterministas.

La heurística, del griego “heuriskein” (“hallar”), es una técnica para encontrar una solución “buena” de manera eficiente, especialmente cuando los métodos exactos son demasiado lentos [1]. Esta se adapta y se diseña para resolver un problema específico [2]. Pensemos en un conductor en una ciudad congestionada, no calcula matemáticamente cada ruta, sino que usa su experiencia para encontrar un camino rápido para ese trayecto en particular. Son atajos inteligentes.

Mientras que la heurística es específica, una metaheurística es un algoritmo de propósito general que puede ser aplicado para resolver casi cualquier problema de optimización [3]. No son algoritmos que resuelven un problema específico directamente, sino “estrategias maestras” que guían a otros algoritmos para explorar el espacio de soluciones. No garantizan la solución perfecta, pero encuentran

una suficientemente buena en un tiempo razonable, crucial cuando el espacio de búsqueda es tan vasto que resulta computacionalmente intratable. Las metaheurísticas no se limitan exclusivamente a estas magnitudes extremas, son herramientas fundamentales para resolver cualquier problema donde los métodos exactos consuman demasiado tiempo o recursos para ser viables en la práctica. Entre las técnicas más importantes y reconocidas en este campo se encuentran los Algoritmos Genéticos (AG).

¿Qué es un AG?

Un AG es una técnica de búsqueda y optimización heurística inspirada en los principios de la evolución natural y la genética de poblaciones descritos por Darwin [4]. A diferencia de los métodos matemáticos tradicionales que siguen un camino lineal fijo, los AG trabajan con una “población” de soluciones candidatas que evolucionan simultáneamente a lo largo del tiempo [5]. En general, el flujo de trabajo o pseudocódigo consiste en los siguientes pasos [6] (Figura 1A):

- 1. Inicialización (i):** se genera una población inicial aleatoria de cromosomas que representan las posibles soluciones. Es fundamental asegurar diversidad estructural para explorar ampliamente el espacio de búsqueda y evitar una convergencia prematura. El “genotipo” de estos cromosomas puede codificarse, por ejemplo, mediante codificación binaria (ceros y unos para decisiones de inclusión/exclusión) o codificación de permutación (secuencias numéricas para problemas de ordenamiento o asignación).
- 2. Evaluación (f(X)):** se aplica una función de aptitud (fitness) a cada cromosoma para cuantificar qué tan buena es la solución codificada. En problemas con restricciones estrictas (como límites de peso

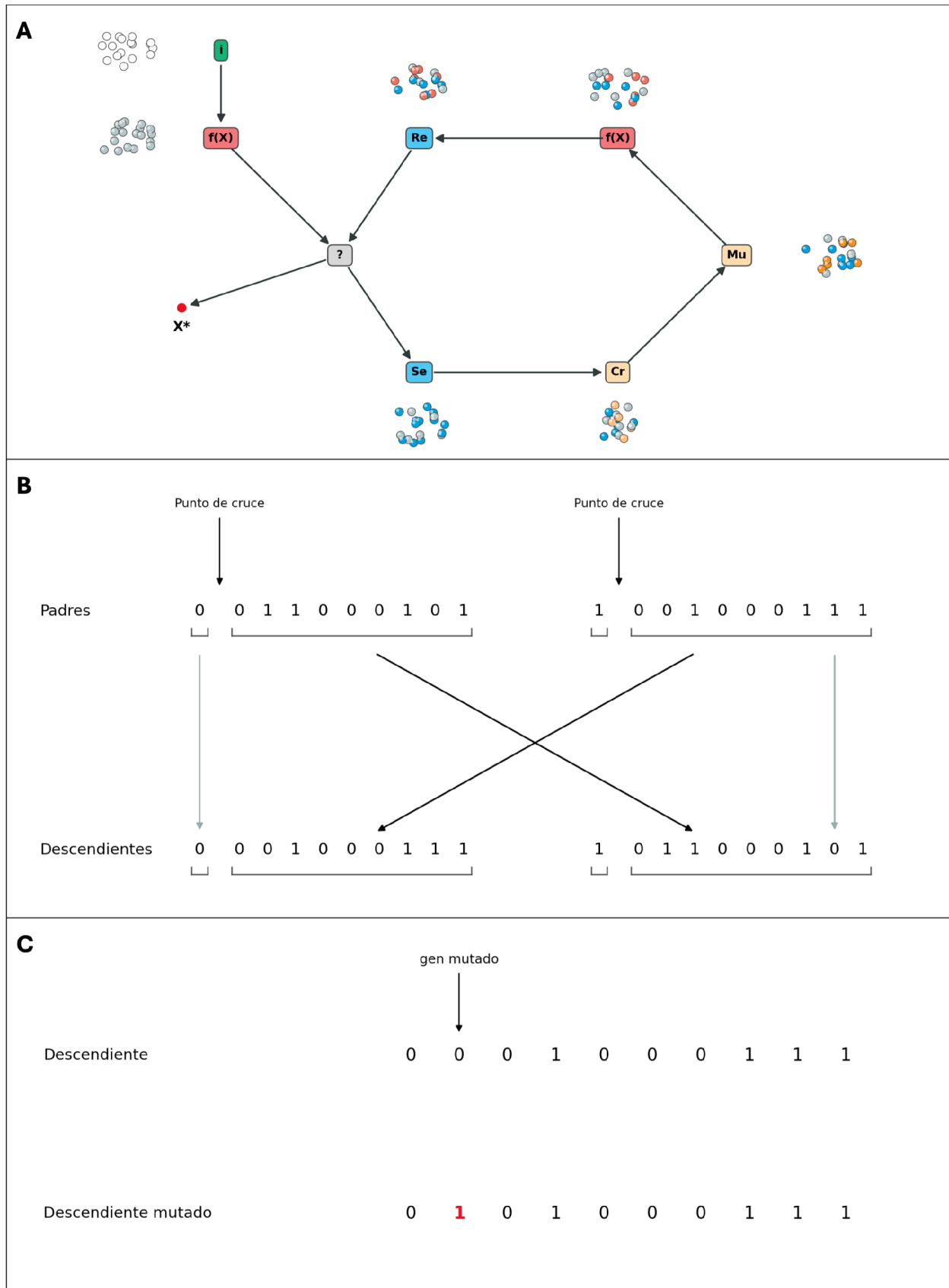


Figura 1. (A) Ciclo de un Algoritmo Genético. *i*: inicialización, *f(X)*: evaluación, *?*: condición de término, *Se*: selección, *Cr*: cruzamiento, *Mu*: mutación, *Re*: reemplazo, *X**: mejor solución encontrada. Adaptado de Ticona Melo [6]. (B) Operador de cruce (ejemplo ilustrativo empleando codificación binaria). (C) Operador de mutación (ejemplo ilustrativo empleando codificación binaria).

o de capacidad), suele incorporar mecanismos de penalización, que reducen drásticamente la aptitud de aquellos individuos que proponen soluciones físicamente inviables, forzando a la población a evolucionar dentro de los límites permitidos.

3. Ciclo evolutivo (Iteración): a través de operadores genéticos, la población se transforma generación tras generación explorando nuevas y mejores soluciones. Este ciclo iterativo consta de:

- **Selección (Se):** se eligen los cromosomas que serán padres en la siguiente generación. Individuos con mejor aptitud tienen mayor probabilidad de ser seleccionados para transmitir sus genes. Esta elección puede darse por “selección por ruleta” (la probabilidad es directamente proporcional a la aptitud del individuo) o “selección por torneo” (se enfrentan subgrupos de individuos y sobrevive el mejor), entre otros.
- **Cruzamiento (Cr):** es el principal operador genético y representa la reproducción sexual. Opera sobre dos cromosomas a la vez para generar descendientes que combinan las características de ambos padres (Figura 1B).
- **Mutación (Mu):** introduce cambios aleatorios en los genes, alcanzando zonas del espacio de búsqueda no cubiertas por la población actual,

manteniendo la diversidad genética (Figura 1C).

- **Reemplazo (Re):** una vez aplicados los operadores, se seleccionan los mejores individuos (padres e hijos) para conformar la población de la generación siguiente.

4. Condición de término (?): se define el criterio para finalizar la búsqueda iterativa. Aunque el objetivo es detenerse al encontrar la solución óptima, al ser comúnmente desconocida, se aplican otros límites prácticos como un número máximo de generaciones o la ausencia de cambios significativos en la población.

De la fábrica a la célula: aplicaciones transversales

La versatilidad de los AG les permite resolver problemas críticos en múltiples sectores [4]. En la industria, se usan para optimizar la programación de la producción y minimizar costos [7]; en ciencias de los materiales, aceleran el descubrimiento de estructuras; en medicina asisten en el diagnóstico clínico [8]. En el campo de la bioingeniería, permiten el ensamblado preciso de secuencias de ADN y la detección bioinformática de inhibidores virales, abriendo paso al diseño de enzimas mediante la integración con modelos de lenguaje [9].

Estudio de caso 1: planificación de producción en biorreactores

En una planta de bioprocesos, la eficiencia lo es todo [10, 11]. Imaginemos una planta que debe producir 4 proteínas recombinantes diferentes utilizando 4 biorreactores disponibles. La Tabla 1 de tiempos de proceso estimados, representa cuántas horas tarda un biorreactor en alcanzar la densidad celular objetivo para una proteína. Se debe

Tabla 1. Rendimiento operativo: Biorreactor vs. Proteína.

	Proteína 1	Proteína 2	Proteína 3	Proteína 4
Biorreactor A	9	12	8	10
Biorreactor B	10	9	11	13
Biorreactor C	14	10	12	9
Biorreactor D	11	13	10	8

encontrar la combinación de asignaciones que minimice el tiempo total de operación de la planta, respetando que cada equipo procese una única proteína.

Para aplicar el AG, convertimos este rompecabezas en un problema evolutivo. Aquí, cada posible plan de producción se trata como un individuo con su propio código genético:

- **Genotipo (el plan de producción):** es el “ADN” de nuestra solución, es decir, una secuencia numérica única que dicta qué proteína se cultiva en qué tanque. Un genotipo 3, 1, 4, 2 significa: “El biorreactor A produce la proteína 3, el B la proteína 1, el C la proteína 4 y el D la proteína 2”.
- **Función de aptitud (el cronómetro):** el algoritmo suma las horas que cada biorreactor tardaría según el genotipo propuesto. Aquí, los planes de producción con la suma de tiempo más baja son los más “aptos”.
- **Restricción (la capacidad física):** para que la solución sea válida en la realidad, impusimos una regla física inquebrantable: Un Biorreactor = Una Proteína. El algoritmo no puede proponer que el Biorreactor A produzca dos proteínas simultáneamente ni dejar una proteína sin asignar, descartando cualquier mutación que viole esta regla.
- **Dinámica evolutiva (el proceso en acción):** imaginemos una generación intermedia dentro de una población constante de 8 individuos, donde se evalúan pares para elegir al más apto. Un ganador con genotipo 1, 4, 2, 3 se traduce en una asignación física (fenotipo) donde los biorreactores A, B, C y D producen las proteínas 1, 4, 2 y 3 respectivamente, con un tiempo total de 42 horas. A través del operador de cruzamiento con otro individuo, se genera descendencia asegurando no duplicar proteínas. Posteriormente,

el operador de mutación introduce variabilidad intercambiando aleatoriamente la posición de dos proteínas. Si el nuevo genotipo resulta en 3, 1, 2, 4, la nueva asignación física reduce el tiempo a 36 horas. Este ciclo se repite iterativamente, descartando las combinaciones ineficientes.

Tras ejecutar la simulación mediante un código desarrollado por los autores en Python (utilizando librerías estándar para la generación de secuencias aleatorias), el algoritmo convergió exitosamente identificando la configuración óptima con un tiempo total de 36 horas, y genotipo 3, 1, 2, 4. El criterio de paro establecido para finalizar la búsqueda iterativa fue completar un límite máximo de 10 generaciones evolutivas, lo cual demostró ser computacionalmente suficiente para garantizar la convergencia dada la magnitud del espacio de búsqueda en este caso de estudio.

Si el código de esta simulación se ejecuta múltiples veces, el camino evolutivo hacia la solución variará, dada la naturaleza estocástica (probabilística) inherente a los AG. El algoritmo rara vez repetirá la misma secuencia de pasos intermedios. No obstante, la robustez de esta técnica bio-inspirada radica precisamente en que, independientemente de la ruta exploratoria aleatoria que tome, el sistema converge consistentemente hacia la solución óptima global al contar con los parámetros de aptitud correctos.

Estudio de caso 2: el problema de la mochila (asignación de recursos)

Se tiene una mochila con una capacidad máxima de peso (C) y una serie de n ítems disponibles. Cada ítem posee un peso específico (p_i) y aporta un beneficio determinado (b_i). El objetivo es seleccionar qué ítems introducir en la mochila para maximizar el beneficio total, asegurando que la suma de sus pesos no supere la capacidad física de la mochila. A modo de ejemplo consideraremos $C=120$ y $n=$

10, donde:

Tabla 2. Parámetros de los ítems disponibles.

Ítem	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
Peso	20	25	20	20	35	40	35	30	35	25
Beneficio	50	35	45	20	35	40	50	50	45	40

Este problema requiere un enfoque distinto:

- **Genotipo (Codificación binaria):** el “ADN” de cada solución se representa mediante una cadena de ceros (el ítem es descartado) y unos (el ítem es incluido). Por ejemplo, el genotipo 1 1 0 1 0 1 1 1 0 0 propone llevar los ítems 1, 2, 4, 6, 7 y 8, dejando fuera al resto.
- **Función de aptitud con penalización:** se introduce un mecanismo de penalización. Si la suma de los pesos es menor o igual a 120, la aptitud (F) equivale al total del beneficio obtenido. Si la mochila se “rompe” (el peso supera la capacidad de 120), el individuo es penalizado y su aptitud se calcula restando la suma total de los pesos al beneficio total ($F = \text{Beneficios} - \text{Pesos}$). Evaluando el genotipo anterior (1 1 0 1 0 1 1 1 0 0), la suma de beneficios es 245 y la de pesos es 170. Al exceder el límite, la penalización resulta en $F = 245 - 170 = 75$.
- **Dinámica evolutiva (Operadores aplicados):** se utiliza un método probabilístico proporcional. Los individuos con mayor aptitud obtienen intervalos de probabilidad más amplios (por ejemplo, el individuo con $F=160$ abarca el intervalo de selección $[0,58-0,89]$), aumentando sus posibilidades de ser seleccionados como progenitores.
- **Cruce:** una vez seleccionados dos padres, se define un punto de corte en sus cromosomas y se intercambian sus seg-

mentos para generar descendientes que combinan los objetos de ambas mochilas parentales.

- **Mutación:** con una baja probabilidad, se altera aleatoriamente un bit del cromosoma (un ítem que estaba dentro se saca, o viceversa), inyectando nueva diversidad para evitar que el algoritmo se estanque.
- **Resultado final:** el algoritmo converge en la configuración óptima representada por el genotipo 1 1 1 1 0 0 0 1 0 0 con un beneficio máximo de $F = 200$.

Conclusiones

Los AG aplican la eficiencia biológica a la ingeniería. Este estudio lo demuestra mediante dos enfoques: la optimización de tiempos en bioprocesos usando permutación, y la resolución del problema de la mochila con codificación binaria y penalizaciones. Ambos casos prueban que los modelos evolutivos hallan configuraciones óptimas sin recurrir a cálculos exhaustivos. La optimización bio-inspirada transforma la ciencia en una realidad operativa más precisa y económica.

Disponibilidad de datos y código

El código fuente en Python desarrollado para la simulación de los dos casos de estudio (Planificación de Biorreactores y Problema de la Mochila) se encuentra disponible de forma abierta para su consulta y replicación en el siguiente repositorio de Google Colab: <https://colab.research.google.com/drive/1lqGJ9AV-t92kV8dssmGYAxbJxCzGJzrq5>

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Agencia Nacional de

Investigación y Desarrollo (ANID)/ Programa de Becas/Doctorado Becas Chile/2024-21241524 y 2026-21262510

Gemini se utilizó únicamente para la edición del lenguaje y la mejora de la claridad durante la preparación de este manuscrito sin comprometer su originalidad.

Referencias

[1] Martí, R. (2003). Procedimientos metaheurísticos en optimización combinatoria. *Matemáticas*, Universidad de Valencia, 1(1), 3-62.

[2] Talbi, E. (2009). *Metaheuristics. From design to implementation*. John Wiley & Sons Inc.

[3] Glover, F. (1986). Future paths for integer programming and links to artificial intelligence. *Computers and Operation Research* 13(5),533-549. [https://doi.org/10.1016/0305-0548\(86\)90048-1](https://doi.org/10.1016/0305-0548(86)90048-1)

[4] McCall, J. (2005). Genetic algorithms for modelling and optimisation. *Journal of Computational and Applied Mathematics* 184(1), 205-222. <https://doi.org/10.1016/j.cam.2004.07.034>

[5] Katoch, S., Chauhan, S. S., Kumar, V. (2021). A review on genetic algorithm: past, present, and future. *Multimedia tools and applications* 80(5), 8091-8126. <https://doi.org/10.1007/s11042-020-10139-6>

[6] Ticona Melo, L. R., Oliveira, R., Echegaray, R., Bittencourt, T. N. (2010). *Optimización de estructuras metálicas para puentes mediante algoritmos genéticos con el programa PUENFLEX Ver. 2.0. Mecánica Computacional* 29, 9327-9344.

[7] Angulo Guerrero, R. J., Garcia Camacho, D. J. (2023). Optimización de procesos de producción mediante el uso de algoritmos genéticos. *Ingeniería y sus Alcances, Revista de Investigación* 7(18), 316-324. <https://doi.org/10.33996/revistaingenieria.v7i18.109>

[8] Ghaheri, A., Shoar, S., Naderan, M., Hoseini, S. S. (2015). The applications of genetic algorithms in medicine. *Oman medical journal* 30(6), 406. <https://doi.org/10.5001/omj.2015.82>

[9] Nana Teukam, Y. G., Zipoli, F., Laino, T., Criscuolo, E., Grisoni, F., Manica, M. (2025). Integrating genetic algorithms and language models for enhanced enzyme design. *Briefings in bioinformatics* 26(1), bbae675. <https://doi.org/10.1093/bib/bbae675>

[10] Sarkar, D., Modak, J. M. (2004). Genetic algorithms with filters for optimal control problems in fed-batch bioreactors. *Bioprocess and Biosystems Engineering* 26(5), 295-306. <https://doi.org/10.1007/s00449-004-0366-0>

[11] Roubos, J. A., Van Straten, G., Van Boxtel, A. J. B. (1999). An evolutionary strategy for fed-batch bioreactor optimization; concepts and performance. *Journal of biotechnology* 67(2-3), 173-187. [https://doi.org/10.1016/S0168-1656\(98\)00174-6](https://doi.org/10.1016/S0168-1656(98)00174-6)

Sección: Arte en ciencia e ingeniería

La ciencia: Asíntota de la realidad

Science: An asymptote of reality



*Francisca Villanueva-Flores**

Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología, 1036 Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos.

**Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx*

RESUMEN

El poema retrata la ciencia como una práctica humilde y metódica: un faro que ilumina sin inventar certezas, un lente que se calibra, un idioma que se corrige y un puente construido con pruebas y réplicas. Subraya la importancia de la verificación, los controles, la revisión por pares y la ética como defensas contra la ilusión. Explica la analogía de la asíntota: la ciencia se aproxima a la verdad sin poseerla, avanzando en pequeños pasos, aprendiendo del error y sosteniéndose en una mesa colectiva de preguntas y evidencia.

Palabras clave: Ciencia, incertidumbre, verificación, rigor, evidencia.

SUMMARY

The poem portrays science as a humble, methodical practice: a lighthouse that shines without inventing certainties, a lens that is calibrated, a language that is revised, and a bridge built from tests and replications. It underscores the importance of verification, controls, peer review, and ethics as safeguards against illusion. It explains the asymptote analogy: science approaches truth without possessing it, moving forward in small steps, learning from error, and resting on a shared table of questions and evidence.

Keywords: Science, uncertainty, verification, rigor, evidence.

La ciencia es un faro que acepta su propia niebla:

no promete costa,
promete no inventarla.
Alumbra con honestidad limitada:
dice “hasta aquí veo”,
y en vez de disfrazar la oscuridad,
marca el margen y deja constancia.
Su luz no es arrogante:
gira, vuelve, insiste,
y aprende a nombrar lo que falta.

Es un lente que aprende a desconfiar de sus rayas:

calibramos la mirada,
pulimos el vidrio,
repetimos el enfoque,
y aun así dejamos un borde borroso
para recordar que la realidad
no cabe completa en un encuadre.
Medir no es mirar más fuerte,
es mirar mejor:
poner escala, unidad, control,
anotar la temperatura,
el día, el lote, la mano,
y aceptar que el instrumento
también tiene carácter y caprichos.
Por eso la ciencia ama los detalles,
no como manía,
sino como defensa
contra la ilusión.

Es un idioma con tachones:

escribimos una frase,
la ponemos al sol,
y si se decolora, la reescribimos.

No por capricho,
sino porque el mundo
corrige mejor que nosotros.

El cuaderno no es altar,
es borrador.

A veces una hipótesis nace valiente
y muere digna

cuando el dato insiste.

A veces el “no salió”
es la respuesta más cara,
y la guardamos igual,
porque también enseña por dónde no.

Publicar no es cerrar:
es abrir la puerta
para que otros entren con linterna
y te digan, sin odio,
dónde cruje el argumento.

Es una conversación con reglas:

si afirmas, muestras;
si dudas, cuantificas;
si comparas, justificas.
Por eso existen los controles,
los cegamientos,
las muestras independientes,
y esa costumbre saludable

de desconfiar del resultado perfecto.

Las barras de error

son una forma de humildad dibujada.

También hay un oficio silencioso:

limpiar datos sin maquillarlos,

declarar exclusiones sin trampa,

distinguir correlación de causa,

resistir la tentación del “encaja”,

y aceptar que a veces la señal

es solo ruido bien iluminado.

Es un puente hecho de pruebas:

cada experimento es un clavo,

cada réplica una viga,

cada error descubierto

una tabla que cruje a tiempo

antes de que alguien caiga.

Un puente que se inspecciona en público:

métodos, códigos, datos,

para que otra mirada

encuentre la grieta

antes de que la grieta sea tragedia.

La revisión por pares no es ceremonia,

es fricción útil:

manos distintas probando la misma puerta.

Y si el puente se rompe,

no se reza:

se rediseña,

se retira lo inseguro,

se escribe la lección

para que duela menos la próxima vez.

Y sí: se parece a la magia,

pero sin engaños.

Magia con recibos.

Te muestra el truco,

te enseña a repetirlo,

y si falla, no te regaña:

te señala dónde mintió la mano

o dónde se escondió el sesgo.

La magia promete asombro;

la ciencia, además,

promete memoria:

lo que funcionó, cómo, y con qué costo.

Y cuando no sabe,

no inventa:

propone preguntas más precisas.

Incluso sus modelos,

sus simulaciones,

sus ecuaciones elegantes,

llevan al pie una cláusula:

“esto vale si se cumplen estas condiciones”.

No es debilidad;

es respeto.

Es asintótica:

como una línea que se aproxima a otra sin tocarla:

una cometa que roza el borde de la verdad

sin hacerla suya.

Cada vez que creemos tocarla

aparece otro horizonte,
 otro “todavía”,
 otra puerta que no sabíamos que existía.

La realidad no se agota:

cambia de escala,
 se dobla en detalles,
 se ríe de nuestras categorías,
 y aun así, a ratos,

nos concede una ley simple

como quien concede un
 mapa.

La ciencia avanza a
 saltos pequeños:

un decimal que se
 gana,

un sesgo que se
 reduce,

una técnica que
 mejora,

un “no era así”
 que libera.

Quizá eso fue lo que
 nos cambió:

no colmillos, no
 garras,

sino esta rara
 capacidad

de dejarnos
 domesticar por la
 evidencia,

de corregirnos
 juntos

sin rompernos.

De convertir el

desacuerdo

en método,

y la duda

en herramienta.

De aprender que una conclusión

no es un trofeo,

es un punto provisional

con fecha y condiciones.

Y de recordar, en voz baja,

que la ciencia también es humana:

tiene incentivos, prisa,
 cansancio;

por eso se vacuna

con transparencia y
 comunidad.

La ciencia no es
 un trono:

es una mesa.

Se sienta cual-
 quiera

que esté dispues-
 to a lavar sus
 certezas

y a traer pregun-
 tas limpias.

Se sienta quien
 comparte,

quien cita,

quien escucha al
 dato

aunque incomo-
 de al ego.

Y también quien
 recuerda



Figura 1. La ciencia como faro en la niebla. Un faro emerge entre brumas densas, iluminando sin pretender disiparlas por completo. Los símbolos científicos grabados en su estructura evocan el conocimiento acumulado, mientras la luz que avanza reconoce la incertidumbre como parte inherente del proceso científico: orientar sin prometer certeza absoluta, avanzar aceptando los límites de lo conocido.

que no todo lo posible es correcto:
hay ética, hay cuidado,
hay vidas en el borde del resultado.
La mesa se alarga cuando caben más,
cuando la diversidad
ensancha las preguntas
y reduce los puntos ciegos.

Y al final, toca lo real
como se toca el fuego:
con distancia, con instrumentos,
con guantes de rigor,
y con el agradecimiento silencioso
de no arder a ciegas.
Porque avanzar no es conquistar:
es acercarse,
un poco,
y dejar una luz encendida
para el siguiente paso.

Agradecimientos

Se agradece el financiamiento de los fondos SIP20250306, SIP20251096 y SIP20254781, otorgado por el Instituto Politécnico Nacional, así como el proyecto Ciencia Básica y de Frontera 2025 (CBF-2025-I-1532), otorgado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), para la realización de este trabajo.

Referencias

- [1] Popper, K. (2002). *The logic of scientific discovery* (2nd ed.). Routledge.
- [2] Kuhn, T. S. (2012). *The structure of scientific revolutions* (4th ed.). University of Chicago Press.
- [3] Cartwright, N. (1983). *How the laws of physics lie*. Clarendon Press.
- [4] Oreskes, N. (2019). *Why trust science?* Princeton University Press.
- [5] Open Science Collaboration. (2015). Estimating the reproducibility of psychological science. *Science*, 349(6251), aac4716. <https://doi.org/10.1126/science.aac4716>

Sección: Arte en ciencia e ingeniería

Del matraz a la clínica: historia de una nanopartícula magnética

From flask to clinic: the story of a magnetic nanoparticle

Ashley J. Gutierrez-Onofre¹

Igor García-Atutxa²

Francisca Villanueva-Flores^{1*}

¹Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología 1036, Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos, México.

²Universidad Católica San Antonio de Murcia (UCAM). Av. de los Jerónimos, 135, 30107, Murcia, España.

*Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx

RESUMEN

El presente texto narra en primera persona, con una mirada creativa y rigurosa, el viaje de una nanopartícula magnética desde su nacimiento en un matraz hasta su llegada a la clínica. A través de imágenes de laboratorio y guiños de física y biología, la partícula describe cómo su magnetismo (anclado en lo cuántico) se convierte en una acción medible cuando un campo alterno la hace disipar calor local como apoyo terapéutico contra el cáncer. Entre recubrimientos biocompatibles y corona proteica, el relato muestra cómo una idea “casi” se convierte en una herramienta real para hacer el bien.

Palabras clave: Nanopartículas magnéticas, hipertermia magnética, corona protéica, cáncer.

SUMMARY

This text, tell in the first person, traces a magnetic nanoparticle's journey from its birth in a laboratory flask to its arrival in the clinic, combining creative imagery with scientific accuracy. Through snapshots of the lab and accessible hints of physics and biology, the particle explains how magnetism (rooted in quantum phenomena) becomes a measurable action when an alternating field drives localized heat dissipation as a therapeutic aid against cancer. Between biocompatible coatings and the protein corona, the narrative shows how a “nearly” idea can become a fundamental tool for doing good.

Keywords: Magnetic nanoparticles, magnetic hyperthermia, protein corona, cancer.

Yo no tuve infancia; tuve síntesis. Mi creador fue un estudiante de doctorado del Instituto Politécnico Nacional (IPN): joven, terco en el buen sentido, de los que llegan temprano y se van cuando el laboratorio ya suena hueco. Con él aprendí que la ciencia no es solo técnica: es carácter; si algo salía mal, no culpaba al azar: ajustaba el protocolo y volvía a intentarlo al día siguiente.

Todo empezó en un matraz de vidrio, con una barra magnética girando como si tuviera prisa y ese zumbido que sonaba a “ahí viene”. Al principio yo era apenas una posibilidad: sales de hierro disueltas, invisibles, flotando en ese estado de “casi”. Entonces él subió el pH con la precisión de quien ya falló lo suficiente como para respetar cada gota; y el hierro dejó de querer estar solo. La mezcla cambió de reglas: lo que era dispersión se volvió encuentro. En segundos, el líquido se llenó de diminutos puntos negros y, en ese instante exacto, dejé de ser idea para convertirme en partícula.

Lo difícil no fue hacerme, sino hacerme bien. Él no buscaba “algo nano” para lucirse; buscaba algo útil: tamaño correcto, superficie adecuada, estabilidad real. Demasiado grande y yo sería un imán indiscreto; demasiado pequeña y perdería parte de mi gracia. Me diseñó para responder cuando me llaman y, el resto del tiempo, quedarme tranquila: magnética, sí, pero sin imantar el mundo a cada paso.

Luego vino lo serio: volverme administrable en un cuerpo humano. Una partícula bonita no sirve si se agrupa, se oxida o provoca alarma. Por eso me lavó, me estabilizó, me midió una y otra vez, y me dejó lista en una suspensión inyectable. Ahí cambió el escenario: pasé del vidrio a la clínica, con un objetivo claro: ayudar a calentar un tumor de forma localizada cuando, desde fuera del cuerpo, se aplica un campo magnético que cambia rápidamente de dirección e intensidad (como un “vaivén” invisible). Ese vaivén hace que las nanopartículas intenten alinearse una y otra vez y, en ese es-

fuerzo, disipen energía en forma de calor. Así se estresan las células cancerosas y, en muchos protocolos, se potencian otros tratamientos [1].

Mi magnetismo, en el fondo, es cuántico: nace de los electrones y de su spin (no de un trompo diminuto, sino de una propiedad fundamental). En la práctica, me parezco a una brújula microscópica: un momento magnético único en tensión con el azar térmico; el agua y la temperatura me sacuden sin descanso. Por eso, cuando nadie me llama, no soy un imán agresivo. En muchos diseños de óxido de hierro somos superparamagnéticas: con campo nos alineamos; sin campo nos “apagamos” y evitamos amontonarnos como limaduras [2].

Antes de entrar, me vistieron con una capa biocompatible (polímeros, azúcares, sílice, proteínas... según el diseño) para que no me pegara a otras nanopartículas, para que células o superficies del cuerpo no se me engancharan y para reducir “pegajosidades” que puedan activar defensas o reacciones no deseadas. Aun así, en cuanto toco sangre, el organismo me asigna un “perfil”: las proteínas del plasma se me adhieren y forman una corona. No es decoración: es mi cara pública. Puede volverme más “invisible” o más “sospechosa”, acelerar mi retirada por los macrófagos o hacer que circule más [3].

Cuando llega el campo alternante, mi “aguja” interna intenta seguirlo, pero no lo hace del todo, y ese “no perfecto” es el punto. El desfase, ya sea porque mi magnetización rota internamente (relajación de Néel) o porque intento girar en el fluido (relajación browniana), disipa energía en forma de calor (hipertermia magnética). Ese aumento de temperatura (a menudo de ~42–45 °C en el tejido objetivo, según el protocolo) puede estresar las células tumorales y reforzar la radioterapia o la quimioterapia cuando se combina clínicamente. Todo depende del “dónde” y del “cuánto”. También del ritmo: la intensidad, la duración y la manera

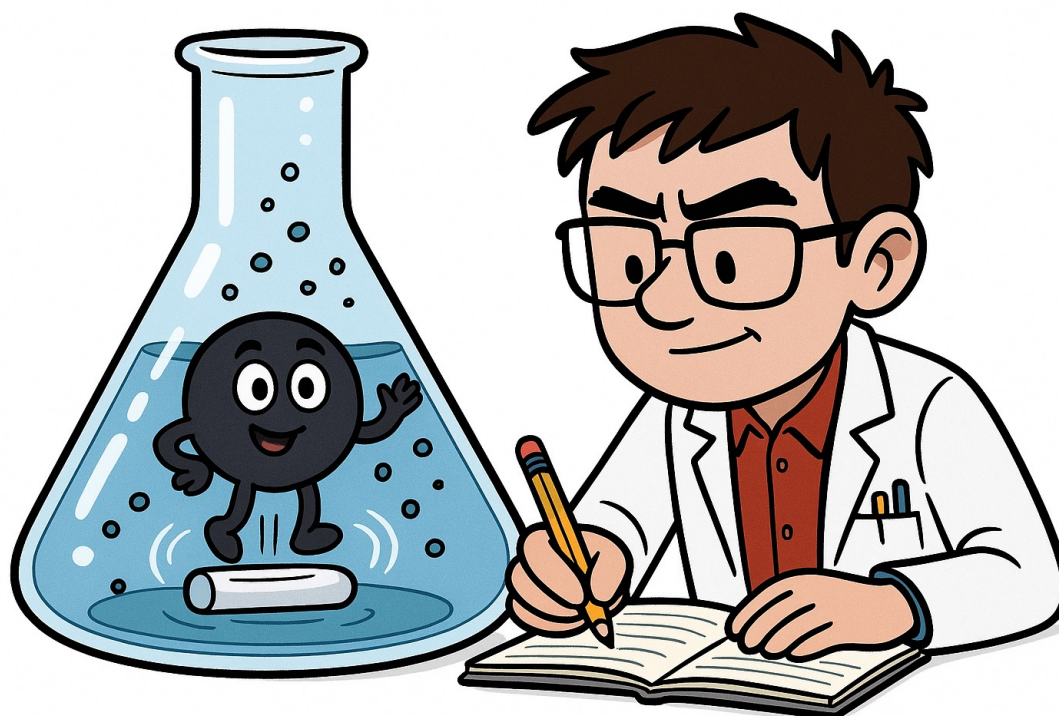


Figura 1. Caricatura del “nacimiento” conceptual de una nanopartícula magnética: un estudiante registra el proceso de síntesis mientras, en el matraz con agitación magnética, la nanopartícula (personificada) emerge de las sales de hierro. Ilustración elaborada con Chat GTP5.2 de OpenAI.

de aplicar el campo, porque aquí el control no es un detalle; es el corazón del procedimiento. Cuando se cumple el tiempo de aplicación, la señal se detiene: ahí termina mi parte activa de la terapia [4].

Y entonces, sin ceremonia, el campo se apaga y todo vuelve a su ritmo normal: la brújula interna deja de perseguir pulsos y vuelvo a ser una partícula discreta, recubierta y con su corona. Lo siguiente no es épico, pero es honesto: el cuerpo ordena la salida. Con el tiempo me recogen células patrulla, me llevan a sus rutas de limpieza y me van desarmando; mi hierro termina integrado a sus reservas o eliminado gradualmente, según el diseño y la dosis. En esa fase final ya no “hago” nada: simplemente dejo de estorbar, como debe ser, y el organismo cierra el ciclo con su propia eficiencia [5]. En algún lugar, lejos de la bobina y del silencio clínico, el estudiante vuelve al laboratorio y abre su libreta: no para presumir,

sino para comprobar que lo que ajustó tantas veces en vidrio tuvo sentido en una persona. Ahí está su satisfacción, sin discursos: saber que una idea que empezó como “casi” se hizo útil. Y que, a veces, la ciencia sí alcanza a hacer el bien.

Agradecimientos

Se agradece el financiamiento de los fondos SIP20250306, SIP20251096 y SIP20254781, otorgado por el Instituto Politécnico Nacional, así como el proyecto Ciencia Básica y de Frontera 2025, otorgado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), para la realización de este trabajo. AGO recibió una beca de la SECIHTI para sus estudios de posgrado, con el número 4063655. Se empleó inteligencia artificial (ChatGPT-5.2, OpenAI) como apoyo en la revisión gramatical y sintáctica

del manuscrito; el contenido, la originalidad y el rigor científico son responsabilidad exclusiva de las personas autoras.

Referencias

- [1] Pankhurst, Q. A., Connolly, J., Jones, S. K., & Dobson, J. (2003). Applications of magnetic nanoparticles in biomedicine. *Journal of Physics D: Applied Physics*, 36(13), R167–R181. <https://doi.org/10.1088/0022-3727/36/13/201>
- [2] Laurent, S., Dutz, S., Häfeli, U. O., & Mahmoudi, M. (2008). Magnetic iron oxide nanoparticles: Synthesis, stabilization, vectorization, physicochemical characterizations, and biological applications. *Chemical Reviews*, 108(6), 2064–2110. <https://doi.org/10.1021/cr068445e>
- [3] Monopoli, M. P., Åberg, C., Salvati, A., & Dawson, K. A. (2012). Biomolecular coronas provide the biological identity of nanosized materials. *Nature Nanotechnology*, 7(12), 779–786. <https://doi.org/10.1038/nnano.2012.207>
- [4] Hergt, R., & Dutz, S. (2007). Magnetic particle hyperthermia—Biophysical limitations of a visionary tumour therapy. *Journal of Magnetism and Magnetic Materials*, 311(1), 187–192. <https://doi.org/10.1016/j.jmmm.2006.10.1156>
- [5] Nowak-Jary, J., & Machnicka, B. (2023). In vivo biodistribution and clearance of magnetic iron oxide nanoparticles for medical applications. *International Journal of Nanomedicine*, 18, 4067–4100. <https://doi.org/10.2147/IJN.S415063>

Sección: Arte en ciencia e ingeniería

*La travesía de *Azotobacter vinelandii*: una aventura llena de cambios*

*The journey of *Azotobacter vinelandii*: An adventure full of changes*

Iliana C. Martínez-Ortiz

Francisca Villanueva-Flores*

Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología, 1036 Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos, México.

*Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx

RESUMEN

Azotobacter vinelandii es una bacteria del suelo capaz de fijar nitrógeno y solubilizar fosfatos, procesos que favorecen el crecimiento de las plantas. Bajo condiciones adversas, como la desecación, sufre un proceso de diferenciación celular mediante el cual forma quistes, estructuras resistentes a la desecación. En esta narrativa en forma de cuento describimos el proceso que realiza *Azotobacter* desde el enquistamiento hasta la germinación.

Palabras clave: *Azotobacter vinelandii*, quiste, resistencia.

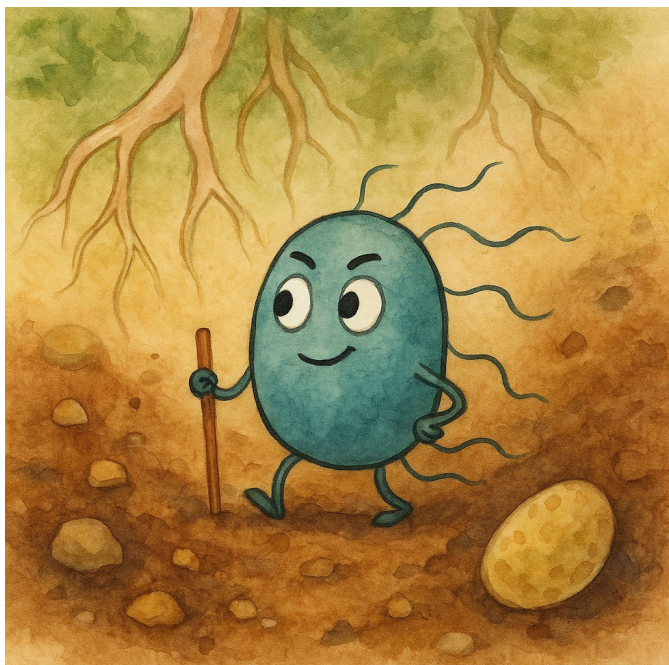
SUMMARY

Azotobacter vinelandii is a soil bacterium capable of nitrogen fixation and phosphate solubilization, processes that promote plant growth. Under adverse conditions, such as desiccation, it undergoes a process of cellular differentiation through which it forms cysts, structures that are resistant to desiccation. In this narrative, we describe the process followed by *Azotobacter* from encystment to germination.

Keywords: *Azotobacter vinelandii*, cyst, resistance.

Un habitante discreto del suelo

En el vasto universo del suelo, donde las raíces de las plantas conversan entre susurros, habita un ser diminuto, tan pequeño, que está formado por una sola célula. A pesar de que podrías imaginar que es un ser simple, te aseguro que es extraordinario, su nombre es: *Azotobacter vinelandii*.



El don de transformar nutrientes en recursos aprovechables

Comencemos hablando de su don más generoso: ayudar al crecimiento vegetal. *A. vinelandii* **fija nitrógeno**, que las plantas usan para sintetizar proteínas, clorofila y ácidos nucleicos y **solubiliza fosfatos**, crucial para moléculas como ATP y fosfolípidos. Lo interesante es que ambos nutrientes son abundantes en el ambiente, pero no en una forma utilizable. El problema del nitrógeno, por ejemplo, es que está en forma de N_2 , una molécula extremadamente estable. Las plantas no pueden romper ese enlace por sí mismas. *A. vinelandii* sí puede hacerlo, gracias a una enzima llamada ni-

trogenasa, que convierte N_2 en amonio (NH_4^+), una forma aprovechable, mientras que el fósforo suele estar presente en el suelo, pero atrapado en formas insolubles. En esa condición, las raíces no pueden absorberlo fácilmente. *A. vinelandii*, puede contribuir a solubilizar fosfatos, mediante la liberación de compuestos que modifican el microambiente y facilitan la liberación del fósforo. Por eso, quienes crecen cerca de ella se vuelven más altos, más verdes y más fuertes.



Cuando el suelo deja de ser un hogar

El suelo no es un ambiente estable. A diferencia de un laboratorio, donde temperatura, nutrientes y humedad se controlan, el suelo real es un sistema dinámico. Imaginemos un campo en la temporada seca: las lluvias cesan, el calor golpea sin tregua, el viento arrastra y consume la humedad que la tierra guarda. Los nutrientes comienzan a escasear. A escala microscópica, esto es una crisis: ¿Cómo sobrevivir? *A. vinelandii* tiene la respuesta: transformándose.



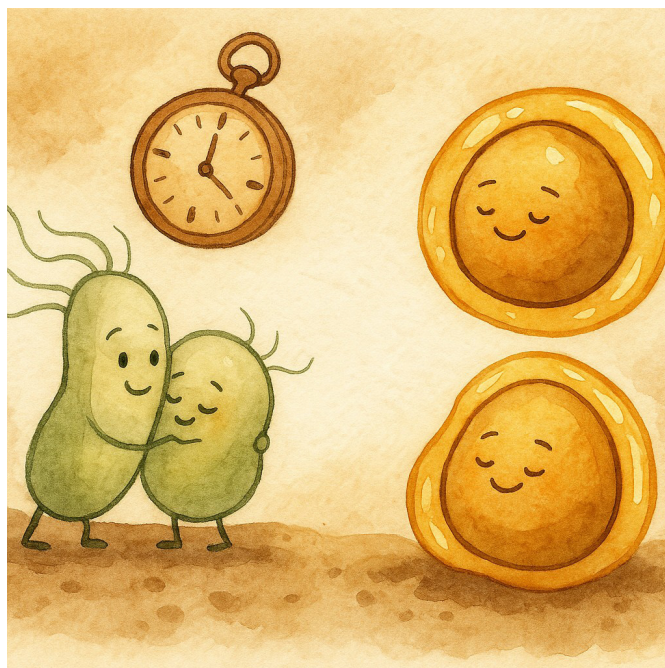
Diferenciación celular: el arte de cambiar sin dejar de ser

En microbiología existe un curioso principio: dos células de la misma especie, con el mismo genoma, pueden verse y comportarse distinto dependiendo de qué genes estén activos. A esto se le llama **diferenciación celular**, que quiere decir que, la bacteria entra a un estado fisiológico distinto; expresa proteínas diferentes, reorganiza su metabolismo y modifica su estructura a un quiste.

El quiste: una estrategia de resistencia

Un quiste es una **estructura diferenciada**, diseñada para resistir condiciones adversas como la desecación; en una forma de vida especializada para soportar un ambiente que ya no permite crecimiento normal. Lo primero que ocurre es un cambio visible: la célula deja de verse como un bastón y se redondea. Se encoge, reorganiza su envoltura y modifica su fisiología. En el interior ocurre otro cambio crucial: la acumulación de gránulos de **polihidroxibutirato (PHB)**, una reserva energética,

que la bacteria utiliza cuando necesita reiniciar su metabolismo. Después viene la construcción del refugio: una cápsula protectora compuesta de **alginato**, un polímero viscoso, que funciona como barrera física.



Una decisión poblacional

En una población bacteriana, no todas las células se enquistan al mismo tiempo. ¿Por qué? Porque el enquistamiento es costoso: toma días y requiere reorganización metabólica. Si todas las bacterias de la población entraran en estado de diferenciación, el sistema quedaría sin células activas capaces de aprovechar nutrientes disponibles, competir por espacio o responder a cambios rápidos. En otras palabras: el enquistamiento no es solo una respuesta individual, también es una estrategia poblacional. Algunas células apuestan por resistir el futuro. Otras permanecen activas para aprovechar el presente.



El despertar desde la germinación: cuando el agua regresa

Y entonces un día sucede, ¡vuelve el agua! La humedad se filtra en el suelo, el ambiente se vuelve favorable y el quiste recibe señales que reactivan el metabolismo. La célula utiliza el PHB acumulado para reiniciar procesos como:

síntesis de macromoléculas. El quiste se fragmenta como una cáscara y de su interior emergen dos células activas, listas para multiplicarse e iniciar nuevamente el ciclo.



Más allá del cuento: *A. vinelandii* como una herramienta biotecnológica para la agricultura

La historia de *A. vinelandii* no es solo un relato curioso, es un ejemplo real de cómo la ecología de un microbio, puede favorecer procesos biotecnológicos. Su capacidad de fijar nitrógeno y contribuir a la disponibilidad de fósforo la vuelve relevante para agricultura. Su habilidad de formar quistes la vuelve particularmente interesante para aplicaciones reales,

porque le permite sobrevivir condiciones ambientales difíciles. Esto es clave si pensamos en productos biotecnológicos como fertilizantes microbianos: no basta con que una bacteria sea útil en laboratorio; también debe ser capaz de persistir en el suelo. Y en eso, *A. vinelandii* tiene una ventaja evidente: sabe resistir.

Agradecimiento

Se agradece al financiamiento SIP2025481 otorgado por el Instituto Politécnico Nacional y al fondo CBF2025-I-1532 de la Convocatoria de Ciencia Básica y de Frontera de la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación, para la realización de este trabajo. Se declara que se utilizó la herramienta Chat GPT-4 como apoyo para la revisión ortográfica y el diseño de las ilustraciones, sin comprometer la originalidad ni el rigor científico del manuscrito.

Referencias

- [1] Das, H. K. (2019). Azotobacters as biofertilizer. *Advances in Applied Microbiology*, 108, 1–43. <https://doi.org/10.1016/bs.aambs.2019.07.001>
- [2] Høidal, H. K., Glaerum Svanem, B. I., Gimmestad, M., & Valla, S. (2000). Mannuronan C-5 epimerases and cellular differentiation of *Azotobacter vinelandii*. *Environmental Microbiology*, 2(1), 27–38. <https://doi.org/10.1046/j.1462-2920.2000.00074.x>

Sección: Científicos notables

Rosa María del Ángel: método, paciencia y ciencia mexicana frente al dengue

Rosa María del Ángel: method, patience, and Mexican science in the fight against dengue

Ashley J. Gutierrez-Onofre
Iliana Chantal Martínez-Ortiz
Francisca Villanueva-Flores*

Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología 1036, Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos, México.

*Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx

RESUMEN

En el Cinvestav, la Dra. Rosa María del Ángel descifra cómo el dengue y el zika se apropian de la célula: entrada, replicación, evasión inmune y rutas de transporte. Formada en La Salle y Cinvestav, con estancia doctoral en Columbia, ha sostenido investigación básica que revela vulnerabilidades (como cambios nucleares inducidos por el dengue) y la ha traducido en búsquedas pragmáticas de antivirales al explorar dianas ligadas a lípidos y colesterol. Su impacto también es escuela: decenas de tesis y redes científicas que fortalecen la respuesta ante brotes.

Palabras clave: Dengue, zika, flavivirus, antivirales.

SUMMARY

At Cinvestav, Dr. Rosa María del Ángel investigates how dengue and Zika viruses hijack host cells (entry, replication, immune evasion, and intracellular trafficking). Trained at Universidad La Salle and Cinvestav, with doctoral research experience at Columbia University, she has advanced fundamental virology that exposes actionable vulnerabilities, including dengue-driven nuclear remodeling, and has bridged mechanisms to pragmatic antiviral leads by targeting lipid- and cholesterol-related pathways. Her legacy is also built through mentorship: dozens of theses and scientific networks that strengthen preparedness and response during outbreaks.

Keywords: Dengue, zika, flavivirus, antivirals.

En el Laboratorio de Virología 8 del Cinvestav, el enemigo no hace ruido, pero deja huellas: células reconfiguradas, proteínas desviadas de su función y rutas celulares convertidas en autopistas de copia viral. Ahí, la Dra. Rosa María del Ángel Núñez de Cáceres ha construido una carrera alrededor de una pregunta tan simple como difícil: ¿qué necesita un flavivirus (dengue o zika) para entrar a la célula, multiplicarse, evadir las defensas y salir a infectar de nuevo? Una pista clave es que el virus “secuestra” proteínas de la propia célula y las redirige para que trabajen a su favor, lo que acelera la fabricación de nuevas copias. Esa ciencia no siempre sale en titulares, pero sustenta decisiones clínicas y de salud pública cuando llega el brote [1], [2]. Debido a que se expresan ampliamente a lo largo de todo el organismo, cumplen funciones que son muy esenciales. Evitando deshidratación o daño en las células en presencia de algún tipo de daño físico o químico, y además facilitan el movimiento de partículas actuando como lubricante natural, como en el caso de la mucosa que tenemos en la nariz [1].

La Dra. del Ángel estudió química farmacéutica-bióloga en la Universidad La Salle y después cursó la maestría y el doctorado en biología molecular en el Cinvestav. En su etapa doctoral realizó una estancia con el virólogo Vincent Racaniello en la Universidad de Columbia. Volver a México, a estudiar brotes epidémicos recurrentes que aparecen en oleadas, significó elegir un camino largo: el de la ciencia básica, que no celebra al instante, pero trasciende, dejando un legado duradero: un mapa molecular, de mecanismos sobre el que otros pueden trazar diagnóstico, prevención y tratamiento.

El virus no descansa: circula, se adapta y utiliza la célula a su favor. Del Ángel estudia mecanismos de entrada, replicación y evasión inmune; además de explorar procesos menos evidentes, como las microvesículas en la co-

municación celular o el transporte núcleo-citoplasma durante la infección. En 2019, su equipo descubrió que el dengue puede moldear la estructura nuclear de las células infectadas, un tipo de “reingeniería” celular que favorece su multiplicación y, sobre todo, deja al descubierto dependencias obligadas del virus [1], [3]. La idea no es que “remodelar el núcleo” sea una debilidad en sí misma, sino que, para lograrlo, el virus necesita secuestrar y reordenar componentes celulares (proteínas y rutas de transporte núcleo-citoplasma); y esa necesidad se convierte en un talón de Aquiles: si se interrumpe ese tráfico o se bloquean esos factores huéspedes, el ciclo viral se frena.

Esa perspectiva del virus que “remodela” la célula le sirvió para identificar puntos débiles. Con los años, su trabajo avanzó hacia una meta concreta: buscar antivirales. Su apuesta es directa: si el virus depende de lípidos y colesterol, fármacos que modulan esas vías podrían frenarlo. ¿Qué significa “depende”? Que el dengue usa lípidos y colesterol de la célula como insumos para organizar membranas y microambientes donde replica y ensambla: sin ese “material de construcción” y sin las rutas que lo movilizan, pierde eficiencia y capacidad de propagarse. Su laboratorio ha evaluado el reposicionamiento farmacológico y terapias combinadas. La lógica es simple: menos colesterol, menos recursos disponibles; buscan bloquear los transportes, modular la inflamación y reducir el daño. Ese puente hacia terapias tiene un alcance claro: su evidencia es principalmente mecanística y preclínica; la validación en pacientes requiere ensayos clínicos y evaluación médica especializada, que suelen realizar otros equipos. Pero mantienen una postura prudente: los resultados en cultivos y modelos preclínicos no sustituyen la evidencia clínica [4].

Es el oficio diario del laboratorio: recursos finitos, tiempos largos, controles que no perdonan y decisiones difíciles sobre qué hipótesis perseguir. Por eso su influencia también se mide en personas. La Dra. Del Ángel es In-



Figura 1. Retrato de la Dra. Rosa María del Ángel Núñez de Cáceres (Cinvestav, Unidad Zacatenco). Fuente: Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN (Cinvestav), Directorio de investigación, ficha “Rosa María del Ángel Núñez de Cáceres”, consultado el 15 de diciembre de 2025.

investigadora 3E y SNII nivel III; integra consejos editoriales de cinco revistas JCR y pertenece a la Sociedad Mexicana de Virología, la American Society for Virology y la World Society for Virology, además de la Academia de Ciencias de América Latina y la Academia Mexicana de Ciencias. Pero quizá su legado más palpable sea su mentoría, ha sido tutora de 3 estudiantes de licenciatura, 52 estudiantes de maestría y 32 estudiantes de doctorado. En otras palabras, no solo busca respuestas, sino que fortalece la ciencia y forma a quienes continuarán su legado y trabajo científico. Y lo más tangible es que varios de esos egresados han seguido investigando flavivirus de forma profesional, ampliando el alcance del “semillero” del laboratorio: por ejemplo, José Manuel Reyes-Ruiz y Juan Fidel Osuna-Ramos (formados en ese entorno) han continuado publicando en temas clave como remodelación nuclear, vesículas extracelulares y rutas de lípidos/colecsterol du-

rante la infección por dengue. Incluso, parte de esa línea ha evolucionado hacia preguntas más traslacionales, como combinaciones farmacológicas que interfieren con el transporte núcleo-citoplasma, un puente natural hacia estrategias terapéuticas, aunque la confirmación definitiva requiere estudios clínicos. En otras palabras, no solo busca respuestas: fortalece la ciencia y forma a quienes continúan y empujan más lejos ese trabajo, desde la biología celular hasta aplicaciones con vocación clínica.

Cuando el zika irrumpió en la conversación pública, asumió otra responsabilidad poco celebrada: explicar sin alarmismo. En 2016, con la OMS declarando una emergencia sanitaria por el zika, habló con claridad sobre lo que se sabía y lo que no, y recordó que en la ciencia la incertidumbre también se comunica. Es un trabajo silencioso, parecido al del laboratorio, pero con un impacto inmediato: tomar

decisiones mejor informadas cuando el miedo se propaga más rápido que los datos [1], [5].

La vida científica de Rosa María del Ángel inspira precisamente porque no vende milagros. Vende método: entender antes de intervenir, e intervenir sin atajos. ¿Qué se gana con eso? Resultados que se pueden reproducir, decisiones basadas en evidencia (no en “promesas”), y estrategias más seguras: si un antiviral o una combinación funciona, se sabe por qué, en qué condiciones y con qué límites. En un país donde el dengue vuelve con cada temporada de lluvias, su trayectoria recuerda que la ciencia que cambia destinos no siempre hace ruido; se sostiene, se comparte y, sobre todo, se hereda. “Cambiar destinos” aquí no es una metáfora vacía: significa, por ejemplo, identificar dependencias del virus que se puedan bloquear (como rutas de lípidos/colesterol o transporte intracelular), proponer candidatos antivirales para reposicionamiento, y generar evidencia preclínica que otros equipos puedan llevar a evaluación clínica. Su principal legado es haber traducido preguntas complejas en conocimiento útil y, al mismo tiempo, haber formado científicos capaces de continuar con ello. Ese legado se vuelve tangible cuando una línea nacida en su laboratorio se convierte en nuevas preguntas, nuevas técnicas y nuevas aplicaciones, desde entender mejor la infección celular hasta acercar opciones terapéuticas realistas para reducir complicaciones.

Agradecimientos

Se agradece el financiamiento de los fondos SIP20250306, SIP20251096 y SIP20254781, otorgado por el Instituto Politécnico Nacional, así como el proyecto Ciencia Básica y de Frontera CBF-2025-I-1532, otorgado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), para la realización de este trabajo. AGO recibió una beca de la SECIHTI para sus estudios de posgrado, con el número 4063655. Se empleó inteligencia artificial (ChatGPT-5.1,

OpenAI) como apoyo en la revisión gramatical y sintáctica del manuscrito; el contenido, la originalidad y el rigor científico son responsabilidad exclusiva de las personas autoras.

Referencias

- [1] Puello-Nakayama, I. C., Hernandez-Castillo, J., Castillo, J. M., Talamás-Lara, D., Palacios-Rápalo, S. N., & Del Ángel, R. M. (2025). Cytoplasmic retention of dengue virus capsid protein by metformin impairing nuclear transport. *Journal of General Virology*, 106(3). <https://doi.org/10.1099/jgv.0.002089>
- [2] Reyes-Ruiz, J. M., Osuna-Ramos, J. F., De Jesús-González, L. A., Hurtado-Monzón, A. M., Farfán-Morales, C. N., Cervantes-Salazar, M., & Del Ángel, R. M. (2019). Isolation and characterization of exosomes released from mosquito cells infected with dengue virus. *Virus Research*, 266, 1–14. <https://doi.org/10.1016/j.virusres.2019.03.015>
- [3] Yazı Mendoza, M., Salas-Benito, J. S., Lanz-Mendoza, H., Hernández-Martínez, S., & Del Ángel, R. M. (2002). A putative receptor for dengue virus in mosquito tissues: Localization of a 45-kDa glycoprotein. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 67(1), 76–84. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.2002.67.76>
- [4] De Jesús-González, L. A., Osuna-Ramos, J. F., Reyes-Ruiz, J. M., Farfán-Morales, C. N., Cordero-Rivera, C. D., Hurtado-Monzón, A. M., & Del Ángel, R. M. (2020). The nuclear pore complex: A target for NS3 protease of dengue and Zika viruses. *Viruses*, 12(6), Article 583. <https://doi.org/10.3390/v12060583>
- [5] Osuna-Ramos, J. F., Reyes-Ruiz, J. M., & Del Ángel, R. M. (2018). The role of host cholesterol during flavivirus infection. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 8, Article 388. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00388>

Sección: Científicos notables

Susana López Charretón: La detective de los virus

Susana López Charretón: The virus detective

Juan A. Juarez-Antonio
Francisca Villanueva-Flores*

Centro de Investigación en Ciencia Aplicada y Tecnología Avanzada, Instituto Politécnico Nacional, Boulevard de la Tecnología, 1036 Z-1, P 2/2, 62790, Xochitepec, Morelos.

**Autor para la correspondencia: fvillanuevaf@ipn.mx*

RESUMEN

La Dra. Susana López Charretón, viróloga del Instituto de Biotecnología de la UNAM, ha dedicado su carrera a entender cómo rotavirus y astrovirus convierten una célula intestinal en una fábrica viral: qué “puertas” usan, qué rutas celulares aprovechan y qué pasos son obligatorios. Ese mapa de la infección permite diagnósticos más precisos, la vigilancia de cepas e intervenciones preventivas. Formada íntegramente en la UNAM, construyó en México una escuela de rigor: controles, repetición y preguntas difíciles. Su impacto también se mide por la divulgación y la formación científica.

Palabras clave: Virología, rotavirus, astrovirus, biología celular.

SUMMARY

UNAM virologist Susana López Charretón has spent her career asking what happens before disease becomes obvious: how rotaviruses and astroviruses turn an intestinal cell into a viral workshop. Her research maps the “doors” these viruses use to enter, the cellular routes they redirect, and which steps are truly required for replication and exit. That mechanistic clarity supports sharper diagnostics, strain surveillance, and prevention strategies. Trained in Mexico and committed to building science locally, she has also shaped a lab culture in which ideas must withstand controls, repetition, and hard questions, fostering readiness long before the next outbreak arrives.

Keywords: Virology, rotavirus, astrovirus, cell biology.

A los virus se les imagina como villanos que llegan, enferman y se van. Para la Dra. Susana López Charretón, viróloga del Instituto de Biotecnología de la UNAM, la clave radica en un evento concreto: el momento en que una partícula microscópica convierte una célula en su taller. Su carrera se ha dedicado a describir, con paciencia y precisión, ese “manual” con el que los rotavirus y los astrovirus (agentes centrales de la gastroenteritis) entran, se multiplican y vuelven a salir (Figura 1) [1, 2].

La elección del tema no es menor. La diarrea grave ha sido una amenaza silenciosa para la infancia y, durante años, el rotavirus ha estado entre sus principales causas. Estudiarlo podía parecer un tema ya conocido, asociado a una enfermedad frecuente y ampliamente reconocida, pero López Charretón lo trató como un terreno fértil para la investigación, en el que persistían preguntas fundamentales: ¿por qué el virus llega por la boca y, sin embargo, elige un nicho específico en el intestino delgado? ¿Qué puertas usa? Su laboratorio ayudó a

demostrar que esa preferencia no es azarosa: el virus infecta preferentemente células del intestino delgado porque allí encuentra las moléculas y las condiciones necesarias para adherirse, entrar y multiplicarse. Desde la biología celular y molecular, su grupo describió varias de esas “puertas de entrada” en la superficie de los enterocitos, así como los cambios en las membranas y el citoesqueleto que permiten la infección. Ese detalle (discriminando entre los pasos obligatorios y los atajos) permite diagnósticos más precisos, la vigilancia de cepas y aporta lógica a las intervenciones preventivas [3–5].

Su formación también explica su estilo. Cursó licenciatura, maestría y doctorado en Investigación Biomédica Básica en la UNAM y decidió construir su programa científico en México. En un oficio que rara vez premia la prisa, su laboratorio ha defendido una regla simple: una “buena idea” no alcanza si no resiste controles, repeticiones y preguntas incómodas. Esa cultura del rigor se convirtió en escuela.



Figura 1. Dra. Susana López Charretón, viróloga del Instituto de Biotecnología (UNAM). Fuente: Wikipedia / Wikimedia Commons.

Quien pasa por su grupo aprende a desconfiar del atajo y a defender el dato, aunque cueste tiempo. Por eso su influencia no se mide solo por lo que publica, sino por el estándar que deja instalado en quienes se forman con ella.

El reconocimiento internacional llegó con la misma lógica: acumulando evidencia. En 2001 recibió, junto con su esposo, el virólogo Carlos Arias, el Premio UNESCO de Microbiología “Carlos J. Finlay”. Más tarde vinieron el Premio L’Oréal-UNESCO “For Women in Science” (2012) y el Premio Universidad Nacional (2013), además de premios como el Howard Hughes International Research Fellowship y el nombramiento como investigadora nacional emérita. En 2021 ingresó al Colegio Nacional, un espacio donde la ciencia no solo se publica, sino que también se explica en voz alta ante la sociedad.

Esa faceta pública no es un adorno: forma parte del método. López Charretón insiste en una idea útil en tiempos de alarma: los virus no son solo mensajeros de malas noticias. Están en todas partes y, si queremos convivir con el mundo biológico con menos miedo y más control, hay que entenderlos. Ese matiz evita dos extremos comunes (pánico y soberbia) y los sustituye por una receta más productiva: la curiosidad disciplinada y la preparación.

La preparación se volvió tangible durante la pandemia. Cuando el diagnóstico de COVID-19 dependía de insumos escasos, su equipo impulsó el uso de la saliva en pruebas PCR como alternativa para ampliar la capacidad de pruebas y disminuir los riesgos para el personal de salud. La apuesta no fue “hacerlo fácil”, sino adaptarlo sin degradarlo: conservar el rigor analítico, pero mejorar la logística. Es un ejemplo de cómo la ciencia básica, cuando está bien hecha, puede reorientarse sin perder calidad [6].

El perfil institucional de la Dra. Susana resume su huella con datos: autora de 179 artí-

culos en revistas internacionales, con más de seis mil citas; además de capítulos de libro, más de 20 textos de divulgación y cuatro libros infantiles. Esa diversidad de escritura no es un añadido periférico a su labor científica, sino otra forma de intervenir en la formación de criterio: sus publicaciones especializadas contribuyen a la discusión académica, mientras que sus textos de divulgación y libros infantiles acercan el conocimiento científico a públicos más amplios y fomentan una comprensión más crítica e informada de la ciencia. Pero el homenaje más fiel se reconoce fuera de las cifras. Está en haber convertido un problema cotidiano (la infección intestinal por virus) en un campo sofisticado de biología celular; en haber sostenido un laboratorio que forma científicos con oficio; y en haber defendido que la sociedad merece explicaciones claras, incluso cuando la respuesta honesta es “todavía no”.

En tiempos en que se exige una respuesta inmediata ante cada brote, la obra de Susana López Charretón recuerda una verdad incómoda: la rapidez real se compra con años de trabajo previo. Su legado es ese banco de conocimiento y de personas capacitadas que permite reaccionar con cabeza fría cuando el siguiente virus toque la puerta.

Agradecimientos

Se agradece el financiamiento de los fondos SIP20250306 y SIP20254781, otorgado por el Instituto Politécnico Nacional, así como el proyecto Ciencia Básica y de Frontera 2025 (CBF-2025-I-1532), otorgado por la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (SECIHTI), para la realización de este trabajo. Se empleó inteligencia artificial (ChatGPT-5.4, OpenAI) con la Dra. Iliana C. Martínez Ortiz para la revisión gramatical y sintáctica del manuscrito. La originalidad y el rigor científico son responsabilidad exclusiva de las personas autoras.

Referencias

- [1] Arias, C. F., & López, S. (2021). Rotavirus cell entry: Not so simple after all. *Current Opinion in Virology*, 48, 42–48. <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2021.03.011>
- [2] Méndez, E., Muñoz-Yañez, C., Sánchez-San Martín, C., Aguirre-Crespo, G., Baños-Lara, M. D. R., Gutiérrez, M., et al. (2014). Characterization of human astrovirus cell entry. *Journal of Virology*, 88(5), 2452–2460. <https://doi.org/10.1128/JVI.02908-13>
- [3] Guerrero, C. A., Méndez, E., Zárate, S., Isa, P., López, S., & Arias, C. F. (2000). Integrin $\alpha\beta 3$ mediates rotavirus cell entry. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97(26), 14644–14649. <https://doi.org/10.1073/pnas.250299897>
- [4] Guerrero, C. A., Bouyssounade, D., Zárate, S., Isa, P., López, T., Espinosa, R., et al. (2002). Heat shock cognate protein 70 is involved in rotavirus cell entry. *Journal of Virology*, 76(8), 4096–4102. <https://doi.org/10.1128/JVI.76.8.4096-4102.2002>
- [5] Silva-Ayala, D., López, T., Gutiérrez, M., Perrimon, N., López, S., & Arias, C. F. (2013). Genome-wide RNAi screen reveals a role for the ESCRT complex in rotavirus cell entry. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 110(25), 10270–10275. <https://doi.org/10.1073/pnas.1304932110>
- [6] Zárate, S., Romero, P., Espinosa, R., Arias, C. F., & López, S. (2004). VP7 mediates the interaction of rotaviruses with integrin $\alpha\beta 3$ through a novel integrin-binding site. *Journal of Virology*, 78(20), 10839–10847. <https://doi.org/10.1128/JVI.78.20.10839-10847.2004>

Sección: Concientifica

Des-extinción de especies: ¿Mito o realidad?

De-extinction of species: Fact or myth?

*Nahum Galindo-Vargas**

CIIDIR Unidad Oaxaca, Instituto Politécnico Nacional, Oaxaca, México.

**Autor para la correspondencia: ngalindov2000@alumno.ipn.mx*

RESUMEN

Tal vez has escuchado hablar de la des-extinción del lobo terrible, un lobo que existió hace más de 10 000 años, del cual la empresa llamada “Colossal Laboratories and Biosciences” presentó tres ejemplares en la primavera del 2025. Pero ¿consideras que realmente la ciencia ha avanzado al grado de des-extinguir especies? En este artículo te proporcionamos algunos elementos para discernir si el lobo terrible está des-extinguido, y reflexiones sobre la validez ética y ecológica de estos logros.

Palabras clave: Des-extinción, modificación genética, mamut lanudo.

SUMMARY

You may have heard about the de-extinction of the dire wolf, a wolf that existed more than 10,000 years ago, of which the company called “Colossal Laboratories and Biosciences” presented three specimens in the spring of 2025. But do you think science has really advanced to the point of de-extinguishing species? In this article, we provide some elements to help you discern whether the dire wolf has been de-extinguished, and reflections on the ethical and ecological validity of these achievements.

Keywords: De-extinction, genetic modification, woolly mammoth.

Introducción

En meses pasados seguramente viste en redes sociales o en medios de comunicación una gran proeza científica por parte de la empresa Colossal Laboratories and Biosciences: la des-extinción del lobo terrible (*Aenocyon dirus*) (Figura 1), que vivió hace miles de años [1]. Ante tal éxito, esta empresa biotecnológica ya trabaja para revivir también al dodo, al tigre de Tasmania y al mamut lanudo (Figura 2).

Esto se logró con el uso de herramien-

tas de biología molecular, como la clonación de restos de ADN conservado en colmillos y cráneo del lobo terrible, la edición del genoma del lobo gris y su inclusión en óvulos para generar una especie sustituta (en inglés, proxy species) de mayor tamaño, una fuerte mandíbula y pelaje blanco espeso. Políticos y hasta académicos han expresado la gran utilidad que esto representaría para la conservación y des-extinción de especies. Pero ¿se trata realmente de una des-extinción?

Aclarando el significado de extinción y des-extinción

Las extinciones han ocurrido a lo largo de la historia y se le llama así a la desaparición definitiva de alguna especie (como los dinosaurios), porque no es capaz de adaptarse a cambios ambientales naturales o por intervención humana (como la contaminación, caza excesiva o modificaciones de su hábitat, entre otros factores). Recientemente el término des-extinción apareció en medios de comunicación y redes sociales para referirse a ejemplares de lobo gris, modificados genéticamente por los científicos de Colossal Laboratories y presentados como el extinto lobo terrible.

En este sentido, el término des-extinción se aplica cuando una especie es sacada de la extinción, y para esto es necesario que posea la misma identidad genética de su par extinto, además de las mismas características físicas y función dentro del ecosistema [2]. Para que te des una idea, el genoma del lobo gris posee una semejanza del 96% con del lobo terrible, lo cual no es exagerado si consideramos que el ser humano y el chimpancé comparten el 98.8% del material genético.

La inserción de material genético

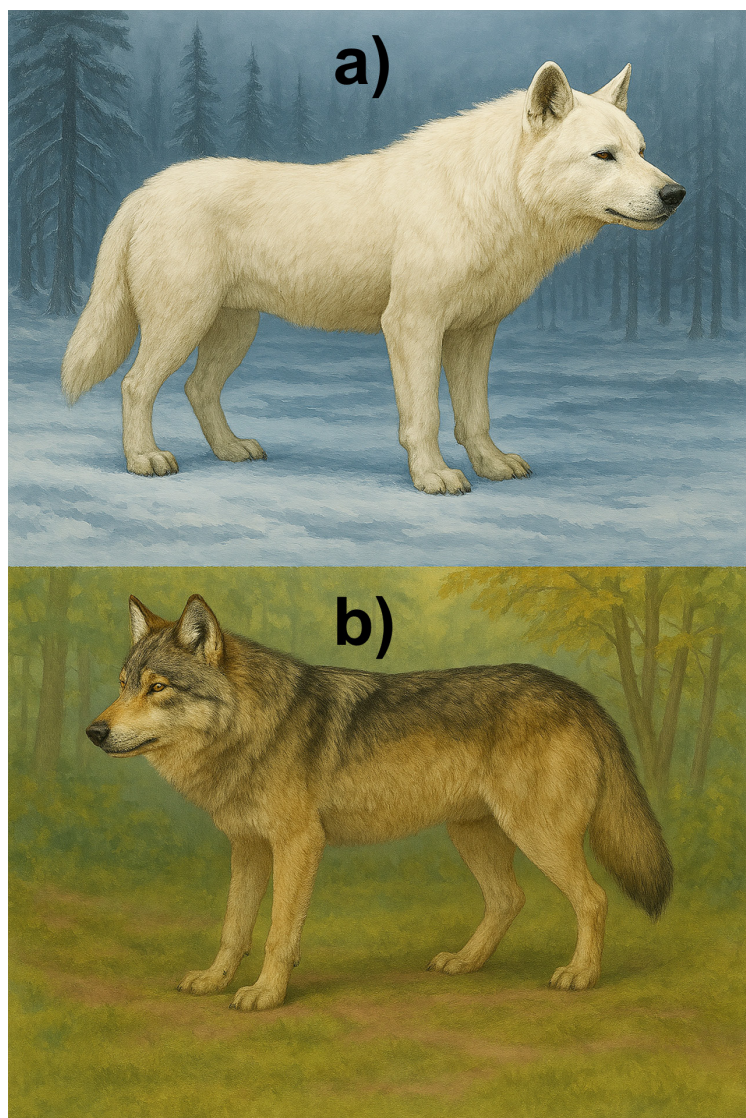


Figura 1. a) Lobo terrible des-extinguido, y b) lobo gris, que proporcionó gran parte del material genético. Imagen generada con IA-Copilot.

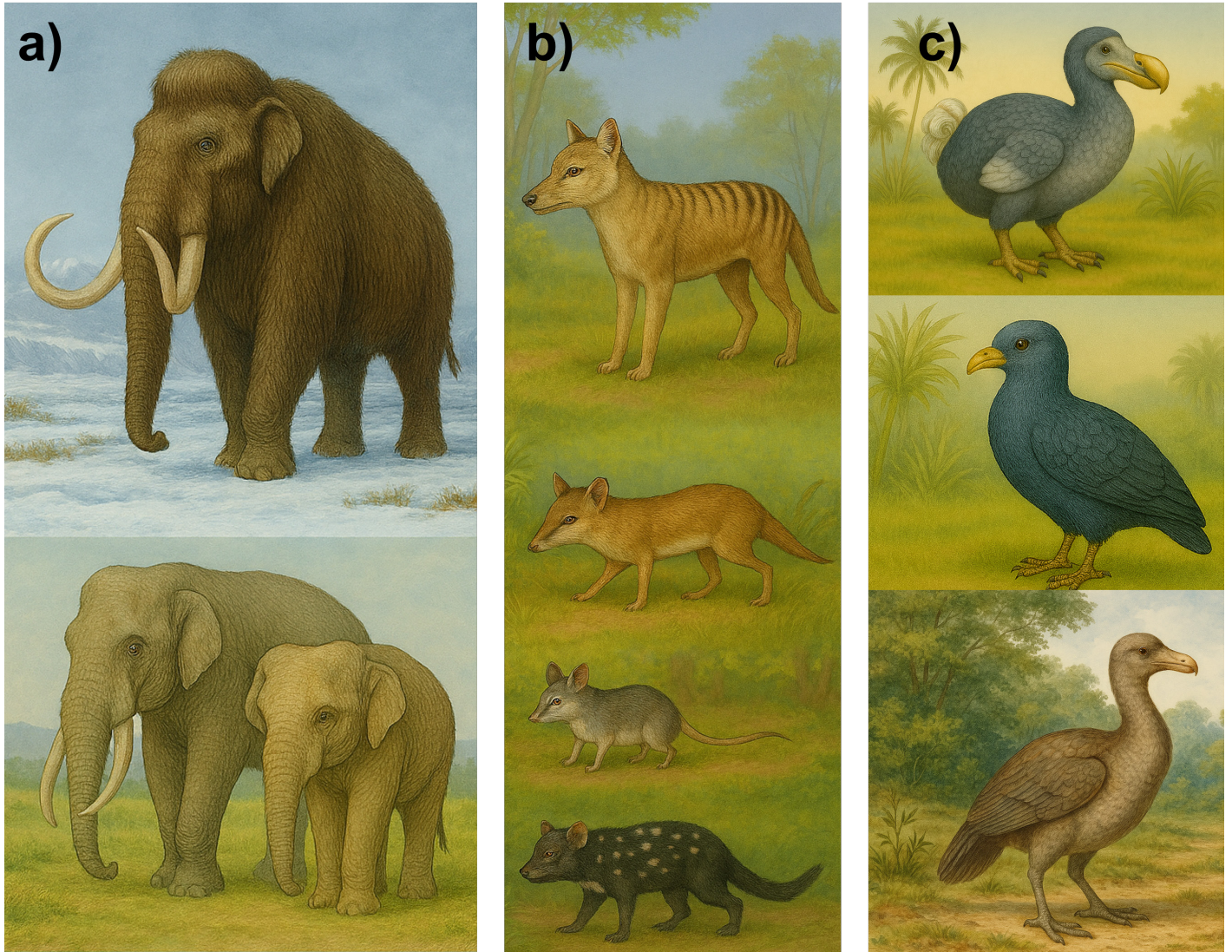


Figura 2. a) Mamut lanudo, b) tigre de Tasmania y c) dodo, especies que la empresa Colossal Laboratories planea des-extinguir a partir del elefante africano y elefante asiático, del numbat, el ratoncito de cola gorda y el demonio de Tasmania, y de la paloma Nicobar y del también extinto Rodríguez Solitario, respectivamente. Imagen generada con IA-Copilot.

(fragmentos de ADN que portan información biológica) específico a los genes de otra especie en el laboratorio se conoce como modificación genética, a pesar de que éste proceda de una especie extinta. Esto es distinto a la hibridación (cruza, mediante reproducción sexual, de dos especies cercanas), en la cual la combinación del material genético no es tan específica, como en la mula, que nace de la cruce entre una yegua y un burro (Figura 3). Como te habrás dado cuenta, el caso del lobo terrible no se trató de una des-extinción, sino de una modificación genética.

Es evidente el avance biotecnológico alcanzado por los investigadores de Colossal Laboratories en cuanto a la recuperación de ADN antiguo y fragmentado, la edición del genoma del lobo gris, su replicación e inserción en óvulos. Sin demeritar ninguno de estos logros, lo que deberían haber expresado los medios de comunicación y redes sociales es: “científicos recuperan genes del lobo terrible extinto hace 10 mil años, insertan 20 modificaciones en el genoma del lobo gris y logran el nacimiento de una especie sustituta, con características del lobo terrible”.

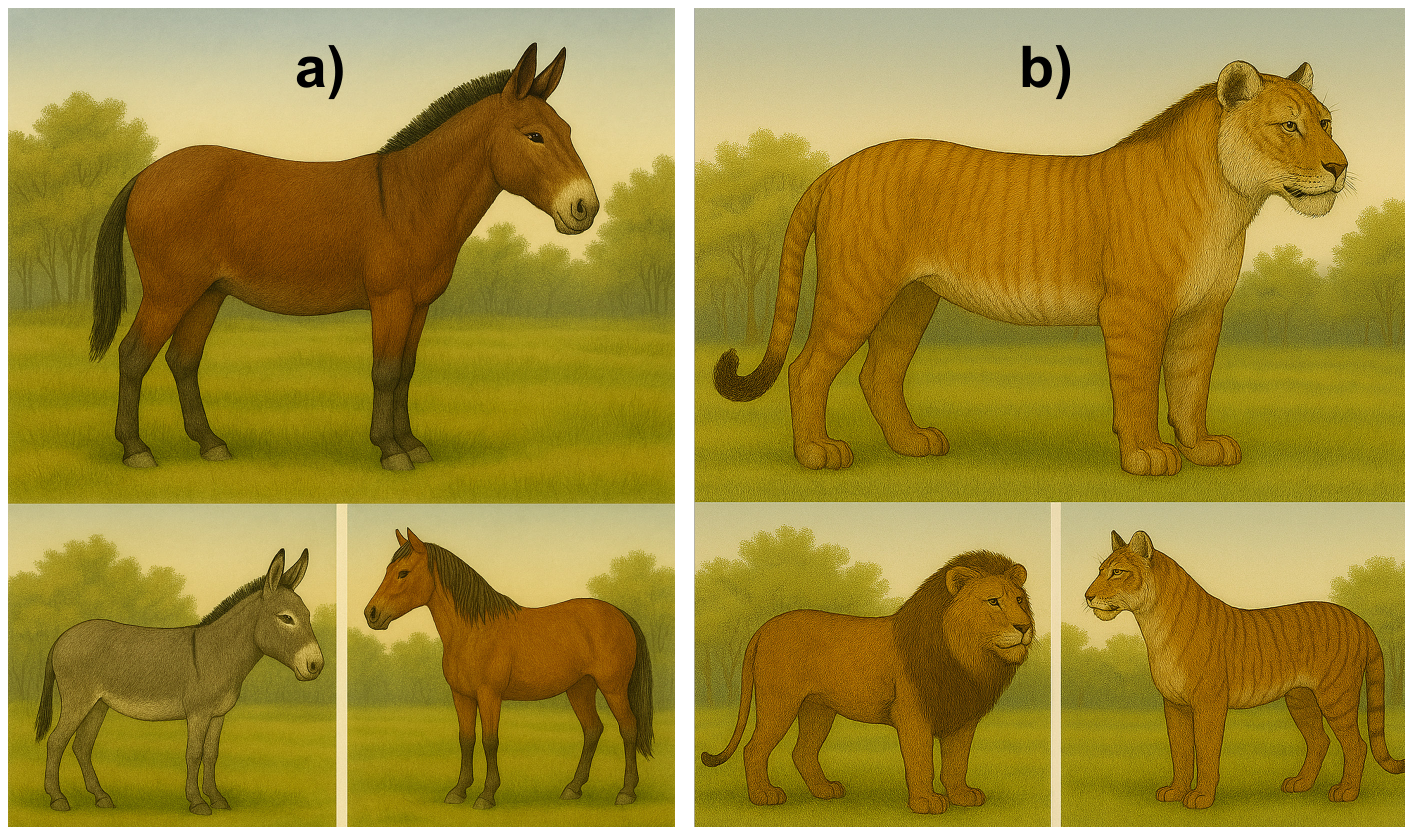


Figura 3. Ejemplo de especies híbridas: a) la mula y b) el ligre. Estos híbridos infértiles nacen de la cruce entre un burro y una yegua, y un león y una tigresa, respectivamente. Imagen generada con IA-Copilot.

Pero no creas que la des-extinción es imposible, existen ya dos casos reportados.

Palmera datilera de Judea

La primera des-extinción se logró con la palmera datilera de Judea (*Phoenix dactylifera*) [3]. Se supone que las hojas de esta planta se utilizaron para recibir a Jesucristo en su entrada a la ciudad de Jerusalén, y tras su crucifixión y la invasión romana, la población de esta especie disminuyó drásticamente. La reducida población de palmeras datileras terminó por extinguirse en el siglo XIV tras varias guerras en la región.

A partir de la década de los 60's se descubrieron semillas intactas de esta palmera en el palacio de Herodes el Grande y en cuevas que sirvieron de refugio a los judíos. Estas semillas

permanecieron guardadas durante años en un cajón, pero gracias al trabajo de las botánicas Elaine Solowey del Instituto Arava y Sarah Sallou del Centro Médico Hadassah en Jerusalén, fueron plantadas en suelo fértil en el año 2005. Para sorpresa, las palmeras germinaron en aquel suelo árido como hace dos mil años, florecieron en el año 2017, y al año siguiente dieron sus primeros frutos (Figura 4).

Silene

La segunda des-extinción ocurrió con una planta conocida como silene (*Silene stenophylla*) que existió hace 30 000 años [4]. Investigadores encontraron semillas de esta planta escondidas en cuevas de ardillas, donde se conservaron bajo una capa de hielo entre 20 y 40 metros de espesor en el noreste siberiano. Su cultivo no fue tan fácil, pues a pesar de que

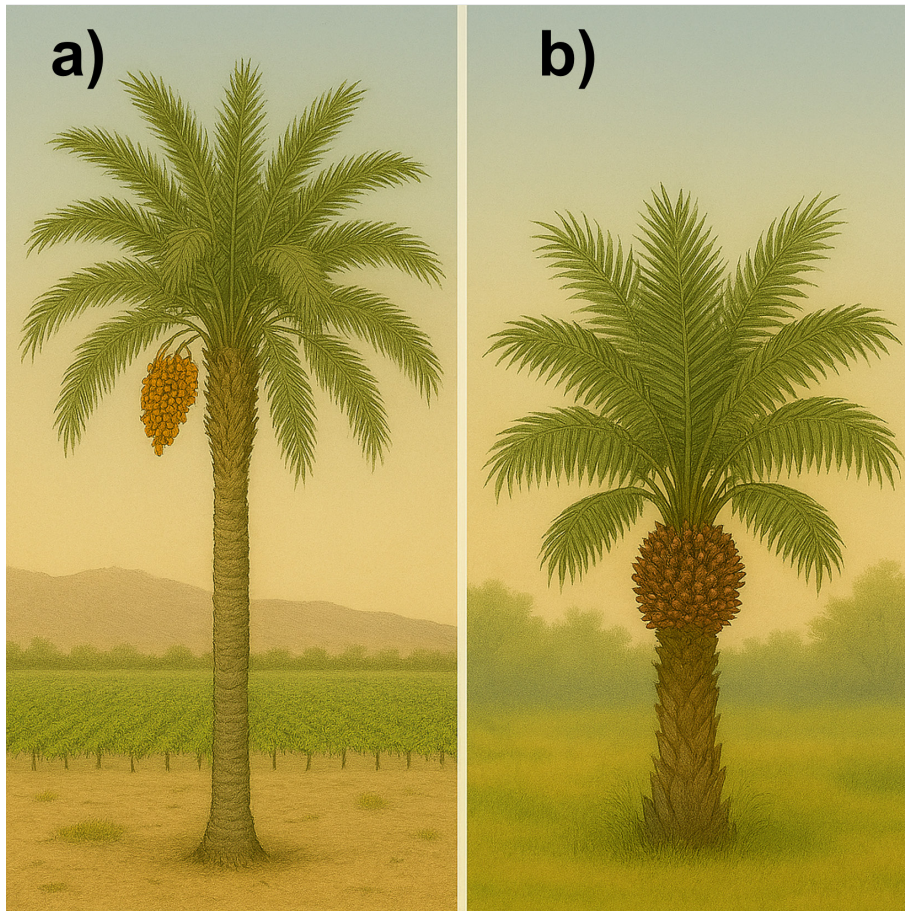


Figura 4. a) Palma datilera de Judea, cuyos frutos permitieron su siembra en el desierto, en comparación con b) palma aceitera, especie existente en la actualidad. Imagen generada con IA-Copilot.

de la misma especie, genética, física y ecológicamente, y no de un sustituto. Además, las des-extinciones de plantas han sido posibles debido a que las semillas y tejido del fruto conservaron el ADN, mientras que, en animales, solo se obtuvieron fragmentos de huesos, con material genético fragmentado e insuficiente. A esto se suman las limitantes éticas, legales y ecológicas para la modificación del complejo genoma animal.

Desde el aspecto ecológico, los ecosistemas actuales no podrían sostener a una planta como silene, mientras que el lobo terrible conduciría a un problema de gestión de fauna, tanto de presa como de depredador. Por otro lado, las normativas sobre experimentación genética en distintos países sopesan el bien-

las semillas germinaban, las plantas morían.

Así que los investigadores indujeron en el laboratorio el crecimiento de raíces, cultivando en un medio nutritivo el tejido del fruto, es decir, la parte que rodea y protege a las semillas [5]. Se obtuvieron exitosamente brotes viables y, a partir de estos, plantas completas, flores y semillas. Las plantas des-extinguidas mostraron características distintas a las de hace 30 000 años, como menos brotes y más raíces, atribuido a la diferencia con el clima actual (Figura 5).

Para reflexionar

Con estos ejemplos podemos ver que la des-extinción es una realidad cuando se trata

estar animal sobre los beneficios potenciales (como la investigación y desarrollo de fármacos). Aun así, los especímenes fallidos son desechados o sacrificados.

Los avances logrados por Colossal Laboratories pueden ser de gran utilidad para la preservación de especies, por ejemplo, recuperar material genético de restos óseos o replicar el ADN almacenado en una base genética de especies extintas. Pero ¿consideras justificable y éticamente válida la modificación genética de especies y la introducción de cambios ecológicos en los ecosistemas? Y más aún, ¿qué opinas cuando la creación de especies sustitutas responde a intereses económicos y cinematográficos?

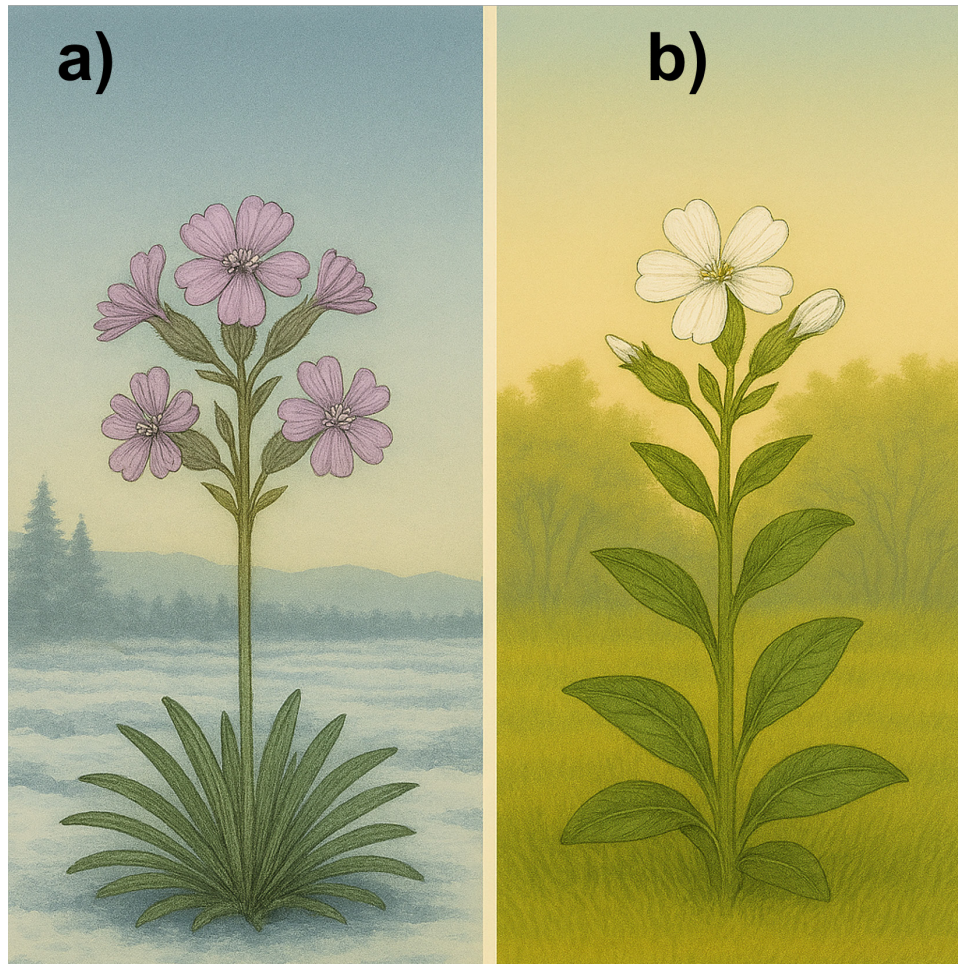


Figura 5. Plantas de silene: a) des-extinguida, y b) pariente actual (*Silene vulgaris*). Imagen generada con IA-Copilot.

Agradecimientos

Se agradece a la SECIHTI por el financiamiento otorgado (2023-000002-01NACF-02641).

Referencias

- [1] Colossal Laboratories and Biosciences. (s/f). *De-Extinction*. Disponibles desde: <https://colossal.com/de-extinction/>. Consultado: 1 de noviembre, 2025
- [2] Turner, S. D., Keyte, A., Pask, A., & Shapiro, B. (2025). De-extinction technology and its application to conservation. *Journal of Heredity*, esaf069. <https://doi.org/10.1093/jhered/esaf069>
- [3] CetaceaLab. (2022, enero 26). *Conoce la planta extin-*

ta Palma Dactilera de Judea. Disponible desde: <https://www.cetacealab.org/conoce-la-planta-extinta-palma-dactilera-de-judea/>. Consultado: 1 de noviembre, 2025

- [4] Levy, S. (2012, febrero 23). Wild flower blooms again after 30,000 years on ice. *Nature*, 482, 454.
- [5] Yashina, S., Gubin, S., Maksimovich, S., Yashina, A., Gakhova, E., & Gilichinsky, D. (2012). Regeneration of whole fertile plants from 30,000-y-old fruit tissue buried in Siberian permafrost. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 109(10), 4008–4013. <https://doi.org/10.1073/pnas.1118386109>

Sección: Concientifica

Las dos caras del secuestro de contaminantes en suelos

The two sides of contaminant sequestration in soil

Marisol Osorio-Torres

Viridiana W. Velázquez-Vázquez*

División Académica de Ingeniería y Arquitectura, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, Tabasco, México.

**Autor para la correspondencia: viridiana.velazquez@ujat.mx*

RESUMEN

El secuestro de contaminantes es un proceso mediante el cual sustancias como hidrocarburos, antibióticos o pesticidas quedan inmovilizadas por interacciones físicas, químicas y biológicas con la matriz del suelo, lo que reduce su biodisponibilidad. El secuestro es un proceso dinámico que depende del tipo de suelo, del contaminante y de las condiciones ambientales. Este fenómeno puede ser positivo al limitar la dispersión de contaminantes y su ingreso a la cadena trófica, pero también presenta efectos negativos, ya que dificulta su cuantificación y su remediación, y puede modificar la fertilidad del suelo.

Palabras clave: Contaminación, destino ambiental, biodisponibilidad.

SUMMARY

The sequestration of contaminants is a process by which substances such as hydrocarbons, antibiotics, or pesticides become immobilized through physical, chemical, and biological interactions with the soil matrix, reducing their bioavailability. Sequestration is a dynamic process that depends on the type of soil, the nature of the contaminant, and environmental conditions. This phenomenon can be beneficial because it limits the spread of contaminants and their entry into the food chain; however, it can also have negative effects, as it makes contaminants more difficult to quantify and remediate and may alter soil fertility.

Keywords: Soil pollution, sequestration, bioavailability.

Introducción

Cuando caminas en un campo ¿Qué es lo que ves bajos tus pies? Ves a lo que comúnmente se le llama “tierra”, sin embargo, su nombre correcto es suelo. Este es como la piel viva del planeta, una capa delgada que recubre la corteza terrestre que sostiene casi toda la vida y que está compuesta por una mezcla de minerales (arcillas y arena), materia orgánica (lo que proviene de la descomposición de seres vivos), agua, aire y organismos vivos [1].

Sin embargo, durante los últimos años esta piel ha sido herida con emisiones de autos e industrias, desechos de aguas negras y desechos tóxicos que terminan contaminando el suelo.

La contaminación del suelo es un problema generalizado y preocupante, ya que la producción de alimentos depende de su salud. En contraste, el 40% de los suelos del mundo están enfermos; es decir degradados, y más del 75% de la superficie terrestre está afectada por la degradación [1]. Para que los suelos recuperen su salud y sus funciones, es necesario limpiar o disminuir los contaminantes, a lo que se le conoce como remediación.

El suelo es un compartimento de reserva de nutrientes, pero también puede almacenar contaminantes, como antibióticos, hidrocarburos y plaguicidas, los cuales, dependiendo de sus características y de las del suelo, pueden tener diferentes destinos ambientales como: la volatilización, biodisponibilidad, lixiviación, secuestro, degradación o transporte. En este artículo se aborda la doble cara del secuestro de contaminantes en suelos y su relevancia.

¿Por qué algunos contaminantes desaparecen y otros no? El misterio del secuestro de sustancias

Cuando un contaminante entra en contac-

to con el suelo se generan interacciones físicas, químicas o biológicas que determinan cuál será el camino que seguirá el contaminante y dónde terminará, es decir, su destino ambiental, este artículo se enfoca en dos de ellos: el secuestro y la biodisponibilidad. Cuando se habla de que una sustancia (antibióticos, hidrocarburos, entre otros) está secuestrada, significa que se encuentra atrapada en alguna parte del suelo, es decir, está capturada físicamente, por ejemplo, en los microscópicos túneles y poros de un suelo, donde puede permanecer inmovilizado durante mucho tiempo lejos del alcance de plantas, animales o cuerpos de agua. Por otra parte, cuando se habla de biodisponibilidad, la sustancia se encuentra libre (Figura 1), así que puede moverse hacia donde desee y, si la encuentra algún organismo, podría ser consumida por él. Una analogía con videojuegos sería imaginar al organismo como un pacman y a las sustancias como las bolitas que se puede comer. En ese sentido, si la sustancia biodisponible es un contaminante, ésta puede entrar en la cadena trófica, pudiendo afectar la salud humana y/o al medio ambiente.

El mecanismo de secuestro que predomine dependerá de varios factores, principalmente de la composición del suelo y del contaminante. Es importante mencionar que, se habla del suelo como si solo existiera una versión de este; sin embargo, no hay nada más alejado de la realidad, ya que existen 32 grupos de suelo reportados en el mundo por la Base Referencial Mundial del Recurso Suelo [2] cada uno con características fisicoquímicas particulares. En México se han reportado 26 diferentes tipos de suelo, así, analizarlo es muy diferente a analizar el agua, ya que el suelo no cuenta con una composición definida, sino que se trata de una mezcla heterogénea cuyas características fisicoquímicas dependen de la roca meteorizada que dio lugar a su porción mineral, de las plantas y animales que se descompusieron para formar la materia orgánica, de los microorganismos presentes y de las condiciones ambientales. Así que, si se desea conocer qué tanto de una sustancia específica



Figura 1. Representación esquemática de la biodisponibilidad y el secuestro de contaminantes en el suelo. Elaborada con Chat GPT5.2 de OpenAI.

se secuestra o queda biodisponible en un suelo, hay que realizar el análisis particular para el suelo en cuestión.

Factores que determinan el secuestro de contaminantes

De manera general, son la cantidad y tipo de materia orgánica y de arcillas presentes en los suelos los factores que definen si será secuestrador o no. La característica que comparten tanto las arcillas como la materia orgánica es la carga eléctrica, lo que les permite interactuar con los contaminantes que poseen la carga opuesta. En caso de que el suelo sea arcilloso u orgánico, una vez que los contaminantes entran en contacto con el suelo, se pegan a la superficie de las partículas de arcilla o de la materia orgánica presente en el suelo mediante un proceso conocido como adsorción. Entonces cuando el contaminante tiene contacto

físico en la parte externa de los componentes del suelo, se denomina fisisorción. Por otra parte, algunas sustancias pueden movilizarse a través de los espacios vacíos y entrar en los poros de la materia orgánica del suelo mediante un proceso conocido como difusión, lo que puede dar lugar a la absorción; es decir, los contaminantes se incorporan en la estructura interna del suelo y éste actúa como si fuera una esponja. Cuando esto ocurre, se pueden formar enlaces químicos, estos enlaces actúan como un pegamento fuerte dejando atrapadas las moléculas del contaminante mediante un proceso conocido como quimisorción. Entonces, cuando hay afinidad del contaminante con la materia orgánica o las arcillas sucede el gran misterio, los contaminantes se inmovilizan y quedan retenidos en el suelo, es como si mágicamente desaparecieran porque ya no se pueden extraer ni cuantificar, volviéndose prácticamente invisibles.

El secuestro y sus dos caras

Este planteamiento depende del enfoque desde el que se analice. Una de sus caras, tiene implicaciones positivas (Figura 2), en algunos casos, los contaminantes pueden reaccionar químicamente con los compuestos presentes en el suelo, formando sustancias nuevas que son menos solubles y, por lo tanto, menos biodisponibles. Además, cuando los contaminantes se inmovilizan en el suelo, se reduce su movimiento hacia ríos, lagos o aguas subterráneas evitando que se lixivien en el agua y, en consecuencia, disminuyendo el riesgo de que lleguen a plantas, animales o personas. Cuando un contaminante no está biodisponible, difícilmente entra a la cadena trófica, evitando que el contaminante se acumule (bioacumulación) y se concentre en organismos de eslabones superiores de la cadena alimenticia (biomagnificación) [3]. Lo anterior trae como consecuencia una disminución del riesgo por exposición a sustancias tóxicas.

La otra cara del secuestro tiene aspectos negativos (Figura 2), ya que, una vez que el contaminante se atrapa en el suelo, no es posible extraerlo, ni siquiera utilizando las técnicas especificadas en la NOM-138-SEMARNAT/SSA1-2012 [4]. Hay varias consecuencias de que los contaminantes secuestrados no sean extraíbles, la primera de ellas es que, al permanecer anclados en el suelo estarán ocupando un espacio dentro de los poros, que, en un suelo no contaminado tendría nutrientes, agua o aire, provocando modificación en las propiedades fisicoquímicas de los suelos como la capacidad de intercambio catiónico, la capacidad de retener agua (capacidad de campo), el potencial de hidrógeno (pH) e inclusive la textura (proporción de arenas, limos y arcillas). La segunda consecuencia de que los contaminantes se secuestren en los suelos es que se vuelven invisibles a la legislación mexicana, esto quiere decir que difícilmente se podrá saber la concentración real de contaminantes en un suelo, ya que, si no se pueden extraer, tam-

poco se pueden cuantificar. Aunado a lo anterior, el fenómeno de secuestro es dinámico, esto quiere decir que se modifica por diversos factores como el potencial de hidrógeno (pH), el área superficial, las cargas de partículas y la humedad del suelo; es decir, si estas propiedades se modifican el contaminante podría liberarse, ocasionando que se lixivie a los mantos acuíferos [5]. Otro de los factores clave a considerar es el tiempo de contacto entre el contaminante y el suelo [6]; así, entre más tiempo pase en ser atendido un derrame, más difícil será extraer los contaminantes de este, subestimando los valores reales de contaminación.

De esta manera, se pueden tener suelos que cumplan con la normatividad vigente en cuanto a límites máximos permisibles de contaminantes, pero que se hayan modificado sus características fisicoquímicas, hayan perdido sus funciones y disminuido su fertilidad, poniendo en riesgo la seguridad alimentaria.

¿Por qué debería estudiarse el secuestro de contaminantes?

En el mundo de la contaminación ambiental el suelo es una bóveda microscópica que almacena diversos contaminantes, como restos de antibióticos o derivados de petróleo. El secuestro es como poner un contaminante dentro de esta bóveda y la biodisponibilidad es qué es tan capaz es ese contaminante de “escapar” para ser consumido por un ser vivo. Cuando el contaminante secuestrado es un hidrocarburo (diésel, gasolina, petróleo crudo, etc.), se ha observado que los suelos se vuelven hidrofóbicos [7]; es decir, repelen el agua. Por consiguiente, en lugar de retener agua, la rechaza y se pierde el contacto entre el suelo y el agua, impidiendo la liberación de nutrientes para que las plantas los absorban.

Además, otros contaminantes presentes en el suelo, como metales pesados o restos de pesticidas, pueden llegar a los alimentos que se



Figura 2. Comparación estructural de mucinas secretoras y transmembranales.
A: Mucina secretora. B: Mucina transmembranal. Creada en BioRender.

consumen día a día o filtrarse hacia el agua subterránea, lo que generaría daño a la salud humana, ambiental y animal.

Viéndolo de otra manera, si el suelo fuera una esponja y los contaminantes fueran tinta, al inicio la tinta mancha todo (alta biodisponibilidad). Con el tiempo, la tinta se iría a los rincones más profundos de la esponja y se almacenaría (secuestro): ya no mancha al tocarla (baja biodisponibilidad); sin embargo, si se exprime la esponja (cambio de condiciones), parte de la tinta acumulada saldría de golpe.

Reflexiones sobre el secuestro

Desde una perspectiva ambiental, el se-

cuestro es un fenómeno que contribuye a la protección de los ecosistemas, disminuyendo la biodisponibilidad de los contaminantes y evitando que sustancias tóxicas alcancen ríos, lagos y otros cuerpos de agua. Lo anterior reduce el riesgo de bioacumulación y biomagnificación.

Por otro lado, es importante considerar, que el secuestro de contaminantes en suelos no es una técnica de remediación, sino que dificulta el proceso de limpieza y recuperación de la salud del suelo, ya que el contaminante secuestrado sigue ahí, interfiriendo con las funciones del suelo y poniendo en riesgo la seguridad alimentaria.

Conocer el fenómeno de secuestro de contaminantes en suelos es esencial para asegurar la suficiencia alimentaria, ya que concientizarnos

hará que pensemos dos veces antes de arrojar sustancias al suelo. Hay que tener muy presente que la importancia del suelo se debe a la estrecha relación con la producción de alimentos, el agua potable y la salud de los ecosistemas. Se espera que comprender cómo el suelo puede secuestrar contaminantes y reducir su biodisponibilidad permita valorar su importancia y fomentar prácticas de manejo más responsables y sostenibles.

Glosario

Absorción: proceso físico o químico por el cual partículas de una sustancia se adhieren a la superficie de un sólido [8].

Adsorción: es el proceso físico o químico por el cual partículas de una sustancia se incorporan a la estructura interna de un material [8].

Difusión: es el proceso físico por el cual partículas se desplazan espontáneamente de una región de mayor concentración a una de menor concentración [8].

Materia orgánica: Conjunto de compuestos derivados de restos de plantas, animales y microorganismos en descomposición [3].

Suelo arcilloso: Clase de terreno mineral que posee partículas menores a 0.002 mm de grosor. Muestra poca porosidad, lentitud al dejar pasar agua y aire, y gran poder para guardar alimento y agua [5].

Suelo mineral: Terreno donde predominan compuestos minerales (arena, arcilla) [7].

Suelo orgánico: Suelo que tiene un porcentaje de materia orgánica en peso superior al 20-30% [3].

Agradecimientos

Agradecemos el financiamiento del proyecto de ciencia básica número 287972-Z, otorgado por CONACYT, actualmente SECIHTI.

Referencias

[1] United Nations. (2024, 2 de diciembre). *La desertificación y la degradación del suelo afecta a 3000 millones de personas en todo el mundo*. Noticias ONU. <https://news.un.org/es/story/2024/12/1534741>

[2] FAO. (2014). World Reference Base for Soil Resources 2014: International soil classification systems for naming soils and creating legends for soil maps. In *World Soil Resources Reports* No. 106. <http://www.fao.org/soils-portal/soil-survey/soil-classification/world-reference-base/en/>

[3] Sarkar B, Mukhopadhyay R, Ramanayaka S, Bolan N, Ok YS. (2021). The role of soils in the disposition, sequestration and decontamination of environmental contaminants. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 376:20200177. <https://doi.org/10.1098/rstb.2020.0177>

[4] Diario Oficial de la Federación (2013). *NOM-138-SEMARNAT/SSA1-2012. Límites máximos permisibles de hidrocarburos en suelos y lineamientos para el muestreo en la caracterización y especificaciones para la remediación*. DOF 10-09-2013, 16.

[5] Adriano, D. C., Wenzel, W. W., Vangronsveld, J., & Bolan, N. S. (2004). Role of assisted natural remediation in environmental cleanup. *Geoderma*, 122(2-4 SPEC. IIS.), 121-142. <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2004.01.003>

[6] Alexander, Martin. (2000). Aging, Bioavailability, and Overestimation of Risk from Environmental Pollutants. *Environmental Science & Technology*, 34(20), 4259-4265. <https://doi.org/10.1021/es001069+>

[7] Mohanta, S., Pradhan, B., & Behera, I. D. (2024). Impact and Remediation of Petroleum Hydrocarbon Pollutants on Agricultural Land: A Review. *Geomicrobiology Journal*, 41(4), 345-359. <https://doi.org/10.1080/01490451.2023.2243925>

[8] REAL ACADEMIA ESPAÑOLA: *Diccionario de la lengua española*, 23.^a ed., [versión 23.8.1 en línea]. <https://dle.rae.es>

Sección: Concientifica

¿Qué tienen en común el cáncer y los bioprocesos?: El efecto Warburg

What does cancer and bioprocesses have in common?: The Warburg effect

Rogelio Diego Gaytán-Castro^{1,3}

Mauricio A. Trujillo-Roldán²

Norma A. Valdez-Cruz^{2*}

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

²Centro de Nanociencias y Nanotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Km 107 Carretera, Tijuana-Ensenada, 22860, Baja California, México.

³Posgrado en Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Autónoma de México, Unidad de Posgrado, Edificio D, 1° Piso, Circuito de Posgrados, Ciudad Universitaria, Coyoacán, 04510, Ciudad de México, México.

*Autor para la correspondencia: adri@ens.cnyn.unam.mx

RESUMEN

El cáncer y los bioprocesos parecerían no tener nada en común. Sin embargo, están conectados por un fenómeno metabólico conocido como el efecto Warburg. Cuando las células cancerosas crecen, incluso con suficiente oxígeno, producen ácido láctico, haciendo más ácido a el entorno circundante. De igual forma, durante los bioprocesos para producir biofármacos en cultivos de células animales ocurre el mismo cambio en el metabolismo, produciendo ácido láctico que afecta el crecimiento, la cantidad y la calidad del medicamento. Este efecto fue estudiado por el científico alemán Otto Heinrich Warburg y reportado en 1923, por lo que lleva su nombre.

Palabras clave: Efecto Warburg, ácido láctico, biofármacos.

SUMMARY

Cancer and bioprocesses might seem unrelated. However, they are linked by a metabolic phenomenon known as the Warburg effect. When cancer cells grow, even in the presence of enough oxygen, they produce lactic acid, which makes the surrounding environment more acidic. Similarly, during bioprocesses for producing biopharmaceuticals in animal cell cultures, a similar metabolic shift happens, leading to the buildup of lactic acid that negatively affects both cell growth and the quantity and quality of the final drug. This effect was studied by the German scientist Otto Heinrich Warburg and reported in 1923, which is why it bears his name.

Keywords: Warburg effect, lactic acid, biopharmaceuticals.

¿Quién fue Otto Heinrich Warburg?

Otto Heinrich Warburg nació el 8 de octubre de 1883 en Friburgo [1]. Su padre, Emil Warburg, fue director del Instituto de Física de la Universidad de Berlín, lo que permitió que en su casa desfilaran personalidades como Albert Einstein, Max Planck, Walter Nernst y Jacobus van't Hoff, entre otros. Ellos: premios Nobel de Física en 1921 y 1918, y de Química en 1920 y 1901, respectivamente [1]. El Dr. Otto Warburg inició sus estudios de química en la Universidad de Friburgo en 1901 y finalizó su doctorado en 1906, bajo la dirección de Emil Fischer (Nobel de Química de 1902) [2]. Obtuvo un segundo doctorado en fisiología en 1911, bajo la dirección de Ludolf Krehl, en Heidelberg, donde colaboró con Otto Meyerhof (premio Nobel de Fisiología o Medicina, 1922). En 1913 fue contratado como científico en el Instituto de Biología del Instituto Kaiser Wilhelm [1]. Su investigación se orientó a comprender la energía en las células cancerígenas. En 1923, observó que las células de un tumor acidifican el medio al secretar ácido láctico cuando se alimentan de glucosa.

El premio Nobel

Para 1910 se sabía que la hemoglobina transportaba hierro, y oxígeno en el cuerpo. Mientras tanto, Otto señaló que el hierro también podía encontrarse en las células, ya que es cofactor de la enzima citocromo oxidasa. Esta enzima está relacionada con la cadena de transporte de electrones, lo que les permite a las células obtener energía. Esto sirvió para que le otorgaran el Premio Nobel de Fisiología o Medicina en 1931.

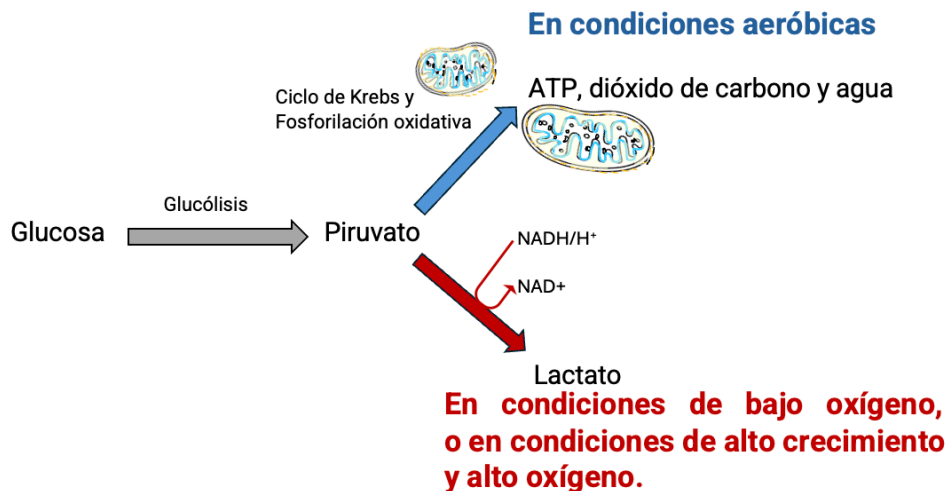


Figura 1. Tipos de metabolismo energético en células animales. En condiciones de suficiente disponibilidad de oxígeno y con mitocondrias funcionales, las células animales obtienen energía principalmente mediante la respiración aerobia, un proceso mitocondrial que integra el ciclo de Krebs y la fosforilación oxidativa, produciendo adenosina trifosfato (ATP), dióxido de carbono y agua (Flecha hacia arriba). En condiciones de baja disponibilidad de oxígeno o cuando la capacidad mitocondrial es limitada, las células animales recurren a reducir el piruvato a lactato y a regenerar nicotinamida adenina dinucleótido (NAD⁺), lo que permite la continuidad de la glucólisis en el citosol (Flecha hacia abajo). Este evento puede ocurrir en algunas células con alta velocidad de crecimiento, aun en condiciones aerobias. *Elaboración propia.*

¿Cómo obtienen energía las células de mamífero?

Para crecer y sobrevivir, las células mamíferas necesitan energía y moléculas que son la base de la vida para generar nuevas células, así como para su funcionamiento y reparación. Las células mamíferas, para proliferar, utilizan diversas fuentes de carbono. Particularmente, la glucosa es una fuente de carbono que se procesa mediante la glucólisis, en la que se metaboliza y se obtienen dos moléculas de piruvato y energía. El siguiente paso para la obtención de energía depende de la presencia o ausencia de oxígeno y del crecimiento celular (Figura 1).

La obtención de energía en presencia de oxígeno ocurre en una parte de la célula llamada mitocondria, donde se llevan a cabo rutas metabólicas como el ciclo de Krebs y la fosfori-

Tabla 1. Comparación de mecanismos de obtención de energía en células animales.

Obtención de energía	En presencia de oxígeno	En ausencia de oxígeno	En presencia de oxígeno y alta velocidad de crecimiento (Warburg)
Requerimiento de oxígeno	Lo requiere	No lo requiere	Lo requiere
Complejidad	Conjunto de reacciones	1 reacción que sucede después de la glucólisis	Combina ambos procesos: Conjunto de reacciones y 1 reacción que sucede después de la glucólisis
Eficiencia energética	Produce mayor energía (entre 30 a 32 ATP, por cada glucosa)	Produce menos energía (2 ATP por cada glucosa)	Combina ambos procesos: respiración aeróbica (entre 30 a 32 ATP, por cada glucosa) y fermentación láctica (2 ATP por cada glucosa)
Velocidad	Más lenta (segundos o minutos)	Más rápida (milisegundos o segundos)	Combina ambos procesos: respiración aeróbica (segundos o minutos) y fermentación láctica (milisegundos o segundos)

lación oxidativa, procesos que generan energía y dióxido de carbono (Figura 1). En contraste, cuando el oxígeno es limitado, el piruvato no ingresa a la mitocondria, sino que se transforma en lactato, lo que permite a la célula continuar produciendo energía de manera más limitada (Figura 1 y Tabla 1). La producción de lactato también puede ocurrir en células con alta velocidad de proliferación en condiciones aerobias, donde una fracción significativa del piruvato generado por la glucólisis puede reducirse a lactato, lo que asegura la continuidad de la glucólisis en el citosol. Cabe señalar que cada mecanismo es diferente (Tabla 1).

¿Qué es el efecto Warburg?

Al comparar células provenientes de tejido canceroso con células de uno sano, Warburg se dio cuenta de que las primeras producían mucho más ácido láctico que las sanas, lo que acidificaba el medio de cultivo [1]. Sin embargo, en ocasiones, aunque ocurra la respiración aerobia (Figura 1, arriba), con suficiente oxígeno las células no deberían producir lactato, sino dióxido de carbono, pero lo hacen, lo que

nos lleva a preguntarnos ¿qué está pasando? La explicación radica en la alta disponibilidad de glucosa, que aumenta la velocidad de crecimiento, pero también provoca que la glucosa se transforme constantemente en piruvato y se acumule, pues no puede transformarse rápidamente en ATP, dióxido de carbono y agua. En respuesta, la célula altera parcialmente el metabolismo para producir ácido láctico a partir del piruvato acumulado y lo secreta (Figura 2B), combinando ambas formas de obtención de energía. El ácido láctico no se desperdicia, pues una vez agotada la glucosa, puede reutilizarse como fuente de energía. Es importante mencionar que, si las células no crecen rápidamente, no se observa el efecto Warburg durante la respiración aerobia (Figura 2A).

Cáncer

Las células cancerosas son diferentes de las células sanas, ya que poseen mecanismos para escapar del sistema inmune, proliferar y aumentar su crecimiento [4]. El rápido crecimiento de estas células cancerosas resulta en una sobreproducción de ácido láctico en condiciones

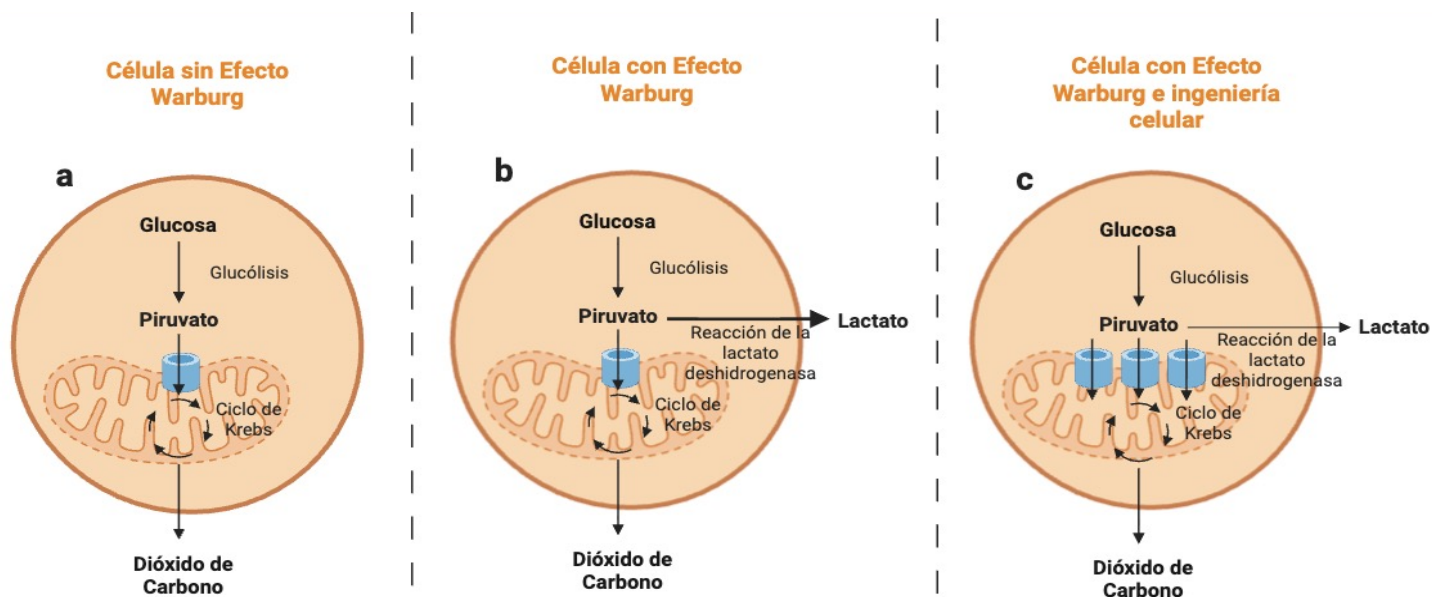


Figura 2. Diferentes estados de respiración en células de mamífero. a) Célula sin efecto Warburg donde se realiza respiración aerobia, los principales productos son: energía química (ATP), dióxido de carbono y precursores de biomasa. b) Estado de rápido crecimiento con efecto Warburg: a pesar de que la célula cuente con oxígeno y su mitocondria sana, se empieza a sobreproducir lactato mediante la enzima lactato deshidrogenasa, que puede consumirse una vez que la glucosa se ha terminado. c) Soluciones de ingeniería metabólica al efecto Warburg. Una solución propuesta para disminuir el efecto Warburg en los bioprocesos consiste en aumentar el flujo de piruvato hacia la mitocondria, incrementando la expresión del transportador de piruvato (en azul) [3], lo que disminuye la acumulación de lactato. Elaboración propia.

de suficiente oxígeno (efecto Warburg). Algunas hipótesis sobre por qué las células cancerosas presentan el efecto Warburg son: obtener energía de forma rápida, disponer de mayor cantidad de nutrientes, competir por los nutrientes de las células sanas y alterar la comunicación entre las células [4]. Sin embargo, aún se discute la importancia de cada una.

Efecto Warburg en células no cancerosas

El Dr. Warburg pensaba que la acumulación de lactato solo ocurría en células cancerosas, pero hoy sabemos que también ocurre en células no cancerosas, lo que es un rasgo de células que crecen rápidamente [5]. Algunos ejemplos de células no cancerosas que presentan el efecto Warburg son células del sistema inmune activadas, las que ayudan a la formación de vasos sanguíneos [5] y líneas inmortalizadas (como las de ovario de hámster chino CHO), en

las que se producen algunos biofármacos contra el cáncer, como los anticuerpos monoclonales. Un fenómeno similar al efecto Warburg ocurre en células no mamíferas que crecen rápidamente, como las bacterias, que pueden acumular acetato, formato o lactato, o las levaduras, que pueden acumular etanol, sin secretar lactato [5].

Bioprocesos

El efecto Warburg en la producción de biofármacos en cultivos de células CHO provoca la acidificación del medio de cultivo en biorreactores, lo que estresa a las células y, por tanto, disminuye su productividad. Hay dos estrategias para evitar que esto suceda [6] que no son excluyentes:

1. **Ingeniería de Procesos:** Esta estrategia evita el crecimiento acelerado (disminuyendo la velocidad de crecimiento), lo que reduce el efecto Warburg. Esto se logra controlando

la cantidad de glucosa que se agrega lentamente al biorreactor (conocido como lote alimentado), limitando los nutrientes y, por tanto, las células crecerán a la velocidad deseada. Otra opción es retirar el medio de cultivo (sin células) y, al mismo tiempo, agregar glucosa (conocida como cultivo en perfusión). Aunque esta idea pueda sonar contraintuitiva, es una forma efectiva de controlar la concentración de glucosa en el reactor y evitar el crecimiento acelerado. También se puede lograr mediante la sustitución de la glucosa por otras formas de carbono, como la manosa, lo que puede disminuir la producción de lactato.

2. Ingeniería celular: Esta estrategia requiere modificar, mediante ingeniería genética, eliminando o ralentizando reacciones involucradas en alguna vía saturada o que desvíen el flujo metabólico hacia otros metabolitos. En el caso del efecto Warburg, una estrategia podría consistir en enlentecer el proceso mediante la modulación de la glucólisis. Esta estrategia podría disminuir la sobreproducción de ácido láctico, pero podría afectar negativamente la velocidad de crecimiento y la producción de biofármacos.

Se han seguido diversas estrategias para mitigar las consecuencias negativas del efecto Warburg. Por ejemplo, en 2020 se reportó la modificación genética de células CHO para que produjeran más acarreador mitocondrial de piruvato (Figura 2C), lo que disminuyó la acumulación de piruvato y la formación de lactato sin afectar el crecimiento celular, y aumentó la concentración del producto final [3].

Conclusiones

Comprender el efecto Warburg ha sido esencial para profundizar en los mecanismos del cáncer y avanzar en su tratamiento. Interesantemente, su estudio también ha permitido mejorar los procesos biotecnológicos, que requieren cultivos celulares para la producción de biofár-

macos. Esto está impulsando el desarrollo de estrategias innovadoras basadas en ingeniería genética y de procesos, para mitigar sus efectos y mejorar la producción y calidad de los productos biotecnológicos.

Glosario

Células recombinantes: son células que tienen la capacidad de producir una proteína que originalmente se producía en otra especie.

Biofármaco: en este texto nos referimos a medicamentos que consisten en una proteína recombinante. Aunque también existen ácidos nucleicos y productos para terapia celular [7].

Bioproceso: proceso que usa componentes o la totalidad de la célula para obtener bienes o servicios.

Metabolismo: conjunto de reacciones que permiten a una célula obtener energía y componentes necesarios para su funcionamiento.

Ciclo de Krebs: parte de la respiración aerobia que tiene como producto final dióxido de carbono y energía química.

Cadena respiratoria: parte de la respiración aerobia en la que el oxígeno es convertido a agua y hay transformación de moléculas altas en energía química.

Citocromo oxidasa: enzima que es parte de la cadena respiratoria y contiene hierro.

Lactato deshidrogenasa: enzima que cataliza la conversión de piruvato en lactato, acoplada a la oxidación de NADH a NAD⁺.

NAD⁺: nicotinamida adenina dinucleótido, es una coenzima redox que actúa como aceptor de electrones en reacciones metabólicas.

NADH⁺: es la forma reducida del NAD⁺ y funciona como donador de electrones.

Referencias

- [1] Otto, A.M. Warburg effect(s)—a biographical sketch of Otto Warburg and his impacts on tumor metabolism. *Cancer Metab* 4, 5 (2016). <https://doi.org/10.1186/s40170-016-0145-9>
- [2] Krebs, H. A., (1972). Otto Heinrich Warburg, 1883-1970. *Biogr. Mem. R. Soc.* 1 November 1972; (18): 628–699. <https://doi.org/10.1098/rsbm.1972.0023>
- [3] Bulté, D. B., Palomares, L. A., Parra, C. G., Martínez, J. A., Contreras, M. A., Noriega, L. G., & Ramírez, O. T. (2020). Overexpression of the mitochondrial pyruvate carrier reduces lactate production and increases recombinant protein productivity in CHO cells. *Biotechnology and Bioengineering*, 117(9), 2633-2647. <https://doi.org/10.1002/bit.27439>
- [4] Liberti, M. V., & Locasale, J. W. (2016). The Warburg effect: how does it benefit cancer cells?. *Trends in biochemical sciences*, 41(3), 211-218. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2015.12.001>
- [5] Abdel-Haleem, A. M., Lewis, N. E., Jamshidi, N., Mineta, K., Gao, X., & Gojobori, T. (2017). The emerging facets of non-cancerous Warburg effect. *Frontiers in endocrinology*, 8, 279. <https://doi.org/10.3389/fendo.2017.00279>
- [6] Torres, M., Altamirano, C., & Dickson, A. J. (2018). Process and metabolic engineering perspectives of lactate production in mammalian cell cultures. *Current opinion in chemical engineering*, 22, 184-190. <https://doi.org/10.1016/j.coche.2018.10.004>
- [7] Walsh, G., & Walsh, E. (2022). Biopharmaceutical benchmarks 2022. *Nature Biotechnology*, 40(12), 1722-1760. <https://doi.org/10.1038/s41587-022-01582-x>

Sección: Cápsulas del tiempo

Del elefante a la bacteria del ácido butírico, todo es lo mismo

From the elephant to the butyric acid bacterium, it is all the same

Norma A. Valdez-Cruz
Mauricio A. Trujillo-Roldán*

Centro de Nanociencias y Nanotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México, Baja California, México.

**Autor para la correspondencia: maurotru@ens.cnyn.unam.mx*

RESUMEN

En 1926, los microbiólogos neerlandeses Albert Jan Kluyver y Cornelis Bernardus van Niel propusieron que todos los seres vivos comparten los mismos principios bioquímicos fundamentales. En un contexto en el que aún predominaba una visión jerárquica de la naturaleza, que colocaba a los animales “superiores” por encima de los microorganismos, su afirmación representó una ruptura conceptual profunda y mostró que el metabolismo, la energía y la biosíntesis siguen reglas universales. Un siglo después, esta unidad bioquímica sustenta la biología moderna y la biotecnología.

Palabras clave: Unidad bioquímica, metabolismo, biología molecular.

SUMMARY

In 1926, the Dutch microbiologists Albert Jan Kluyver and Cornelis Bernardus van Niel proposed that all living organisms share the same fundamental biochemical principles. At a time when a hierarchical view of nature still prevailed, one that placed “higher” animals above microorganisms, their statement represented a profound conceptual breakthrough, showing that metabolism, energy, and biosynthesis follow universal rules. A century later, this biochemical unity underpins modern biology and biotechnology.

Keywords: Biochemical unity, metabolism, molecular biology.

Hace cien años, en 1926, dos microbiólogos europeos escribieron una frase que, leída hoy, resulta sorprendentemente moderna:

“Del elefante a la bacteria del ácido butírico, todo es lo mismo.”

La frase apareció en un trabajo científico de Albert Jan Kluyver y Cornelis Bernardus van Niel y, aunque puede sonar exagerada o incluso provocadora, no pretendía escandalizar [1]. El objetivo de estos dos científicos era proponer que todos los seres vivos, sin importar su tamaño o complejidad, comparten los mismos fundamentos bioquímicos. Una frase tan famosa que fue reinventada en 1954 por el premio Nobel de Química Jacques Monod, quien, en una conferencia, señaló que “lo que es cierto para *Escherichia coli* es cierto también para el elefante” [2]. Con esta afirmación, Monod profundizaba en la idea de unidad molecular, sugiriendo que los mecanismos descubiertos en los microorganismos no son excepciones, sino manifestaciones universales de la química de la vida.

Para comprender lo importante que es ese comentario, conviene recordar cómo se concebía la biología a inicios del siglo XX. Las disciplinas científicas estaban claramente separadas; se creía que los animales y las plantas eran organismos complejos y superiores, y se estudiaban como tales, mientras que las bacterias eran vistas como formas de vida simples, casi primitivas, útiles para la industria de producción de ácidos orgánicos como el ácido acético, para productos alimenticios fermentados o para el estudio de enfermedades. Pensar que una bacteria pudiera enseñar algo relevante sobre una jirafa, una orca o un elefante parecía, en el mejor de los casos, una exageración académica.

Kluyver y van Niel propusieron una mirada distinta. En lugar de centrarse en cómo se veían los organismos (su morfología), pusieron la atención en lo que ocurría en sus células. Allí, aseguraron con total certeza que la vida si-

gue leyes universales. La obtención de energía, la transformación de los nutrientes para crecer y la síntesis de biomoléculas que mantienen la vida misma obedecían a las mismas leyes bioquímicas, ya se tratara de un mamífero de varias toneladas, una hormiga o una bacteria microscópica.

La referencia a la bacteria productora de ácido butírico no era casual. Estos microorganismos realizan fermentaciones que, aunque sencillas en apariencia, implican una compleja red de reacciones bioquímicas. Lo esencial es que esas reacciones están gobernadas por los mismos principios termodinámicos y bioquímicos que rigen la respiración celular en animales. Cambian los caminos, cambian los productos finales, pero no las reglas del juego. Lo que cambiaba no era el fundamento, sino la escala y el contexto.

En el corazón de esa universalidad se encuentra el metabolismo, ese conjunto de reacciones que canalizan el flujo de materia y energía. La oxidación de compuestos orgánicos, por ejemplo, no es un privilegio de los animales: las bacterias también extraen electrones de sus nutrientes y los transfieren a aceptores finales, lo que termina en ATP (adenosin trifosfato), una molécula que funciona como la “moneda energética” de la célula: al romper uno de sus enlaces fosfato libera energía utilizable para impulsar procesos como la síntesis de proteínas, el movimiento celular o el transporte de sustancias a través de membranas. Sin ATP, las células no podrían realizar trabajo biológico.

Las rutas centrales del metabolismo se comparten entre bacterias y animales superiores, desde una jirafa o un elefante hasta los seres humanos. Un ejemplo claro es la glucólisis, una secuencia de reacciones mediante la cual una molécula de azúcar, como la glucosa, se transforma en compuestos más simples, liberando energía. Este proceso ocurre tanto en bacterias como en células humanas, lo



Figura 1. Ilustración original generada mediante inteligencia artificial con fines de divulgación científica.

que ilustra cómo una misma lógica química se mantiene a lo largo de la evolución.

Incluso la diversidad metabólica microbiana, que parece ser una objeción a la regla, como la capacidad de utilizar sulfuro, amonio, hierro o compuestos de un solo carbono como fuentes de energía, no contradice esa unidad: la amplia. Cambia únicamente los donadores y aceptores de electrones, varían algunas cosas, pero el marco termodinámico es el mismo.

Si se cambia la forma de ver, lo que hicieron estos dos investigadores por primera vez fue pensar fuera de la caja; pasaron de ver la forma hacia la bioquímica. Bajo la piel, la quitina o la pared celular, se observa la misma lógica molecular. Del elefante a la bacteria del ácido butírico, todo es, en esencia, lo mismo: son variaciones sobre el mismo repertorio químico

que la evolución ha venido afinando desde hace milenios.

Un siglo después, esta visión sigue siendo central en la enseñanza de la biología, la bioquímica y la ingeniería bioquímica. La biotecnología moderna se apoya directamente en esa idea: una célula microbiana puede producir proteínas humanas, metabolizar compuestos complejos o imitar funciones celulares de organismos muy distintos. Cada vez que una bacteria expresa un gen humano y sintetiza una proteína funcional, se confirma experimentalmente la unidad bioquímica propuesta en 1926. No somos tan diferentes como a veces imaginamos. Durante gran parte del siglo XX, la insulina utilizada para tratar la diabetes mellitus en humanos no se producía en laboratorios mediante ingeniería genética en bacterias

o levaduras, sino que se extraía directamente del páncreas de animales como el cerdo.

Para el estudiante de licenciatura, el mensaje es tan claro como poderoso. Comprender una bacteria no es un ejercicio menor ni una etapa previa “antes de lo importante”. Es, en muchos casos, la forma más directa de comprender lo que sostiene toda la vida, pues las mismas reacciones fundamentales que mantienen viva a una bacteria también operan en un elefante.

Agradecimientos

Los autores agradecen al comité editorial de la revista iBIO por la lectura, revisión y acompañamiento editorial del presente manuscrito.

Referencias

- [1] Kluver, A. J., & Donker, H. J. L. (1926). *Die Einheit in der Biochemie. Chemie der Zelle und Gewebe*, 13, 134–190.
- [2] Friedmann, H. C. (2004). From “*butyribacterium*” to “*E. coli*”: an essay on unity in biochemistry. *Perspectives in Biology and Medicine*, 47(1):47–66. <https://doi.org/10.1353/pbm.2004.0007>
- [3] Schada von Borzyskowski, L., Bernhardsgrütter, I., & Erb, T. J. (2020). Biochemical unity revisited: Microbial central carbon metabolism holds new discoveries, multi-tasking pathways, and redundancies with a reason. *Biological Chemistry*, 401(12), 1429–1441. <https://doi.org/10.1515/hsz-2020-0214>
- [4] Jüttner, M., & Ferreira-Cerca, S. (2022). A comparative perspective on ribosome biogenesis: Unity and diversity across the tree of life. *Methods in Molecular Biology*, 2533, 3–22. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-2501-9_1

Publica con nosotros

¿Qué artículos se reciben?

Se aceptarán trabajos escritos en español o inglés cuyo tema central sean la biotecnología o los bioprocesos. Se publican únicamente artículos originales y de revisión, siempre y cuando su objetivo sea la divulgación. Los trabajos deberán estar escritos con lenguaje sencillo, siendo el público objetivo estudiantes de bachillerato, licenciatura y posgrado.

¿Quién puede escribir?

Se reciben colaboraciones de técnicos, investigadores, administrativos, alumnos, representantes de empresas de base científica, divulgadores y periodistas científicos de cualquier institución nacional o internacional.

¿Qué debe contener tu manuscrito?

1. **Carta de presentación**
 - i. **Título del artículo en español e inglés** (Máximo 12 palabras).
 - ii. **Autor(es)**: Nombres y apellidos de cada autor acompañados de su afiliación institucional. Máximo se aceptan 3 autores para secciones largas, y dos para secciones cortas. Incluir el correo electrónico del autor de correspondencia.
 - iii. **Resumen en español e inglés**: Máximo 100 palabras cada uno.
 - iv. **Palabras clave en español e inglés** (3 palabras clave que describan el contenido del manuscrito).
2. **Carta de originalidad**
3. **Artículo en formato Word**
 - i. **Título del artículo en español e inglés** (Máximo 12 palabras).
 - ii. **Resumen en español e inglés**: Máximo 100 palabras cada uno.
 - iii. **Palabras clave en español e inglés** (3 palabras clave que describan el contenido del manuscrito).
 - iv. **Texto**: Mínimo 9,000 y máximo 10,000 caracteres totales para secciones largas. Mínimo 4,500 y máximo 5,000 caracteres totales para secciones cortas. El conteo de caracteres totales incluye espacios. La extensión del texto no incluye las referencias, los títulos, los datos de los autores, las palabras clave, el resumen ni los pies de figura.
 - v. **Por lo menos 2 imágenes citadas en el texto**: propias, sin derechos de autor o referenciadas, que apoyen al entendimiento de su manuscrito. Deben estar en formato PNG, JPG o JPEG, mínimo de 300 ppi y requieren estar acompañadas de su correspondiente pie de figura.
 - vi. **Referencias**: En formato APA, incluyendo identificador DOI, citas dentro del texto entre corchetes y en negritas. Mínimo 2 y máximo 6 referencias.

¿Cómo envío mi manuscrito?

Revisa información complementaria y envía tu manuscrito a través de nuestra plataforma:

<https://revistaibio.com/ojs33/index.php/main/about/submissions>

