

NEUTRON

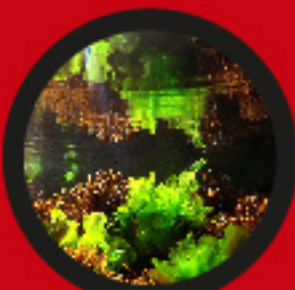
CIENCIA Y UN POCO MÁS



Jean

Weissenbach:

Uno de los padres del
proyecto Genoma
Humano en entrevista



Las algas,
un valioso aliado
para salvar
el planeta



Parámetros clave
a controlar
en Acuicultura



UN GENOMA HUMANO SIN LAGUNAS

Se completa por primera vez la
secuencia del ADN, ¿Qué significa esto?

¡Comenzamos el 2022!

NEUTRON

CIENCIA Y UN POCO MÁS

La pandemia de COVID-19, que ha marcado el rumbo de la humanidad y su economía durante un par de años, continuará opacando el desarrollo de los países. México no será la excepción. Los niveles de vacunación han ayudado a disminuir las muertes, pero nadie puede garantizar que nuevas olas de la pandemia inhiban el crecimiento de todas las economías.

Al momento de escribir estas líneas, naciones europeas como Austria y Alemania anticipaban nuevamente restricciones a la movilidad, y la aparición de la nueva cepa B.1.1529 en Sudáfrica, aparentemente de mayor fortaleza, está despertando el temor de la comunidad científica mundial.

Es un gusto dar la bienvenida a un nuevo volumen de la Revista Neutron en su quinceavo número totalmente digital. Ha sido una magnífica experiencia y esto parece ser el inicio de un gran año. Me gustaría aprovechar esta oportunidad para agradecer a los miembros del comité editorial, por su compromiso continuo con los estándares a los que aspira la revista.

Bienvenido sea el 2022. El mundo entero te da la bienvenida y te abrimos nuestros corazones para que nos colmes con salud, amor, paz, felicidad, y mucha fe. ¡Que venga esa luz esperanzadora que siempre necesitamos!



NEUTRON

CIENCIA Y UN POCO MÁS

Año 2/ abril 2021/ número 18
Coordinación Editorial
Oscar García

Editor
Andrés Hernández Galicia

Colaboradores
Yovany David Razo Ortega
Xochiquetzalli González Bautista

Revista de publicación quincenal
Editada y Distribuida por:
DICLAB A.C.

Domicilio de la publicación
Zacatecas 206-401, Col. Roma,
06700, Ciudad de México

CONTENIDOS

RESÚMEN QUINCENAL.....	4
PARA VER EN CASA.....	5
CONECTA-T	6
ENTREVISTA	8
CIENCIA A DOMICILIO	16
LO MÁS IMPORTANTE.....	20
HABLEMOS DE	26
UN SALTO A LA NATURALEZA.....	28

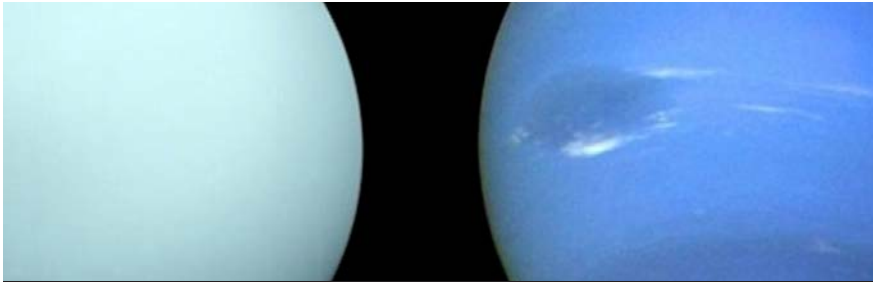


RESUMEN QUINCENAL

Astronomía

LOS MISTERIOSOS CAMBIOS DE TEMPERATURA EN EL GÉLIDO NEPTUNO

A menudo, los científicos esperan una cosa y se encuentran con otra. La sorpresa esta semana la ha traído Neptuno, el planeta del Sistema Solar más alejado del Sol. Durante 17 años, entre 2003 y 2020, este gigante helado fue escrutado con potentes telescopios terretres para estudiar su evolución. El equipo internacional que lo ha monitorizado ha visto unos cambios muy bruscos de temperatura cuyas causas no pueden todavía explicar, tal y como admiten este lunes en un artículo publicado en la revista The Planetary Science Journal. En un periodo muy breve de tiempo como son 17 años, detectaron una sorprendente caída en la temperatura global de Neptuno a la que siguió al cabo de pocos años “un dramático calentamiento” en su polo sur. “Fue un cambio inesperado. Dado que hemos estado observando a Neptuno durante el comienzo de su verano austral, esperábamos que las temperaturas se volvieran más cálidas, no más frías”, ha explicado en un comunicado de prensa Michael Roman, investigador postdoctoral asociado de la Universidad.



En un breve periodo de tiempo, detectaron una sorprendente caída en la temperatura global de Neptuno a la que siguió en los dos últimos años “un dramático calentamiento” en su polo sur. Los científicos aún no saben la causa.

Física

EL BOSÓN W ABRE UNA NUEVA GRIETA EN LA TEORÍA QUE EXPLICA LA NATURALEZA

El próximo julio se cumplirán 10 años de uno de los descubrimientos más importantes de la física, el hallazgo del bosón de Higgs. La elusiva partícula cuya existencia predijo Peter Higgs cuatro décadas antes era la única que quedaba por demostrar experimentalmente para completar el llamado Modelo Estándar de la Física, la teoría que describe la naturaleza en su nivel más fundamental al explicar la composición de la materia. Pero los científicos no han parado de hacer experimentos en los grandes aceleradores para intentar descubrir nuevas partículas y retar al Modelo Estándar. Y se están llevando sorpresas incluso con partículas que se pensaba que eran bien conocidas, como la que este jueves publica un equipo en la revista Science. El protagonista de esta investigación es el bosón W, una partícula elemental que había sido estudiada en profundidad en colisionadores de partículas como el LEP (ya desmantelado) o el LHC del CERN, el Laboratorio Europeo de Física de Partículas. i se confirman sus sorprendentes resultados, las repercusiones en el mundo de la física podrían ser significativas y variadas. Podría suponer la constatación de que el Modelo Estándar tiene que mejorarse o expandirse.



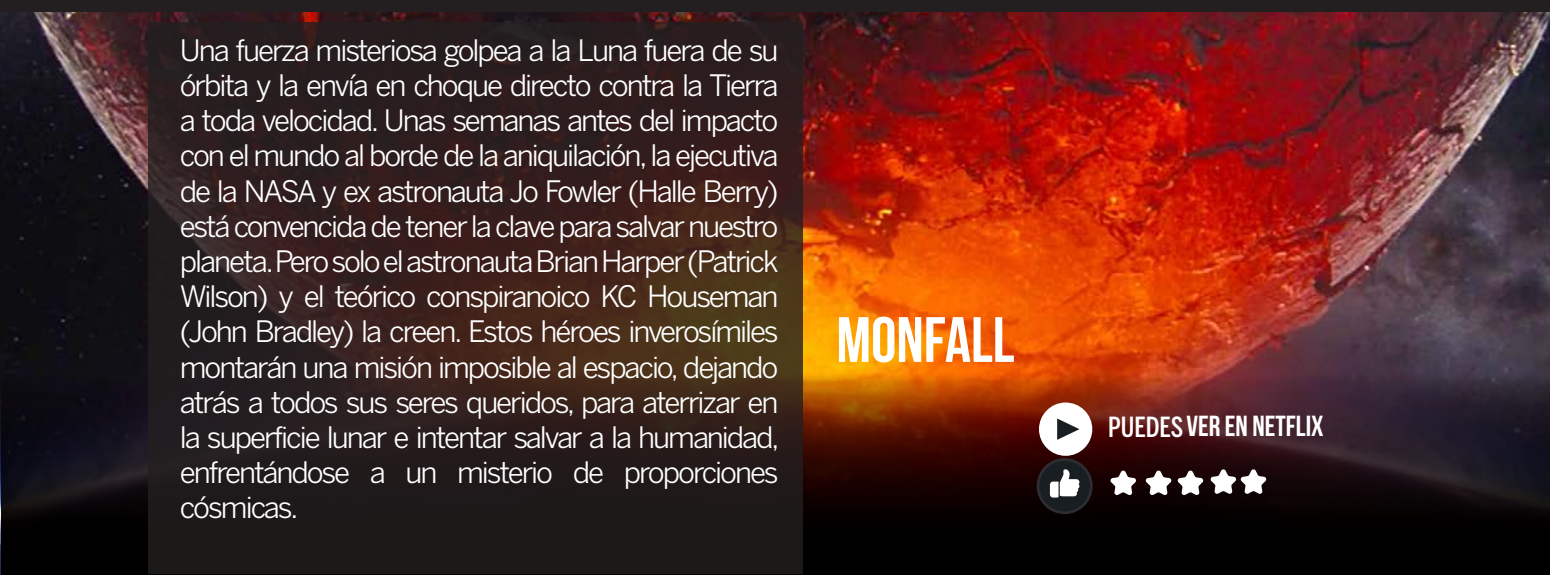
Para llegar a estos resultados, los científicos han usado los datos recopilados durante colisiones de partículas de alta energía producidas por el colisionador Tevatron del laboratorio Fermilab, en Chicago, desde 1985 hasta 2011.

Astronomía

LOCALIZAN VOLCANES DE HIELO DE GRANDES DIMENSIONES EN PLUTÓN

En Plutón existe una zona marcada por la actividad relativamente reciente de volcanes de hielo que alcanzan hasta siete kilómetros de altura, según un estudio que publica 'Nature Communications'. Las imágenes de Plutón tomadas por la nave New Horizons de la Nasa han permitido a un equipo encabezado por el Instituto de Investigación del Suroeste en Colorado (Estados Unidos) examinar una zona dominada por grandes elevaciones irregulares al suroeste de la Sputnik Planitia, la planicie helada cerca del ecuador del planeta. El equipo escribe que no existen características similares en ningún otro lugar del sistema solar y ha analizado la geomorfología y la composición para concluir que esa región fue creada por procesos criovolcánicos, “de un tipo y escala hasta ahora únicos en Plutón”. El criovolcanismo (volcanismo de hielo) se ha observado en varios lugares del sistema solar y describe el emplazamiento de material helado mediante procesos volcánicos. El estudio indica que la región tiene muchos domos volcánicos (estructura en forma de cúpula) que van desde unos pocos kilómetros hasta siete kilómetros de altura y de entre 10 y 150 de ancho, algunos de los cuales se fusionan para crear estructura más grandes.

PARA VER EN CASA

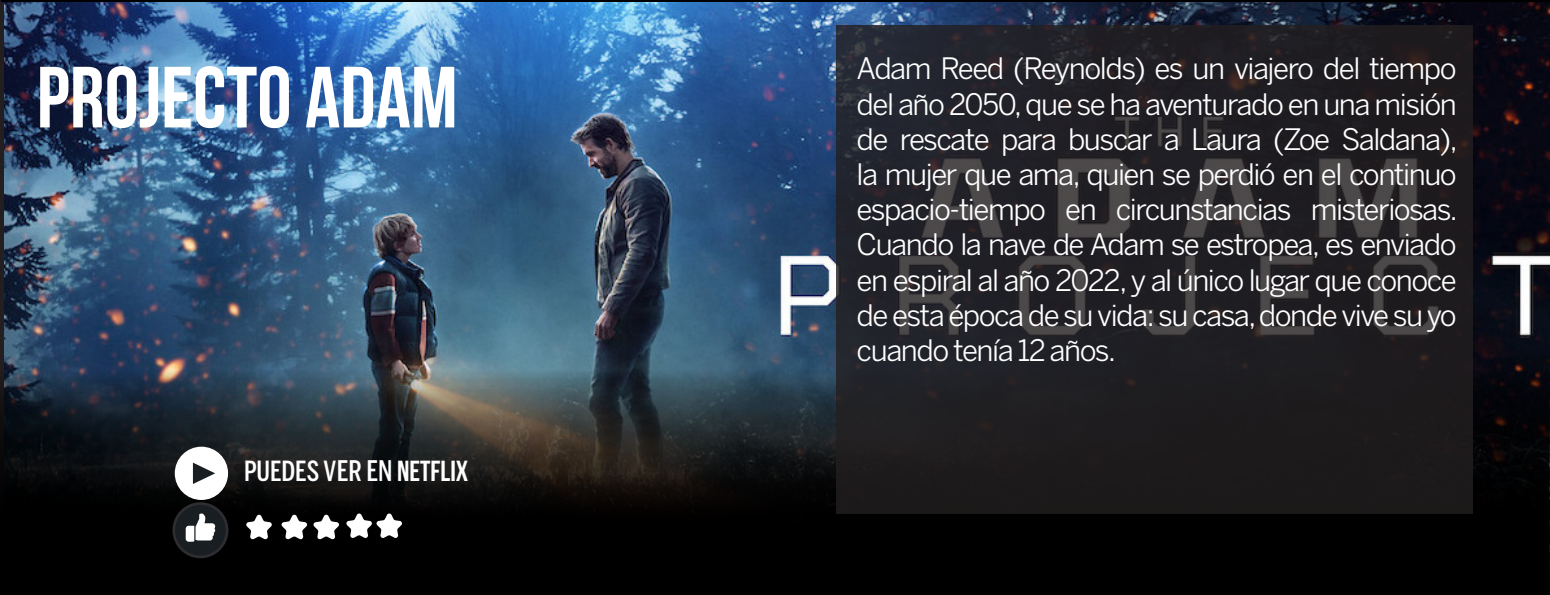


Una fuerza misteriosa golpea a la Luna fuera de su órbita y la envía en choque directo contra la Tierra a toda velocidad. Unas semanas antes del impacto con el mundo al borde de la aniquilación, la ejecutiva de la NASA y ex astronauta Jo Fowler (Halle Berry) está convencida de tener la clave para salvar nuestro planeta. Pero solo el astronauta Brian Harper (Patrick Wilson) y el teórico conspiranoico KC Houseman (John Bradley) la creen. Estos héroes inverosímiles montarán una misión imposible al espacio, dejando atrás a todos sus seres queridos, para aterrizar en la superficie lunar e intentar salvar a la humanidad, enfrentándose a un misterio de proporciones cósmicas.

MONFALL

 PUEDES VER EN NETFLIX

 ★★★★★



PROYECTO ADAM

Adam Reed (Reynolds) es un viajero del tiempo del año 2050, que se ha aventurado en una misión de rescate para buscar a Laura (Zoe Saldana), la mujer que ama, quien se perdió en el continuo espacio-tiempo en circunstancias misteriosas. Cuando la nave de Adam se estropea, es enviado en espiral al año 2022, y al único lugar que conoce de esta época de su vida: su casa, donde vive su yo cuando tenía 12 años.

 PUEDES VER EN NETFLIX

 ★★★★★



PASAJERO INESPERADO

Un grupo científico está en una misión rumbo al planeta Marte. La situación se complica cuando descubren a un polizón inconsciente en el interior del transporte. El escenario se torna catastrófico cuando el sistema de soporte vital presenta fallas graves. Sin combustible suficiente para volver a la Tierra, ni oxígeno para completar el viaje, empezará la lucha por la supervivencia.

 PUEDES VER EN NETFLIX

 ★★★★★

CADDIE Y RETRIEVER

Se trata de dos robots de la compañía Labrador Systems que no buscan otra cosa que ser el asistente de las personas para las labores del hogar (pueden soportar unos 11 kg), es por ello que tienen la forma de una mesa con distintos niveles e incluyen sensores con la idea de trasladarse de un punto a otro. Si bien pueden ayudar a alguien a cargar la ropa sucia, por ejemplo, también están pensados para asistir a aquellas personas con algún problema de movilidad. Los robots caseros todavía no están disponibles para su venta, sin embargo, plantean un escenario más que prometedor.



TP-LINK ARCHER AXE200 OMNI

No es broma cuando se dice que este router de TP-Link buscará entregar la mejor conexión a internet sin importar en qué lugar de la casa se encuentre el usuario, ya que integra antenas robóticas que cambian su orientación. Es un producto de malla que es compatible con el estándar Wi-Fi 6E, además de que incluye las mejores tecnologías de administración por parte del reconocido fabricante.



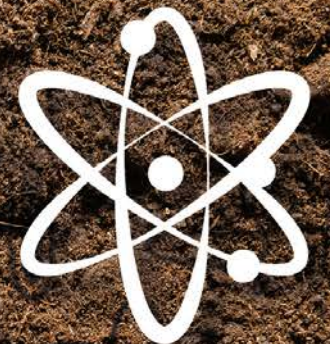
ASUS ZENBOOK 17 FOLD OLED

Difícil no voltear a ver una portátil por su tamaño de 17 pulgadas, pero que todavía tenga el atrevimiento de poderse plegar por la mitad... Es el caso de la Zenbook 17 Fold OLED, cortesía de Asus, la cual considera varios modos, incluso uno en el que se puede echar mano del teclado desmontable para aprovechar todo el panel OLED táctil con resolución 2.5K (2,560 x 1,920 píxeles). ¿Es este dispositivo una señal de lo que está por venir?



Sembramos la ciencia en México

LA SEMILLA DE LA CIENCIA



Proyecto de **apoyo a la investigación científica en México** que **busca premiar a la mejor propuesta** con efectivo o material **para el desarrollo su investigación.**

Un proyecto de



Jean Weissenbach

Uno de los padres del proyecto Genoma Humano

A pesar de ser un proyecto de 'mega-ciencia', la obtención de la secuencia del genoma humano es el resultado de la determinación, el impulso y la innovación inducidas por un pequeño número de científicos, revolucionarios en su momento, alrededor de quienes se conformaron los núcleos de investigación que han llevado a término tan gran empresa. Jean Weissenbach, director del Centro Nacional de Secuenciación francés, Genoscope, es uno de esos pioneros y líderes del Consorcio Público para la Secuenciación del Genoma Humano, y en calidad de tal fue recientemente galardonado con el Premio Príncipe de Asturias de la Ciencia. En las siguientes páginas nos acercamos al investigador para averiguar cómo es el hombre que hay detrás y cómo interactúan ambas facetas de la misma persona.

“Si fuésemos capaces de modificar el genoma de un ser, podríamos caer rápidamente en la tentación de adornarlo con ciertas características que juzgamos como «perfectas»”

Moratorio vio que la forma de Es un día gris y frío, propio del invierno continental, y el edificio de nueva planta, funcional, pasa desapercibido en un entorno de desarrollo reciente en las afueras de París. La entrada no contribuye a dar calor, ni la presencia constante de cerrojos en las puertas que sólo se abren ante la presencia de un portador de la tarjeta adecuada —“esto parece Fort Knox”, nos comenta nuestro anfitrión en un momento de la visita. Su interior alberga uno de los centros punteros de investigación genómica, Genoscope, el Centro Nacional de Secuenciación francés, inaugurado en octubre de 1998 y dirigido, desde entonces, por Jean Weissenbach, uno de los investigadores pioneros en la aplicación de las técnicas del DNA recombinante, primero, y de la genómica, posteriormente, para la identificación y localización de genes responsables de enfermedades en nuestra especie, así como de la obtención de la secuencia del genoma de varios organismos, entre ellos el humano.

El profesor Weissenbach es una persona afable, de trato cordial y sencillo, alejado de la rigidez y el estiramiento que podría suponerse al responsable de una instalación científica

del calibre de Genoscope. Durante la entrevista, su mera compañía bastaba para romper esa sensación de frialdad, fruto de la combinación de clima y edificio.

¿Cuál cree que será el impacto del genoma humano en otras áreas científicas, aparte de la biología y disciplinas próximas? Esta es una cuestión a la que realmente no me siento capacitado para responder, dado mi gran desconocimiento sobre el estado de otras disciplinas, tales como las matemáticas o la física. Respecto a la química, no sé hasta qué punto afectará la genómica a esta ciencia, pero sí sé que alguna de nuestras grandes lagunas en el conocimiento biológico tiene una estrecha conexión con ella. Por ejemplo, todavía no somos capaces de predecir la estructura tridimensional de cualquier proteína a partir de su secuencia primaria de aminoácidos, o la forma en que interactuarán dos moléculas biológicas complejas, dos proteínas, por ejemplo. Sin embargo, estos aspectos son esenciales para entender la función de las moléculas y, por extensión, de las células u organismos que las albergan, por lo que nuestro conocimiento detallado de la secuencia de nucleótidos del genoma de un organismo todavía nos deja muy lejos de entender con un mínimo detalle su funcionamiento. Esto no significa que la química deba dedicarse a resolver este problema, pero sí creo que es una cuestión interesante y que atraerá, aún más, la atención de muchos científicos de este campo. Tampoco tengo claro el

impacto sobre la informática, si bien mis colegas de esta área son capaces de intuir que la influencia será relevante. Yo creo que, más bien, estamos en el lado aplicado de la informática, más que en el de desarrollo. La única teoría que tenemos de la vida es una teoría química, no una teoría de la información. Sí, tenemos información, almacenamos información, pero no podemos hallar ninguna explicación al fenómeno vital en la informática.

Sin embargo, muchos de los científicos que han conformado el campo de la genómica no proceden estrictamente de la biología, sino que son físicos, matemáticos, informáticos, ingenieros. ¿No estaremos repitiendo en la biología del siglo XXI la historia de los comienzos de la biología molecular, en la que hubo una gran influencia de físicos convertidos en biólogos? Efectivamente, pero no creo que podamos hablar ya de una biología del siglo XXI. Todavía estamos haciendo una biología del siglo XX: nuestros conceptos fueron establecidos durante el siglo pasado, si bien estamos adquiriendo una gran cantidad de información a un ritmo sin precedente. La genómica, para mí, todavía no nos ha introducido en un mundo nuevo. Puede que algún día lo haga, pero no aún.

Estoy de acuerdo en que el mundo que muchos prometen está todavía muy lejos, que probablemente no llegaremos a verlo directamente. Por otra parte, ¿no cree que la genómica representa un enfoque excesivamente reduccionista



Nacido el 13 de febrero de 1946 en Estrasburgo estudia matemáticas y farmacia en la Universidad Louis-Pasteur de Estrasburgo, obteniendo el doctorado en 1977 con el tema Secuenciación de ADN y en la propiedades del ARN de transferencia.

para entender unas estructuras tan complejas como los seres vivos? ¿No estamos traspasando los límites de lo que puede lograrse con este enfoque, olvidándonos de otras alternativas? Pienso que esta aproximación ha sido muy útil a lo largo de la historia de la ciencia y que todavía estamos muy lejos de, siquiera, modelizar el comportamiento de un organismo vivo sencillo. Todavía queda mucho camino por recorrer para estos enfoques alternativos al reduccionismo, si bien deben ser tenidos en cuenta para el futuro.

¿Cree que puede haber algún efecto negativo con el conocimiento del genoma humano? Sí, creo que la eugenesia es un peligro potencial. Mucha gente parece recibir el mensaje de que, con el genoma humano, seremos capaces de diseñar personas a la carta.

Si fuésemos capaces de modificar el genoma de un ser, podríamos caer rápidamente en la tentación de adornarlo con ciertas características que juzgamos como ‘perfectas’, siendo que la evolución nos enseña que la perfección no existe, que la mayor riqueza de los seres vivos se encuentra, precisamente, en su diversidad, en la imposibilidad de encontrar una combinación de genes que sea superior a cualquier otra en todo tipo de circunstancias. En esto radica nuestra riqueza, en ser como somos, cada uno distinto a los otros.

Aparte del mandato ético y moral para no hacerlo, ¿estamos en condiciones de manipular de esta forma el genoma de un ser humano? No, actualmente no, pero antes o después llegaremos a poder hacerlo, y, desgraciadamente, pienso que alguien lo hará. Aun así, creo que no es moralmente aceptable.

¿Qué tipo de restricciones, si hay alguna, debe tener el acceso a los datos del genoma por parte de aquellas naciones o grupos económicamente más desfavorecidos? Creo que los datos deben estar en el dominio público y ser de libre acceso para todo el mundo. De esta forma, incluso los habitantes de países en desarrollo o subdesarrollados podrán beneficiarse de este conocimiento, por ejemplo, en el desarrollo de nuevos métodos más rápidos y precisos de diagnóstico.

Sin embargo, mientras estas personas no dispongan de un acceso igualmente libre y económicamente permisible a los tratamientos que puedan remediar esas condiciones, el mero diagnóstico puede incluso hacer más miserable la vida de quien todavía no ha desarrollado la patología en cuestión, pero no puede evitar

ENTREVISTA

que llegue a hacerlo.
Sí, estoy de acuerdo.

Tengo la impresión de que se está vendiendo mucho más de lo que realmente es alcanzable en un futuro razonable, no sólo los científicos, sino muchos políticos.
Efectivamente, es mucho más fácil hacer promesas que cumplirlas.

“Hay un montón de cuestiones interesantes relacionadas con la determinación del sexo, tanto en nuestra especie como en otras especies”

¿Cuál es su opinión sobre la competición entre el consorcio público y una empresa privada por descifrar el genoma humano?

No creo que haya una competición cuando uno de los participantes tiene libre acceso a los datos obtenidos por el otro, pero sin que exista reciprocidad. O al menos no es una competición limpia. Es evidente que el grupo privado se ha beneficiado, y mucho, de los datos obtenidos –e inmediatamente publicados– por el consorcio público, hasta el extremo que llegaron a cambiar por completo su estrategia de secuenciación, pues inicialmente dijeron que iban a secuenciar mucho más de lo que acabaron haciendo. Y este cambio les ha supuesto un ahorro importante de dinero. Pienso que, simplemente, no era posible dejar que un proyecto de este tipo se desarrollara primero o únicamente desde el sector privado, pues podría



Entre 1977 y 1981 realiza estancias postdoctorales en el Instituto Weizmann y en el Instituto Pasteur dedicadas a la clonación de genes de interferones humanos. Ello le acercó a la Genética Molecular Humana, su dominio de investigación a partir de 1982.

desembocar fácilmente en una situación de monopolio. Gracias a la irrupción de esta empresa privada, también ha habido una aceleración notable en el proyecto público, pues diversos organismos que lo financiaban estimaron, correctamente, que no debían abandonar el objetivo a medio realizar, dejándolo en manos privadas, y aumentaron la dotación económica para el mismo, lo que ha supuesto una reducción importante en los plazos. Baste recordar que el primer borrador estaba previsto para el año 2005.

¿Dónde radica la mayor influencia sobre el consorcio público de esta competencia, en la financiación o en la estrategia de secuenciación? Indudablemente en la financiación. La estrategia seguida por el consorcio público es la correcta, con independencia de si la

propuesta de Celera es siquiera factible sin el apoyo de datos de mapas físicos, obtenidos del consorcio público en el caso del genoma humano pero que podrían, si fuese el caso, lograrse tras mucho esfuerzo. De hecho, si tuviese que empezar de nuevo ahora el proyecto de secuenciar el genoma humano, seguiría la misma estrategia que hemos seguido, empezando por el mapeo físico y posterior secuenciación de clones. Una de las ventajas de este enfoque es que se puede dirigir o concentrar el esfuerzo en regiones concretas, bien porque tengan un interés especial o porque presenten dificultades para la secuenciación con los procedimientos habituales. Este tipo de alternativas no están disponibles en una estrategia de perdigonada. Respecto al genoma humano, es muy difícil saber qué podría



Posteriormente, dirige diversos laboratorios asociados al CNRS, así como una unidad de investigación del Instituto Pasteur. Fue responsable del programa del mapa genético humano en Genethon y director científico de este laboratorio entre 1993 y 1997.

haber conseguido Celera sin los datos del consorcio público.

¿Se ha llegado a discutir públicamente los dos borradores del genoma humano?

No en público, aunque sí en privado. Es curioso que, hasta la fecha, no haya habido ninguna conferencia o congreso científico en el que directamente se hayan discutido los resultados obtenidos por Celera y por el consorcio público. En mi opinión, buena parte del problema surge porque Celera juega simultáneamente en dos terrenos diferentes, el científico y el empresarial. Son una compañía, e intentan vender su producto, pero también son un grupo de científicos de alto nivel, e intentan lograr un reconocimiento por parte de esta comunidad. Sin embargo, las reglas del

juego son muy diferentes en estos ámbitos, operan con los genomas y, adicionalmente, tenemos un componente de investigación propiamente dicha en bioinformática, desde el desarrollo e implementación de nuevos algoritmos hasta análisis comparativos o de composición y localización de elementos particulares en los genomas.

Usted ha tomado parte en prácticamente la totalidad de proyectos genoma de eucariotas que se han obtenido hasta la fecha ¿Están directamente interesados en todos?

En realidad no en todos, pues no participamos en el del nematodo (*Caenorhabditis elegans*). Nuestra participación en el genoma de *Drosophila* fue muy concreta, pues el consorcio encargado de la secuenciación nos solicitó una tarea en la

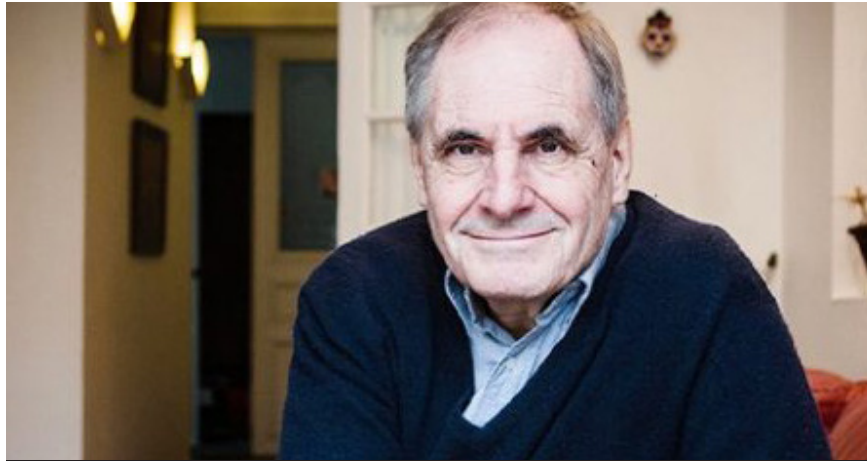
que somos muy eficaces, la secuenciación de los extremos de cromosomas bacterianos artificiales. El genoma de *Arabidopsis* era claramente interesante para uno de nuestros grupos, que trabaja en biología molecular de plantas, por lo que participamos de forma más activa.

¿Por qué dejó de trabajar con levaduras y pasó a hacerlo con el hombre?

Eso sucedió a finales de los años 70, al poco de concluir mi tesis doctoral, cuando empezaba a disponerse de un nuevo conjunto de herramientas, la tecnología del DNA recombinante, con la que abordar numerosos problemas que hasta ese momento se habían resistido al análisis biológico. Podíamos hacer cosas que no se habían podido hacer antes, y en el campo de la genética humana, especialmente, había un montón de problemas acuciantes que podían ser tratados. Esta era una oportunidad fantástica que no podía dejar pasar.

Su entrada en el campo de la genética humana fue con el estudio de los genes implicados en la determinación del sexo. ¿Dónde radica el interés de estudiar el sexo en nuestra especie?

Hay un montón de cuestiones interesantes relacionadas con la determinación del sexo, tanto en la nuestra como en otras especies. Muchas de ellas eran ya antiguas, y la tecnología del DNA recombinante nos permitía dar una respuesta. Por ejemplo, dónde se localizan los genes responsables de la diferenciación sexual, cómo explicar los casos de reversión



Desde 1997 dirige el Genoscope, que forma parte del Centro Nacional de Investigación Científica (Centre national de la recherche scientifique o CNRS en Francés) en Évry y es miembro de la Academia Francesa de Ciencias. Sus trabajos sobre genética molecular y cartografía cromosómica van a servir de base para la clonación posicional de genes humanos implicados en numerosas enfermedades y para el desarrollo de trabajos de secuenciación del genoma humano.

sexual (varones con cariotipo XX o mujeres con cariotipo XY), problemas para los que las técnicas citogenéticas no tenían suficiente resolución, pero que la biología molecular nos permitió solucionar. Así, pudimos poner de manifiesto la existencia de recombinación en una pequeña zona del cromosoma Y y el cromosoma X, o que los casos de reversión sexual implicaban frecuentemente la traslocación de la zona del cromosoma correspondiente en el otro cromosoma sexual, sin rastro citogenético. A continuación me interesé especialmente por el cartografiado, la localización de genes en los cromosomas, mediante la utilización de diversos marcadores. Los genes por los que me interesaba solían ser los genes responsables de diversas patologías humanas, por lo que la vertiente de aplicación social de una tecnología que había contribuido a poner a punto estaba bien justificada. Uno de nuestros mayores éxitos fue el aumento de la escala en la

que realizar esta tarea, labor que se inició en Généthon, gracias a la aportación de la Asociación Francesa contra las Miopatías a través de distintos telemaratones. Este fue un proyecto a la vez modélico, por la imbricación de ciencia y demanda social, y adelantado, por los métodos puestos a punto para realizar un mapeo a una escala hasta entonces inimaginable.

¿Qué viene a continuación en su lista de intereses en el ámbito de la investigación? Lo que más me interesa ahora son los procariotas. Creo que una de las cosas más importantes que han logrado los proyectos genoma es proporcionar un catálogo de los genes de distintas especies. Probablemente, conocemos la mayoría de los genes presentes en los eucariotas, mientras que en los procariotas hay una tremenda diversidad de hábitos, reacciones bioquímicas, capacidades catalíticas, que justifican nuestro interés por ello. Además, no sabemos

o no podemos cultivar la gran mayoría de organismos procariotas, y en este caso la genómica proporciona una vía para el estudio no sólo del genoma, sino de aspectos muy detallados de la biología y bioquímica de tales organismos. Queremos contribuir a establecer el catálogo de genes de los procariotas. No olvidemos que son muchísimo más diversos que los eucariotas, así que todavía hay mucho que hacer en este campo.

¿Qué opinión tiene en el debate actual sobre el acceso libre a las publicaciones científicas mediante su depósito en servidores de Internet o cualquier otra vía que garantice el acceso gratuito, o con un coste bajo, a investigadores de todo el mundo? Obviamente, creo que todavía necesitamos publicar en revistas con revisión crítica por colegas especialistas del área de conocimiento de que se trate, porque así se posibilita una primera crítica. Sin embargo, el sistema no carece de fallos. Por ejemplo, existe una gran presión sobre los revisores para devolver sus comentarios antes de llegar a leer el manuscrito, y esto incide de manera muy negativa en su labor, pues la lectura crítica debe ser reflexionada, pausada, con meditación sobre la nueva información, el método de obtención, las conclusiones extraídas por los autores. Todo esto está reñido con las prisas. No obstante, considerando que las revistas son una importante fuente de ingresos para las sociedades científicas, será difícil que desaparezcan, pero creo que se darán cada vez más

pasos hacia el libre acceso a las publicaciones científicas, lo que será muy positivo si somos capaces de mantener la revisión crítica. En este sentido, cabría pensar en una transformación del papel de las revistas, o de las sociedades científicas que las mantienen, en el sentido de dar un cierto aval o respaldo a lo depositado en sitios públicos.

“Siempre me he maravillado ante la capacidad de los seres vivos, más aún los minúsculos microbios, para habitar y proliferar en los ambientes más inhóspitos”

¿Qué le inspira cada día para seguir dedicándose a la ciencia? ¿Cuál es la pregunta que intenta responder? A lo largo de mi vida siempre me he maravillado ante la capacidad de los seres vivos, más aún los minúsculo microbios, para habitar y proliferar en los ambientes más inhóspitos, sustentándose de prácticamente la nada, transformando su entorno hasta hacerlo parecer habitable. Aunque a lo largo de mi carrera he seguido caminos no siempre próximos a esta cuestión, creo que es lo que más me motiva, y es por ello que tengo intención de retomar el estudio de los genomas de estos microorganismos, para averiguar y explicar esas asombrosas capacidades.

¿Cuál es el precio que paga por dirigir este centro? Evidentemente, el precio es la menor disponibilidad para



En 2001 le fue concedido el Premio Príncipe de Asturias de Investigación Científica y Técnica, junto a Craig Venter, John Sulston, Francis Collins y Hamilton O. Smith.

dedicarme a la investigación, por lo que es esta faceta, sobre todo, la que se ve más afectada por mis dedicaciones administrativas y de gestión.

¿Le compensa? Apesardetodo, estoysatisfecho, pues la contrapartida es muy gratificante. Gracias a ello puedo dedicarme a explorar áreas que me interesan con una tecnología y unos medios que están a disposición de muy pocos grupos de investigación. En otras palabras, si no estuviese en Genoscope, no podría realizar muchos de los proyectos en que estoy y he estado implicado.

Para concluir, ¿qué opina sobre la patentabilidad de los genes? ¿Deben concederse patentes sobre secuencias de genes? Creo que, dadas las regulaciones existentes, las patentes deberían concederse si se cumplen los tres principios básicos recogidos en la normativa europea para ello: novedad, no obviedad y aplicación del nuevo

descubrimiento o invento. Si se aplican estos principios a las solicitudes de patentes sobre genes, podemos comprobar que son muy pocas las solicitudes que los cumplen realmente y, en estos casos, creo que sí merecen el premio de lograr la patente. La obtención de una secuencia parcial o total de un gen normalmente no constituye una novedad científica de relieve, y la aplicación del conocimiento derivado de la misma suele ser obvia: cualquier persona con esa misma información podría llegar a las mismas conclusiones, por lo que éstas no pasarían la criba del segundo principio. Además, en muchas ocasiones no se llega a describir detalladamente la aplicación que va a darse a la secuencia recién determinada (ha habido solicitudes muy amplias sobre todas las aplicaciones potenciales posibles de las secuencias determinadas en el análisis de los genes expresados en, por ejemplo, el cerebro, si bien fueron rechazadas en su momento).



Parámetros clave a controlar en Acuicultura

Por: Hanna S.A. de C.V.

En la acuicultura existen ciertos parámetros, tanto físicos como químicos, que son claves para asegurar la calidad del agua. En HANNA instruments disponemos de medidores para garantizar el rendimiento del sector acuícola. ¡Continúa leyendo para conocer los parámetros clave a controlar!

¿Qué es la acuicultura?
La acuicultura, según la FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación), es una actividad dirigida a producir y engordar organismos acuáticos en su medio.

También se puede definir como el cultivo en condiciones controladas de especies que se desarrollan en el medio acuático (peces, moluscos, crustáceos y plantas) y que son utilizados por el ser humano.

La acuicultura va ligada a la intervención humana para incrementar la producción a través de la concentración de poblaciones, su alimentación y la protección frente a los depredadores.

La calidad del agua en la acuicultura es un importante factor a vigilar. Su monitorización permite asegurar un óptimo rendimiento, garantizando al mismo tiempo la sostenibilidad del sector.

La actividad acuícola es, de hecho, uno de los ámbitos productivos que más rápido está creciendo. En la actualidad y según la FAO, produce el 50 % del pescado mundial destinado a alimentación. Además, es previsible que este porcentaje siga aumentando conforme la población global continúe creciendo, ya que el pescado es una importante fuente de proteínas y su cría, una de las producciones más rentables existentes en la actualidad.

Entre los parámetros de medida de la calidad del agua, están los condicionantes físicos, como la temperatura y la turbidez, y los condicionantes químicos, que son el oxígeno disuelto, pH, dureza, alcalinidad, amonio, nitritos, nitratos y fosfatos.

Parámetros físicos que influyen en la acuicultura

Uno de los tipos de parámetros que se deben controlar son

los condicionantes físicos. Los parámetros clave a medir son los siguientes:

Temperatura

La temperatura del agua es una variable importante en la acuicultura, pero en la mayoría de los tipos de acuicultura no se puede controlar y depende de la cantidad de radiación solar, la temperatura del aire o de la temperatura del agua. Los animales acuáticos se ven fuertemente influenciados por la temperatura; las operaciones de acuicultura deben programarse para que correspondan a la temperatura adecuada del agua, por lo que los controles de temperatura son críticos para operaciones eficientes.

La temperatura es un factor importante que afecta el crecimiento y la supervivencia de todos los organismos, ya que los peces son animales de sangre fría y, por tanto, su temperatura corporal varía con la del agua. Por tanto, cuando esta variable está fuera del rango óptimo para la especie en cuestión, el desarrollo animal o vegetal se resiente, pudiendo llegar incluso a la muerte. La temperatura, además, cambia el poder de toxicidad de algunas

sustancias tales como el amonio (NH_4), que aumenta sus efectos perjudiciales cuanto más se calienta el agua.

Las especies de aguas frías no tolerarán temperaturas por encima de 20 - 25°C. Las especies de aguas cálidas generalmente no se reproducen a temperaturas inferiores a 20°C o no crecen a temperaturas inferiores a 10 a 15°C, pero sobreviven temperaturas mucho más bajas en invierno. Las especies tropicales morirán a temperaturas de 10 a 20°C y la mayoría no crecerá a temperaturas inferiores a 25°C.

Los rangos de temperatura citados anteriormente son muy generales, y cada especie – ya sea de agua fría, agua caliente o tropical – tiene sus requisitos de temperatura específicos.

Turbidez

Es la ausencia de transparencia del agua, provocada por la presencia de materiales orgánicos o minerales. El grado que manifiesta depende de la cantidad de partículas suspendidas o el tamaño y naturaleza de dichas moléculas, que pueden tener un origen inorgánico (arcillas), orgánico o biológico (plancton). Esta variable puede ser empleada como indicador para decidir si es necesaria o no la adición de nutrientes. Estos compuestos son, por otra parte, responsables del riesgo de eutrofización que conlleva la práctica acuícola, incrementan la concentración de nitrógeno, fósforo y otros nutrientes destinados a estimular el crecimiento del fitoplancton del que se alimentan los peces o

crustáceos (Boyd, 2018).

La presencia de turbidez, por ejemplo, limita la entrada de luz y la habilidad de los peces para capturar el alimento, así como las reacciones de fotosíntesis y esto provocará menor concentración de oxígeno disuelto.

Parámetros químicos que influyen en la acuicultura

Para en cultivo de la acuicultura es primordial garantizar la calidad de las aguas donde se crían las diferentes especies, y por ello, ciertos parámetros de control indispensables para optimizar la producción y cultivo. Además, sabemos que no solo se trata de medir un parámetro de forma aislada, sino de cómo se relacionan. A continuación se detallan las definiciones de los parámetros químicos clave:

Oxígeno Disuelto

Es un parámetro fundamental, sino el más importante, ya que si hay déficit de oxígeno se ve afectado el crecimiento y la conversión alimenticia de los organismos. El oxígeno puede aumentar por el proceso de difusión de la atmósfera y por la fotosíntesis.

Durante el día, el oxígeno disuelto consumido por los animales es compensado por el proceso de fotosíntesis en algas y otras especies vegetales; pero por la noche tanto animales como plantas consumen oxígeno, lo que disminuye de manera significativa la cantidad de oxígeno disuelto, llegando a su valor mínimo por la madrugada. La concentración de este parámetro en el agua de salida en cultivos de aguas cálidas debe ser superior a 4 ppm y

mayor a 7 ppm en cultivos de aguas frías.

pH

Se refiere a la concentración de iones Hidronio, el cual nos ayuda a indicar si es una solución ácida o básica y la escala que se maneja es de 0 a 14 en donde un pH 7 es el pH neutro.

Valores muy altos o bajos de pH, pueden suponer la muerte de los animales. En aguas con valores de pH inferiores a 7 (aguas ácidas), las branquias se verán afectadas generando problemas respiratorios. Valores de pH superiores a 7 (básicos), incrementan la toxicidad del amonio y pueden causar la muerte o inapetencia de los peces. En ambas condiciones se pueden presentar problemas de crecimiento, apetito, metabolismo y reproducción. Por lo tanto, los valores óptimos de pH van de 6.5 a 8.0.

Dureza

Se define como la concentración de iones los cuales son Ca y Mg y se expresan en mg/L de carbonato de calcio. Pero no son los únicos, hay otros iones que contribuyen a la concentración de este parámetro. Se clasifica en dureza blanda (0 – 75 mg/L), moderada (75 – 150 mg/L), dura (150- 300 mg/L) y muy dura (mayor a 300 mg/L). Los niveles considerables de dureza y alcalinidad que se recomiendan están entre 20 y 200 mg/L.

Una dureza inferior a 20 ppm de carbonato de calcio afecta los procesos reproductivos y de crecimiento en los peces, los niveles aceptables son de 50 a 300 ppm. Los niveles de dureza óptimos para la mayoría de las especies se encuentran

entre 75 a 150 ppm siendo estas consideradas como aguas blandas.

Alcalinidad

Corresponde a la concentración de bases totales en el agua, es expresada en mg/L de carbonato de calcio equivalentes y ésta representado por iones de carbonato y bicarbonato.

Compuestos Nitrogenados

Estos se originan como parte de la desintegración del material orgánico y el metabolismo de los organismos que habitan en el agua.

Los compuestos nitrogenados provienen del excremento de los animales y la descomposición de materia orgánica; siendo tóxicos los derivados como el amonio y el nitrito. El amonio en su forma ionizada (NH_3), es tóxico cuando el pH y la temperatura son altas, y el oxígeno disuelto es bajo. Lo ideal es mantener los niveles de amonio por debajo de 0,1 ppm. La exposición prolongada a cantidades mayores puede causar daños en los órganos y por tanto una disminución en el crecimiento. Los nitritos (NO_2^-), son un paso intermedio entre el amoníaco (NH_4^+) y los nitratos (NO_3^-). Al igual que el amonio, los nitritos y nitratos son altamente tóxicos por lo que sus niveles deben ser inferiores de 0.1 ppm.

Fosfatos

En los estanques se presenta una cantidad considerable de fosfatos ya que los suelos absorben fósforo y por su naturaleza insoluble permanece en contacto con el agua y a su vez con los organismos que habitan.

En el caso de los fosfatos (PO_4^{3-}), los cuales son ocasionados por el exceso de alimentos concentrados, generan el aumento del fitoplancton. Lo que disminuye las concentraciones de oxígeno disuelto. Por esta razón, es prudente mantenerlos en niveles entre 0.6 y 1.5 ppm. Salinidad

Es la concentración de todos los iones disueltos en el agua, estos provienen de minerales y cloruros principalmente. Se debe considerar la presión osmótica y la conductividad eléctrica que incrementa cuantas más sales tengamos en el agua. Se ha estudiado que en zonas de mucha precipitación, el nivel de salinidad es de 150 a 250 mg/L, en zonas de poca lluvia puede ser de 500 a 2500 mg/L y aguas de pozos profundos los niveles de salinidad por encima de 2500 mg/L.

Dióxido de Carbono (CO_2)

El CO_2 es esencial para la fotosíntesis e influye en el valor de pH. La concentración de este parámetro está determinada por la respiración de los organismos presentes en el agua, al igual que por la fotosíntesis y la descomposición de la materia orgánica.

El agua empleada para piscicultura puede tener diferentes orígenes como ríos, nacederos, lagunas, embalses, entre otros. Estas fuentes poseen distintas propiedades físicas, biológicas y químicas, que pueden variar en el

tiempo y son cruciales en la productividad. Al evaluar estos parámetros críticos se pueden tomar acciones correctivas para mantener una calidad de agua dentro de los parámetros adecuados para la especie cultivada.

¿Cómo analizar los parámetros químicos en el establecimiento acuícola?

El control de calidad del agua debe ser parte fundamental de las actividades diarias en acuicultura. Actualmente existen varias técnicas de análisis químico en aguas, unas cualitativas y otras cuantitativas, siendo estas últimas las más recomendadas, debido a su nivel de precisión y repetibilidad. En el caso de las cualitativas (kits rápidos), proporcionan información aproximada, además de estar sujetos a la experiencia y buenas prácticas del analista.

HANNA instruments, con el fin de garantizar el control de los parámetros químicos de las aguas para acuicultura, lanza el análisis cuantitativo por espectrofotometría visible con nuestro IRIS HI801. Este equipo permite cuantificar de manera precisa y rápida cada uno de los parámetros químicos antes mencionados, permitiendo tomar decisiones acertadas al momento de acondicionar el agua y siendo una herramienta imprescindible para mantener el agua a niveles óptimos. Además cuenta con rectas de calibrado y reactivos específicos para agua marina.

**Pensando en tu seguridad,
nuestra expo tendrá una
nueva fecha...**

EXPOMATERIAL 2022
PARA
LABORATORIO

**Los mejores y más importantes
proveedores de material
para TU laboratorio**

Para más información, visita:

www.expomaterialparalaboratorio.com

55 5564 7310

expo@diclab.com.mx



@ DICLAB



Un genoma humano sin lagunas: se completa por primera vez la secuencia del ADN

El genoma humano es una enciclopedia inmensa cuyo alcance todavía no comprendemos totalmente. Hasta ahora, incluso no habíamos podido ni abrir ciertos tomos que guardaban el 8 % de toda la información. Sin embargo, por primera vez se ha logrado secuenciar la información completa, iluminando un universo desconocido del ADN humano que puede tener la llave para descifrar enfermedades genéticas, procesos como el envejecimiento, o piezas del puzzle de la evolución.

Es un hito histórico para la ciencia. Por primera vez, tenemos la secuencia completa del genoma humano. Es un mapa del material genético que define cómo somos y cómo funcionamos. Un índice de una enciclopedia gigante que contiene toda la información que nos estructura y permite nuestra vida.

El esfuerzo de descifrar este índice empezó hace más de dos décadas y, hasta la fecha, se había logrado esclarecer el 92 % del genoma humano. Sin embargo, todavía quedaban lagunas por llenar, un trabajo completado ahora por el consorcio T2T (Telómero a Telómero) gracias al avance de la tecnología y a la experticia de un centenar de científicos.

Cuando el Proyecto Genoma Humano anunció que había completado el primer genoma humano en 2003, fue un logro trascendental: por primera vez se descifró el código del ADN de la vida humana. Pero había un inconveniente, y es que no se consiguió reunir toda la información del genoma.

Existían lagunas, regiones sin rellenar, a menudo repetitivas, que resultaban demasiado confusas para unir las.

Las piezas del puzzle que faltaban

El botánico alemán Hans Winkler acuñó la palabra "genoma" en 1920, combinando la palabra "gen" con el sufijo "-ome" (en inglés es genome), que significa "conjunto completo", para describir la secuencia completa de ADN que contiene

cada célula. Los investigadores siguen utilizando esta palabra un siglo después para referirse al material genético que compone un organismo.

Una forma de describir el aspecto de un genoma es compararlo con un libro de consulta. En esta analogía, un genoma es una antología que contiene las instrucciones del ADN para la vida. Se compone de una amplia gama de nucleótidos (letras) que se empaquetan en cromosomas



Un genoma es una colección completa de ácido desoxirribonucleico (ADN) de un organismo, o sea un compuesto químico que contiene las instrucciones genéticas necesarias para desarrollar y dirigir las actividades de todo organismo. Las moléculas del ADN están conformadas por dos hélices torcidas y emparejadas.

LO MÁS IMPORTANTE

(capítulos). Cada cromosoma contiene genes (párrafos) que son regiones de ADN que codifican las proteínas específicas que permiten el funcionamiento de un organismo.

Aunque todo organismo vivo tiene un genoma, su tamaño varía de una especie a otra. Un elefante utiliza la misma forma de información genética que la hierba que come y las bacterias de su intestino. Pero no hay dos genomas exactamente iguales. Algunos son cortos, como el genoma de la bacteria que habita en los insectos *Nasua deltocephalinicola*, con solo 137 genes en 112 000 nucleótidos. Otros, como los 149 000 millones de nucleótidos de la planta con flores *Paris japonica*, son tan largos que resulta difícil hacerse una idea de cuántos genes contienen.

No obstante, los genes, tal y como se entienden tradicionalmente como tramos de ADN que codifican proteínas, constituyen solo una pequeña parte del genoma de un organismo. De hecho, suponen menos del 2 % del ADN humano.

El genoma humano contiene aproximadamente 3 000 millones de nucleótidos y algo menos de 20 000 genes que codifican proteínas, lo que representa un 1 % de la longitud total del genoma.

El 99 % restante son secuencias de ADN no codificantes que no producen proteínas. Algunas son componentes reguladores que funcionan como una centralita para controlar el funcionamiento de otros



Cada hélice está formada por cuatro unidades químicas, denominadas bases nucleótidas. Las bases son adenina (A), timina (T), guanina (G) y citosina (C). Las bases en las hélices opuestas se emparejan específicamente; una A siempre se empareja con una T, y una C siempre con una G.

genes. Otras son pseudogenes o reliquias genómicas que han perdido su capacidad de funcionamiento.

Y más de la mitad del genoma humano es repetitivo, con múltiples copias de secuencias casi idénticas.

Gracias a los avances en la tecnología para manejar estas secuencias repetitivas, los científicos finalmente llenaron esos vacíos en mayo de 2021, y el primer genoma humano completo ha sido publicado oficialmente el 31 de marzo de 2022.

¿Qué es el ADN repetitivo? La forma más sencilla de ADN repetitivo son los bloques de ADN que se repiten una y otra vez en tándem, llamados satélites. Aunque la cantidad de ADN satélite que tiene un determinado genoma varía de una persona a otra, suelen agruparse hacia los extremos

de los cromosomas en regiones llamadas telómeros. Estas regiones protegen a los cromosomas de la degradación durante la replicación del ADN. También se encuentran en los centrómeros de los cromosomas, una región que ayuda a mantener intacta la información genética cuando las células se dividen.

Los investigadores aún no conocen bien todas las funciones del ADN satélite. Pero como forma patrones únicos en cada persona, los biólogos forenses y los genealogistas utilizan esta huella genómica para cotejar muestras de la escena del crimen y rastrear la ascendencia. Más de 50 trastornos genéticos están relacionados con variaciones en el ADN satélite, incluida la enfermedad de Huntington.

Otro tipo abundante de ADN repetitivo son los elementos transponibles o secuencias

que pueden desplazarse por el genoma.

Algunos científicos los han descrito como ADN “egoísta” porque pueden insertarse en cualquier lugar del genoma, sin importar las consecuencias. A medida que el genoma humano evolucionó, muchas secuencias transponibles recogieron mutaciones, reprimiendo su capacidad de moverse para evitar interrupciones perjudiciales. Pero es probable que algunas sigan moviéndose. Por ejemplo, las inserciones de elementos transponibles están relacionadas con varios casos de hemofilia A, un trastorno hemorrágico genético.

Pero los elementos transponibles no son solo disruptivos. Pueden tener funciones reguladoras que ayudan a controlar la expresión de otras secuencias de ADN. Cuando están concentrados en los centrómeros, también pueden ayudar a mantener la integridad de los genes fundamentales para la supervivencia celular.

Asimismo, pueden contribuir a la evolución. Los investigadores han descubierto recientemente que la inserción de un elemento transponible en un gen importante para el desarrollo podría ser la razón por la que algunos primates, incluidos los humanos, ya no tienen cola. Los reordenamientos cromosómicos debidos a elementos transponibles están incluso vinculados a la génesis de nuevas especies como los gibones del sudeste asiático y los wallabies de Australia.

Completar el rompecabezas



Cada cromosoma contiene cientos de miles de genes, los cuales tienen las instrucciones para hacer proteínas. Cada uno de los 30.000 genes estimados en el genoma humano produce un promedio de tres proteínas.

genómico. Hasta hace poco, muchas de estas complejas regiones podían compararse con la cara oculta de la luna: se sabía que existían, pero no se veían.

Cuando el Proyecto Genoma Humano se puso en marcha por primera vez en 1990, las limitaciones tecnológicas impedían descubrir por completo las regiones repetitivas del genoma. La tecnología de secuenciación disponible solo podía leer unos 500 nucleótidos a la vez, y estos fragmentos cortos tenían que superponerse unos a otros para recrear la secuencia completa. Los investigadores utilizaron estos segmentos superpuestos para identificar los siguientes nucleótidos de la secuencia, ampliando gradualmente el ensamblaje del genoma de a un fragmento por vez.

Estas regiones repetitivas de lagunas eran como armar un rompecabezas de 1 000 piezas de un cielo nublado: cuando todas las piezas son iguales, ¿cómo saber dónde empieza una nube y dónde acaba otra? Con tramos casi idénticos que

se solapan en muchos puntos, la secuenciación completa del genoma por partes se hizo inviable. En la primera iteración del genoma humano quedaron ocultos millones de nucleótidos.

Desde entonces, los parches de secuencias han ido rellenando poco a poco las lagunas del genoma humano. Y en 2021, el Consorcio Telómero a Telómero (T2T), un consorcio internacional de científicos que trabajan para completar un ensamblaje del genoma humano de extremo a extremo, anunció que todas las lagunas restantes fueron finalmente llenadas.

Esto ha sido posible gracias a la mejora de la tecnología de secuenciación, capaz de leer secuencias más largas de miles de nucleótidos. Con más información para situar las secuencias repetitivas dentro de un panorama más amplio, resultó más fácil identificar su lugar adecuado en el genoma. Como si se simplificara un rompecabezas de 1 000 piezas a un rompecabezas de 100 piezas, las secuencias de lectura larga hicieron posible

LO MÁS IMPORTANTE

ensamblar grandes regiones repetitivas por primera vez. Gracias a la creciente potencia de la tecnología de secuenciación de ADN de lectura larga, los genetistas están en condiciones de explorar una nueva era de la genómica, desentrañando por primera vez complejas secuencias repetitivas en poblaciones y especies. Y un genoma humano completo y sin lagunas constituye un recurso inestimable para que los investigadores estudien las regiones repetitivas que conforman la estructura y la variación genéticas, la evolución de las especies y la salud humana.

Pero un genoma completo no lo recoge todo. Se siguen realizando esfuerzos para crear diversas referencias genómicas que representen plenamente la población humana y la vida en la Tierra. Con referencias genómicas más completas, "telómero a telómero", la comprensión de los científicos de la materia oscura repetitiva del ADN será más clara.

En base a estos últimos tipos de genes, Rafael Sirera, catedrático de Biología Celular y coordinador de la revista de la Sociedad Española de Inmunología (SEI), se centra en los HLA. Aunque sólo ocupan el 0,13 por ciento del genoma humano, codifica cerca de 150 proteínas -el 0,5 por ciento del total-. De estas, nueve son las implicadas en susceptibilidades o resistencias a enfermedades, además de provocar rechazos en los trasplantes.

Detalles "asombrosos" acerca de los genes HLA

En referencia a los genes HLA, Sirera asegura que encuentra una paradoja en este estudio: los (genes) hallados en T2T-CHM13 se han asociado con más de 100 enfermedades diferentes, pero, a la vez, pueden proteger contra otras muchas patologías, sobre todo infecciosas.

Como ejemplo, el experto habla de que la mayoría de pacientes que sufren espondilitis anquilosante presentan la variante HLA-B27. Sin embargo, esclarece Sirera, "estos mismos están genéticamente protegidos contra el virus VIH. Y, además, presentan progresiones de enfermedad muy, muy lentas".

Según el catedrático, los genes HLA son las proteínas encargadas de enseñar a los linfocitos qué es lo que hay en el interior de nuestras células, y a reconocer y defenderse de diferentes amenazas (como un virus o cáncer). Además, detalla el experto, la gran cantidad de diferencias que presentan estos genes permite

garantizar la supervivencia de la humanidad.

La ausencia de genes, o su funcionamiento defectuoso, es el origen de muchas enfermedades, comenta Sirera. Por ello, "conocer la secuencia completa del genoma permitirá estudiar algunas enfermedades cuyo origen actualmente es desconocido".

Limitaciones de T2T-CHM13 A pesar de que el nuevo genoma no presente lagunas como su predecesor -un conglomerado del ADN de más de 60 personas-, sus autores explican que sigue teniendo limitaciones, puesto que tampoco proviene de una persona, sino de una mola hidatiforme completa.

Ante ello, los autores de la investigación esperan añadir más genomas de referencia como parte del Consorcio de Referencia del Pangenoma Humano para mejorar la diversidad en la genética humana, algo que realmente es necesario en la actualidad.



Secuenciar significa determinar el orden exacto de los pares de bases en un segmento de ADN. Los cromosomas humanos tienen entre 50.000.000 a 300.000.000 pares de bases. Debido a que las bases existen en pares, y la identidad de una de las bases en el par determina el otro miembro del par, los científicos no tienen que presentar las dos bases del par.

NEUTRON

CIENCIA Y UN POCO MÁS



¡LA MEJOR REVISTA DIGITAL!

¡YA
DISPONIBLE!

EDICIONES MENSUALES CON LO MÁS NUEVO DE LA CIENCIA

Encuéntranos en redes sociales en la página de Facebook de @Diclab



Ola de calor, frentes fríos, ¿qué son y por qué se forman?

Varias islas exteriores del archipiélago han quedado completamente asoladas, según el primer ministro.

¿Qué pasa cuando una masa de aire se encuentra con otra?

Este es un espectáculo común cuando una masa de aire se encuentra con otra. Casi puedes ver una masa de aire empujando por sobre la otra. Cuando dos masas de aire se encuentran el resultado suele ser una tormenta. ¿Has estado en la zona centro-oeste de los Estados Unidos en primavera? Es un espectáculo bastante común.

Frentes

Cuando las masas de aire frío avanzan hacia el sur desde los polos, se topan con masas de aire caliente avanzando hacia el norte desde los trópicos. Los límites entre esas dos masas de aire se llaman frentes. Las masas de aire no suelen mezclarse en el frente. Las diferencias entre presión y temperatura causan nubes y precipitaciones. Los tipos de frentes pueden ser frío, cálido, ocluido y estacionario.

Frente Frío

Un frente frío se forma cuando una masa de aire frío se topa con una masa de aire caliente (Imagen siguiente). La masa de aire frío se mueve más rápido que la de aire caliente, así que la masa de aire frío levanta la de aire caliente para quitarla de su camino. Al elevarse el aire cálido, su vapor de agua se condensa. Se forman

nubes y caen las precipitaciones. Si el aire cálido es muy húmedo las precipitaciones pueden ser fuertes. Las diferencias entre temperatura y presión de estas dos masas de aire causan vientos que pueden ser muy fuertes en los frentes fríos.

Al avanzar las rápidas masas de aire frío, el frente frío lo hace también. Los frentes fríos suelen traer cambios repentinos en el tiempo. Puede haber una fina línea de tormentas justo en el frente, que se mueven junto con este. En primavera y verano estas tormentas pueden ser eléctricas o tornados. A finales de otoño y en invierno las tormentas pueden traer nieve. Después de que pasa el frente frío, la masa de aire frío detrás trae bajas temperaturas. El aire tiende a ser menos húmedo también. ¿Puedes explicar el por qué?

Frentes Cálidos

Cuando una masa de aire caliente se topa con una masa de aire frío crea un frente cálido (Imagen siguiente). El aire cálido se mueve más rápido que el aire frío y fluye por sobre la masa de aire frío. Al ascender este aire caliente, se enfría y eso trae nubes y a veces precipitaciones ligeras. Los frentes cálidos se mueven más lento y cubren un área más amplia. Después de que pasa un frente

cálido, la masa de aire caliente tras el trae temperaturas más cálidas, el aire cálido también tiende a ser más húmedo.

Frentes Ocluidos

En un frente ocluido, una masa de aire caliente se ve atrapada entre dos masas de aire frío. El aire caliente se eleva por sobre el aire frío (Imagen siguiente). El tiempo nublado y las precipitaciones a lo largo del frente son comunes.

Frentes Estacionarios

A veces dos masas de aire dejan de moverse cuando se encuentran. Estas masas de aire detenidas crean un frente estacionario. Un frente de estos puede traer nubes y precipitaciones a una misma área por muchos días.

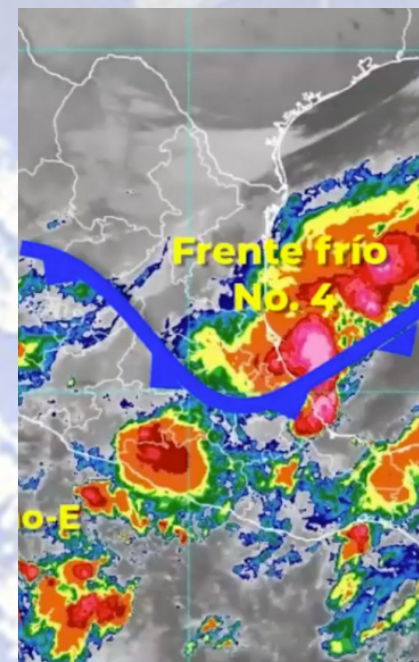
Resumen

Una gran parte de los fenómenos meteorológicos ocurre en los frentes, donde las masas de aire se encuentran.

En un frente cálido, una masa de aire cálido se desliza por sobre una de aire frío. En un frente frío, una masa de aire frío se desliza por debajo una de aire cálido. Un frente ocluido tiene tres masas de aire: frío, cálido y frío.

En plena ola de calor, ingresará a México el Frente Frío 41; las lluvias llegarán a estos estados

Las precipitaciones podrían



En meteorología, un frente es una franja de separación o zona de interacción entre dos vientos o masas de aire con características diferentes de temperatura o humedad. Se clasifican como fríos, cálidos, estacionarios y ocluidos según sus características.

acompañarse de descargas eléctricas y condiciones para la caída de granizo.

Luego de una semana en la que algunas regiones de México tuvieron temperaturas que oscilaron entre los 40 y 45 grados Celsius, el Frente Frío número 41 ocasionará intensas lluvias en los estados de Campeche, Chiapas y Tabasco, donde se pueden presentar algunas inundaciones en zonas bajas.

El Servicio Meteorológico Nacional (SMN) informó que este Frente Frío recorrerá el Golfo de México, y durante la noche del jueves llegará a la Península de Yucatán, por lo que se pronostican lluvias muy fuertes también en Oaxaca y Veracruz.

Además se esperan precipitaciones

en Puebla y Yucatán, mientras que los chubascos se dejarán sentir en la Ciudad de México, Estado de México, Hidalgo, Nuevo León, Quintana Roo, San Luis Potosí, Tamaulipas, Tlaxcala y Zacatecas, y algunas lluvias aisladas en Coahuila, Durango, Guanajuato, Guerrero, Morelos y Querétaro.

Las precipitaciones pronosticadas para la Península de Yucatán, el sureste y oriente de México podrían acompañarse de descargas eléctricas y condiciones para la caída de granizo, señaló la Comisión Nacional del Agua (Conagua).

Debe tenerse en cuenta que la masa de aire frío que impulsa al frente provocará evento de Norte, con rachas de viento de 80 a 90 kilómetros por hora en el Golfo e Istmo de Tehuantepec y la costa centro y sur de Veracruz. Además se presentarán fuertes oleajes, de 1 a 3 metros de altura en costas del Golfo de Tehuantepec, Tabasco, Tamaulipas y Veracruz.

De acuerdo con el Servicio Meteorológico Nacional (SMN) en la actual temporada se tienen contemplada la llegada de 56 frentes fríos, por lo que aún hay posibilidad de que otros 15 ayuden a paliar el bajo nivel en el almacenamiento de agua en el país.

Hasta el 4 de abril, el almacenamiento total en los principales embalses de México presenta un déficit de 3 mil 718 millones de metros cúbicos, señaló la Conagua.

El calor no cede del todo. En contraste, por la tarde de este mismo jueves se prevé ambiente muy caluroso con temperaturas máximas de 40 a 45 grados en

Guerrero, Jalisco, Michoacán, Nayarit, Sinaloa y Sonora.

Además, se estiman temperaturas máximas de 35 a 40 grados en Colima, Guanajuato, Baja California y Baja California Sur, así como de 30 a 35 grados en Aguascalientes, Chihuahua y Durango, San Luis Potosí, Tamaulipas y Zacatecas.

Nuestro país enfrenta un escenario adverso pues el fenómeno meteorológico "La Niña" propicia un clima de sequía intenso en gran parte del país, y de acuerdo con la Comisión Nacional del Agua, en los meses recientes los niveles de lluvia se han reducido de manera marcada con respecto a los años anteriores. Esta situación ha generado que las 210 principales presas del país tengan bajos niveles de almacenamiento de agua.

"La Niña" provoca mucha evaporación y pocas nubes, al tiempo que hace que la radiación entre de manera directa" al territorio mexicano señalaron especialistas de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).

El SMN, de la Conagua, informó que del 1 de octubre de 2021 al 3 de abril de 2022 ha llovido 27.6% menos que el promedio histórico de ese mismo lapso. En tanto, del 1 de enero al 3 de abril, se ha registrado un déficit de 32.5% de lluvia en comparación a la lámina nacional histórica de ese periodo.

Algunos estados como Nuevo León ya sufren los estragos de la sequía, donde el suministro para Monterrey su zona metropolitana se encuentra bajo una fuerte presión debido a que sus presas se encuentran en niveles mínimos.



Las algas, un valioso aliado para salvar el planeta

Por Dafne Penélope Murillo Rojas y Yovany David Razo Ortega

Las algas son organismos fotosintéticos micro y macroscópicos, unicelulares o pluricelulares de poca o nula diferenciación celular a comparación de las plantas terrestres, que habitan en ambientes relacionados a una fuente de agua constante. Estas suelen confundirse con plantas acuáticas por la nula difusión de información acerca de ellas alrededor del mundo y a otras causas como el hecho de que la mayoría se encuentran sumergidas en algún cuerpo de agua dificultando su avistamiento, o por su pequeño tamaño. Debido a esto, su presencia e importancia ecológica y económica ha sido subestimada en los lugares donde se desarrollan.

Profundizando un poco más en su descripción, se puede mencionar que las algas tienen un origen polifilético, lo que quiere decir que no provienen de un solo ancestro evolutivo, siendo entonces "alga" un nombre común que se le confiere a una serie de organismos que se encuentran distribuidos en diferentes grupos taxonómicos. Lo anterior descrito, les confiere un amplio espectro de características morfológicas y fisiológicas únicas en su tipo, presentando formas desde filamentosas, láminas, costrosas, cilíndricas y hasta coloniales. Pueden ser de diversos colores asociados a pigmentos accesorios que intervienen en la captación de diferentes longitudes de onda de la luz, interviniendo en la profundidad en que viven y difieren según el grupo al que pertenezcan; los grupos de macroalgas más reconocidos son las rojas, verdes y pardas, mientras que el fitoplancton

(algas microscópicas) está representado en una variedad más amplia de taxones, siendo las más abundantes las algas verde-azuladas y diatomeas. Como resultado a las adaptaciones que han adquirido, pueden ser encontradas a diferentes profundidades en ambientes de agua dulce (lénticos y lóticos), salada o salobre como los manglares, e incluso en suelo, hielo y en ambientes extremos, lo que representa una distribución muy amplia en el planeta. A pesar de esto, es un grupo poco estudiado ecológicamente, en especial en el occidente, por lo que la estimación de especies es aún ambigua.

Otra característica importante a tomar en cuenta son los diferentes hábitos que poseen, ya que se pueden encontrar como planctónicas (es decir, que se mantienen flotando en la columna de agua) o

bentónicas (asociadas a un sustrato), estas últimas se reconocen más fácilmente porque tienden a alcanzar tamaños mayores y formas y colores más llamativos. Son de suma importancia para el desarrollo y funcionamiento de los ecosistemas, aunque desde el punto de vista de la mayoría de las personas pasen inadvertidas. Su diversidad y biomasa es responsable de aproximadamente la producción del 80% del oxígeno atmosférico, además de ser los primeros organismos documentados en la historia científica como responsables de la liberación de este gas en la Tierra por efecto de la fotosíntesis, lo que cambió las condiciones en el planeta, permitiendo la existencia de las diferentes formas de vida conocidas actualmente que requieren de oxígeno para vivir. Por otro lado, el fitoplancton principalmente, se encarga de la



Las algas son los vegetales más antiguos del planeta (aparecieron hace 3 mil millones de años) y desempeñan un papel fundamental porque producen la mayor parte de oxígeno para el planeta. Existen miles de especies de algas, desde estructuras unicelulares muy simples, hasta otras más complejas.

fijación de miles de millones de toneladas de carbono al año en los mares y océanos alrededor del mundo, reduciendo notablemente la presencia de CO₂ en la atmósfera y con ello los efectos del calentamiento global. También juegan un papel importante en la conservación de la diversidad biológica directa e indirectamente; existen en mutualismo con algunos organismos como corales, hongos y plantas, además, contribuyen de manera esencial en el mantenimiento de los sistemas siendo productoras primarias, otorgando refugio a diferentes especies (muchas de ellas de interés comercial) y como alimento de herbívoros, dando estabilidad a las redes tróficas. Debido a la importancia de la presencia o ausencia de las algas en el hábitat, determinadas especies han sido utilizadas por diferentes agencias medioambientales como especies biomonitoras. Una especie biomonitora es aquella que cuya presencia y abundancia, representa una medición sobre las condiciones en las que se encuentra un cuerpo de agua, por lo que si el ambiente se encuentra eutrofizado (es decir, con exceso de nutrientes) o contaminado por algún componente tóxico, algunas especies de algas lo pueden indicar sin necesidad de llevar a cabo más pruebas fisicoquímicas, lo cual es de relativo menor costo y sencillo de implementar. Aunque se han investigado más especies bioindicadoras de fitoplancton por su abundancia y facilidad de muestreo e identificación, las especies de macroalgas también son de gran importancia por su nula

movilidad y amplia distribución en las costas y cuerpos de agua dulce y salobre. Un grupo muy importante en la determinación de las condiciones ambientales son las cianobacterias (algas verde-azuladas), debido a que suelen ser las más abundantes en los cuerpos de agua eutrofizados al aprovechar el exceso de nutrientes para reproducirse en grandes cantidades, produciendo florecimientos algales que generan una gran cantidad de biomasa que suele descomponerse y emitir olores desagradables, además de que algunas de ellas pueden liberar toxinas que afectan a los organismos de la comunidad. De las especies de cianobacterias más comunes en cuerpos de agua eutrofizados, se encuentran los géneros *Microcystis*, *Anabaena*, *Oscillatoria* y *Cylindrospermopsis*. En cuanto a las macroalgas, se ha visto especialmente en algas pardas una gran afinidad por metales en el ambiente, estas las retienen por tiempo indefinido en la pared celular por las características químicas que tienen actividad quelante, atrapándolos y ayudando a que estos no se encuentren en el agua circundante. Esta actividad se ha asociado como un mecanismo de defensa, al no permitir que los metales que pueden resultar tóxicos, entren a los diferentes organelos celulares afectando las funciones básicas del organismo. De igual manera, muchas especies tienen infinidad de usos para el humano en las industrias alimentaria, médica, farmacéutica, biomédica, biotecnológica, cosmética,

energética, agrícola, ganadera, entre otras. Se ha prestado mayor interés en la industria alimentaria en países de Asia, sin embargo, alrededor del mundo algas rojas y pardas son cultivadas y explotadas para la obtención de los denominados “ficocoloides”, entre los que destacan el agar, carragenano y ácido alginico, estos son polisacáridos con consistencia viscosa que se utilizan de manera común en los alimentos que consumimos día a día, sin mencionar los avances científicos que se han desarrollado alrededor de ellos. El agar, extraído de especies de algas rojas como *Gelidium*, *Acanthopeltis*, y *Gracilaria*, es usado para la elaboración de placas bacteriológicas, fármacos y en algunos alimentos como material gelificante, espesante y estabilizante, es así que lo podemos encontrar en gomitas, postres refrigerados, yogures, entre otros alimentos. En cuanto a los carragenanos, de igual manera extraídos de algas rojas como *Euchema*, *Chondracanthus*, *Mazaella* y *Gigartina*, que poseen propiedades de igual manera gelificantes y espesantes, por lo que podemos encontrarlas en lácteos, productos cárnicos, pastas dentales, comida de mascotas, entre otros. Y por último, los alginatos (ácido alginico y sus derivados) son el principal componente de las paredes celulares de algas pardas, los principales géneros en la producción de estos compuestos son *Macrocystis*, *Laminaria* y *Ecklonia*, se utilizan en la industria farmacéutica en forma de sal espesante para cremas o medicamentos tópicos, en la formulación

de detergentes para ropa, transportadores de fármacos para la cicatrización tisular, en la conservación de compuestos en helados, en biotecnología como inmovilizador de células y enzimas mediante la producción una red iónica que fija las células en su interior, entre otros usos.

En cuanto a la alimentación directa, las algas han formado parte de la dieta humana desde hace muchos años, siendo muy variada la forma en la que se utilizan. Como ya se mencionó, los principales países consumidores se encuentran en el continente asiático, como China, India, Corea y Japón, y en algunos de Oceanía como Australia y Nueva Zelanda, en donde son consumidas algas pardas, verdes y rojas de manera habitual. Poseen características nutritivas y nutraceuticas, lo que quiere decir que además de proporcionarnos nutrientes esenciales, también proporcionan beneficios médicos o para la salud. Tienen altas concentraciones de minerales como yodo, zinc, hierro, magnesio, calcio, fósforo, potasio, silicio y sodio, fortaleciendo huesos, uñas, piel, cabello y permite la correcta asimilación de la insulina. También aportan vitaminas A, B, C, D, E, K y en menor medida la B12, de importancia en la síntesis del ADN y generación de glóbulos rojos. Se pueden consumir de forma seca, en sopas, ensaladas, botanas, dulces y como condimentos. En México, por otra parte, son cosechadas y extraídas de su medio natural y la importancia alimentaria se da de manera local de manera reducida, las especies más consumidas son



Una forma de clasificarlas es a través de su color; una característica clave porque configura su esencia. Las algas pueden tener distintos colores (verde, azul, rojo o pardo) dependiendo a que profundidad crezcan y se encuentren sumergidas. Esa profundidad va a determinar la cantidad de clorofila y otros pigmentos fotosintéticos que darán forma a su composición.

Enteromorpha intestinalis, *Ulva lactuca*, *Laminaria japonica*, *Undaria pinnatifida*, *Macrocystis pyrifera*, *Palmaria palmata*, entre otras. Además de sus beneficios nutraceuticos, las propiedades curativas y benéficas para el humano, han sido documentadas por su utilización en diversas culturas que las han empleado con fines medicinales alrededor del mundo. Esto ha impulsado diferentes investigaciones en el área médica utilizando diferentes metabolitos secundarios como la fucoxantina de diversas especies, a la que se le ha atribuido propiedades antioxidantes, antiinflamatoria, antiobesidad, neuroprotector, fotoprotector y de prevención contra la osteoporosis. Además de los componentes nutritivos, las algas tienen diferentes compuestos bioactivos de actividad antioxidante como

los carotenoides y polifenoles. Los últimos mencionados, han sido objeto de estudio por sus propiedades medicinales retardando los efectos del envejecimiento, enfermedades cardiovasculares y cáncer. Y así, en los últimos años se han investigado amplia y profundamente para ser utilizadas en las diferentes industrias y en temas biotecnológicos para beneficio humano. Por último, cabe señalar que las algas tienen una gran importancia ecológica y económica que debe seguir siendo investigada y explotada de manera responsable y sustentable para su aprovechamiento en la sociedad. Además, se debe implementar la difusión de estos temas para que causen interés y oriente a diferentes estudios taxonómicos para el conocimiento de las especies presentes en las costas y cuerpos de agua mexicanos, y su posible uso en el país.

LA SEMILLA DE LA CIENCIA

U N I V E R S I T A R I O S

2DA EDICIÓN

Consulta las bases en: www.diclab.com.mx
ó escaneando el código QR de este cartel.

**¡APOYAMOS
TU PROYECTO
DE INVESTIGACIÓN!**



FECHA LÍMITE
DE RECEPCIÓN DE PROYECTOS:
20 DE MAYO DEL 2022

Dirigido a **estudiantes de cualquier casa de estudios de México de cualquier carrera del Área de Ciencias Biológicas y de la Salud** (Química, Biología, Veterinaria, Medicina, Ingenierías relacionadas)

Si estudias una carrera de **licenciatura, maestría o doctorado** y tienes un **proyecto enfocado a la investigación** científica en México y necesitas apoyo de patrocinios **¡Diclab te ayuda!**

Envíanos un email a diclab@diclab.com.mx indicando el objetivo de tu investigación y de tus requerimientos que te hacen falta para completarla, lista de reactivos, materiales o dinero y el impacto que tendría en la sociedad si tu proyecto se concluye. Un jurado calificador decidirá si aplicas para obtener el **apoyo en equipo, material y/o efectivo**. La decisión del jurado será inapelable.

