VOLUMEN 4 NO. 3 | JULIO 2026

BiotecnoLógica® Magazine



¿Cómo el estudio del ADN ha contribuido a dilucidar el origen genético del mexicano?

Norma Y. Hernández Saavedra

Inteligencia artificial generativa y biotecnología: ¿una nueva vía para valorizar residuos agroindustriales?

Emilio Ochoa-Reyes, José Juan Buenrostro-Figueroa

BIOTECNOLÓGICA MAGAZINE® año 2026, Vol. 4, No. 3, mayo-junio, es una publicación de divulgación, bimestral, editada por: Dra. Norma Y. Hernández Saavedra. http://biotmagazine.com, biotecnologicamagazine@gmail.com. Blvd. Constituyentes 1975, L19 MzB 165, Fracc. Campestre, La Paz, Baja California Sur, C.P. 23090, México. Tel. (612) 12 40674. Reservas de Derechos al Uso Exclusivo: 04-2024-022911435400-102, ISSN: 2992-863X; ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor. El contenido de los artículos y comunicaciones es responsabilidad exclusiva de los autores y no refleja de manera alguna el punto de vista del Editor ni del Consejo Editorial Fundador. Queda prohibida la reproducción total o parcial del contenido por cualquier medio sin la autorización expresa del Consejo Editorial Fundador.

Crédito Fotografía Portada: generada por IA.
Edición gráfica editorial y página web: Dra. Crisalejandra Rivera Pérez.

ORGANISMO RESPONSABLE
BiotecnoLógica Magazine

Editores en Jefe
Dra. Norma Y. Hernández Saavedra
Dr. Felipe Ascencio Valle

Consejo Editorial Fundador
Dra. Norma Y. Hernández Saavedra
Dr. Felipe Ascencio Valle
Dra. Crisalejandra Rivera Pérez

Editora Ejecutiva
Dra. Crisalejandra Rivera Pérez

Revista digital de divulgación científica.

BiotecnoLógica *Magazine* es la revista en línea de divulgación biotecnológica dirigida a empresas, investigadores, estudiantes y a todos los que sientan curiosidad por esta innovadora área científica y tecnológica.

BiotecnoLógica *Magazine* publica artículos en el campo de la biotecnología y ciencias afines. Publica editoriales (mensaje de el o los editores), artículos, notas cortas, fotografías, infografías, y noticias de actualidad en áreas gubernamentales, académicas, empresariales e investigaciones destacadas en el campo de la biotecnología, ciencias biológicas, ciencias de la vida, y ciencias ambientales, acuícolas, agropecuarias, veterinarias y ciencias médicas y biofarmacéuticas.

biotecnologicamagazine@gmail.com
www.biotmagazine.com
Facebook @biotecnoLogicamagazine
Instagram biotecnologicamagazine
Threads biotecnologicamagazine

Índice

1

MICRORNAS EN LA PRÁCTICA MÉDICA: PASADO, PRESENTE Y RETOS FUTUROS EN LA MEDICINA DE PRECISIÓN

Alejandra Arredondo Esparza, Flor Daniela Alday-Montañez, Alejandro Martínez-Martínez, Elisa Robles-Escajeda

8

XENOPARIDAD: UNA MADRE CAPAZ DE ENGENDRAR DOS ESPECIES DIFERENTES PARA SOBREVIVIR

Mercedes Gorette Solís Lucero

14

DESARROLLO BIOTECNOLÓGICO Y OBSTÁCULOS EN EL CULTIVO DE ESPECIES DE PEPINOS DE MAR DEL LA PENÍNSULA DE BAJA CALIFORNIA: ENFOQUE EN *ISOSTICHOPUS FUSCUS*, *HOLOTHURIA INORNATA*, *HOLOTHURIA PARAPRINCEPS*, *HOLOTHURIA IMPATIENS* Y *APOSTICHOPUS CALIFORNICUS*

Felipe Ascencio Valle



Imagen: Carisa Chitrita

23

MÁS QUE ALIMENTO: BACTERIAS CON POTENCIAL PROBIÓTICO EN LA LECHE MATERNA

Alan Bryan Licona Jain*, Antonio Luna-González, Elva Lorena Vázquez Montoya

29

EPIGENÉTICA: LA MEMORIA INVISIBLE DE LAS PLANTAS

Mitzuko Dautt-Castro*, Greta Mariana Rubio-Goycochea

57

¿CÓMO EL ESTUDIO DEL ADN HA CONTRIBUIDO A DILUCIDAR EL ORIGEN GENÉTICO DEL MEXICANO?

Norma Y. Hernández Saavedra*

48

INTELIGENCIA ARTIFICIAL GENERATIVA Y BIOTECNOLOGÍA: ¿UNA NUEVA VÍA PARA VALORIZAR RESIDUOS AGROINDUSTRIALES?

Emilio Ochoa-Reyes, José Juan Buenrostro-Figueroa

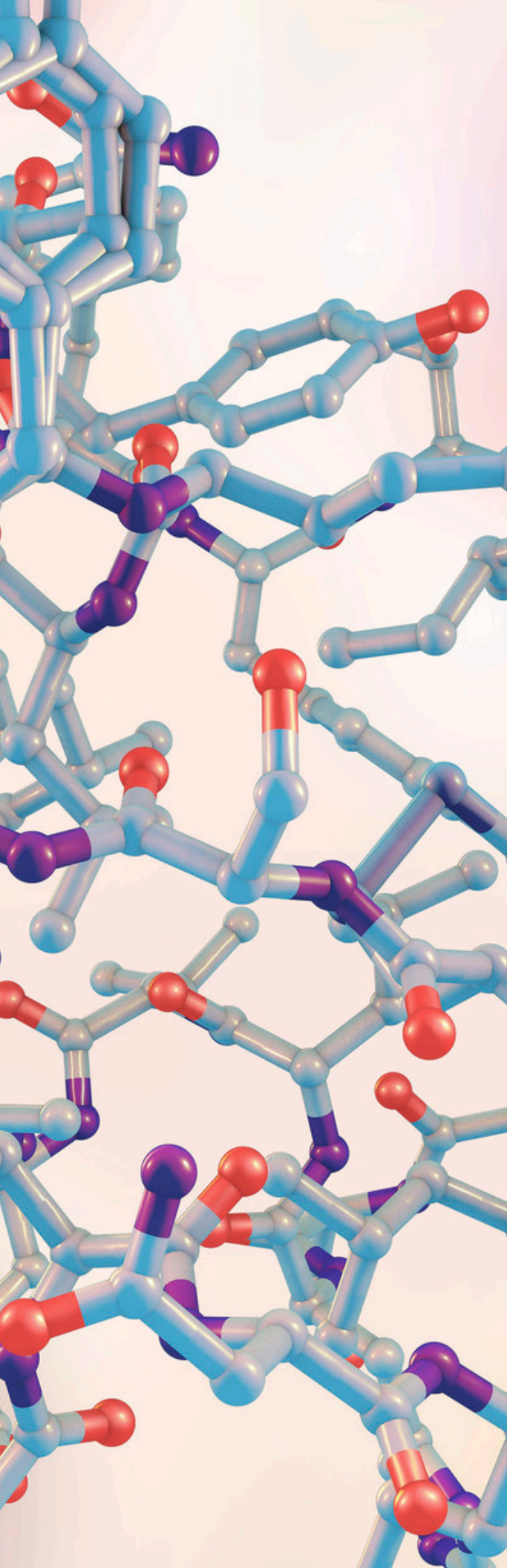
52

HALLAZGOS INCÓMODOS

Arturo Sánchez Paz



Imagen: Metamoreworks



56

INSULINA

Jorge Arias de Dios, Judith Vianey García Morales

57

MICROALGAS: ALIADOS NATURALES PARA LA BIORREMEDIACIÓN DE AGUAS RESIDUALES

María Concepción Lora Vilchis, Carlos Alejandro Pérez Rojas

58

CORTISOL: LA BIOQUÍMICA DEL ESTRÉS

Yazmin Hernández Díaz, Thelma Beatríz González Castro, Armando Isaac Salinas Valdespino, Jorge Luis Hernández Vicencio

59

LUCIFERASA

César Salvador Cardona Félix



Notas del Editor

Estimadas lectoras y estimados lectores:

Nos complace presentarles una nueva edición de Biotecnológica Magazine, integrada por artículos e infografías que reflejan la amplitud, creatividad y relevancia actual de la biotecnología y las ciencias de la vida.

En este número abordamos temas que van desde la medicina de precisión, los microRNAs, la epigenética vegetal y el origen genético del mexicano, hasta la inteligencia artificial generativa aplicada a la valorización de residuos agroindustriales. También exploramos fenómenos biológicos sorprendentes como la xenoparidad, el potencial probiótico de bacterias presentes en la leche materna y los retos biotecnológicos en el cultivo de pepinos de mar de la península de Baja California.

Además, incluimos infografías dedicadas a la insulina, el cortisol, la luciferasa y el papel de las microalgas en la biorremediación de aguas residuales, con el propósito de acercar conceptos científicos complejos de manera clara, visual y accesible.

Agradecemos a las y los autores, revisores y colaboradores que hacen posible esta edición. Su trabajo contribuye a fortalecer la divulgación científica y a compartir el conocimiento con públicos cada vez más amplios.

Comité Editorial
BiotecnoLógica Magazine



MicroRNAs en la práctica médica: pasado, presente y retos futuros en la medicina de precisión

Alejandra Arredondo Esparza 1, Flor Daniela Alday-Montañez 1, Alejandro Martínez-Martínez 1, Elisa Robles-Escajeda 2*

1Departamento de Ciencias Químico-Biológicas, Universidad Autónoma de Ciudad Juárez.

2Department of Biological Sciences, The Border Biomedical Research Center, The Cellular Characterization and Biorepository Core Facility, The University of Texas, El Paso, Texas, USA

Foto: pernsantitfoto

Tema

Los miRNAs son pequeñas moléculas de ARN (ácido ribonucleico), las que desde su descubrimiento han revolucionado el mundo de la ciencia y la medicina. Antes se desconocían sus funciones, pero actualmente se han realizado hallazgos importantes que permitirán avances en el área médica, en el diagnóstico y pronóstico de enfermedades. Los microRNAs (miRNAs) ayudan a controlar múltiples procesos en las células. Actúan como interruptores que permiten encender o apagar la producción de proteínas que tienen papeles preponderantes dentro del cuerpo (Diener et al., 2022).

1.Introducción

En los últimos años, los científicos han descubierto que estas moléculas están involucradas en muchas enfermedades, como el cáncer, lo que los ha convertido en una herramienta prometedora para detectar y tratar padecimientos de una forma más precisa y menos invasiva (Pérez-Mora et al., 2023).

Estas moléculas son abundantes en diversos tejidos y, al participar en la comunicación celular, pueden salir de la célula y entrar en circulación, encontrándose en fluidos como la sangre. Gracias a esto, pueden funcionar como biomarcadores, es decir, como señales medibles que indican el estado de salud o la presencia de una enfermedad (Ho et al., 2022).

Por ello, en este artículo se busca dar a conocer el papel de los miRNAs en la práctica médica como alternativas potenciales para el diagnóstico y tratamiento de enfermedades. Con este objetivo, se abordará su historia, su papel en distintas enfermedades y las perspectivas actuales y futuras de su aplicación, como se muestra en la Figura 1.

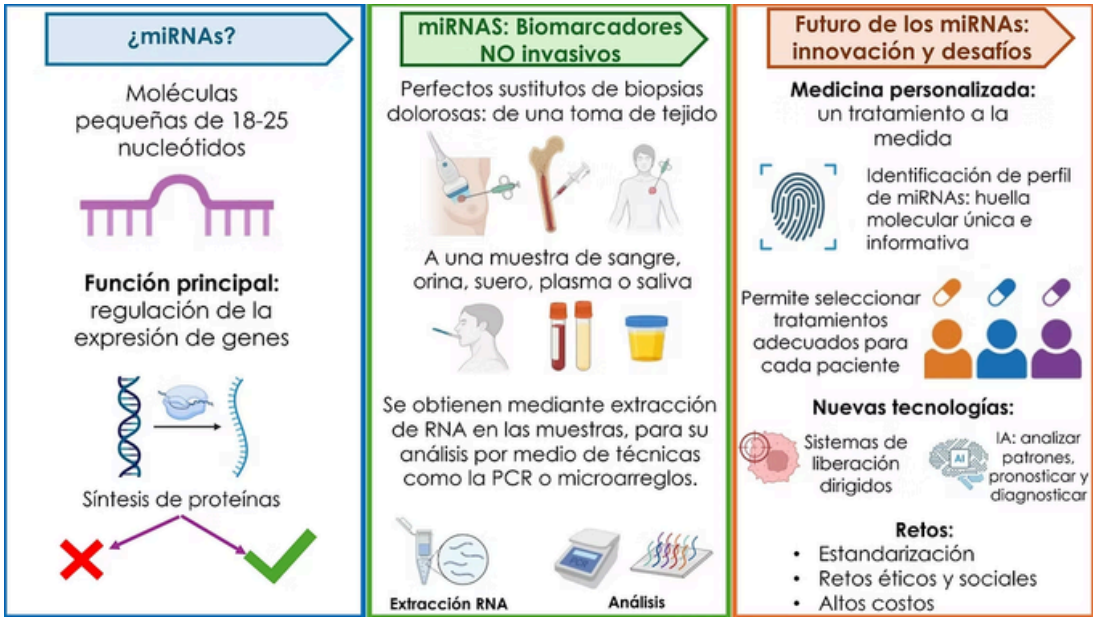


Figura 1. Esquema general de los microRNAs (miRNAs), pequeñas moléculas de RNA que regulan la expresión de genes y participan en diversos procesos celulares. La imagen resume su función biológica, su uso como biomarcadores no invasivos detectables en muestras como sangre, saliva u orina, y su potencial en la medicina personalizada mediante nuevas tecnologías de diagnóstico y tratamiento. También se destacan algunos de los principales retos para su aplicación clínica, como la estandarización y los costos asociados.

2. Del descubrimiento a la medicina

El primer microRNA conocido fue llamado lin-4 y se identificó en el gusano Caenorhabditis elegans. En ese momento, este hallazgo resultó inesperado, ya que se pensaba que el control de la actividad de los genes dependía casi exclusivamente de las proteínas. Sin embargo, el descubrimiento de los miRNAs demostró que estas moléculas también podían desempeñar un papel clave en este proceso.

Posteriormente, se descubrió otro miRNA llamado let-7, el cual se encuentra conservado en muchas especies incluyendo a los humanos, lo que permitió comprender mejor manera el papel de los miRNAs en el control de la actividad genética (Hammond, 2015).

Estos descubrimientos ampliaron el conocimiento sobre los miRNAs y mostraron que participan en múltiples procesos biológicos. Se ha observado que alteraciones en su cantidad o funcionamiento están relacionadas con diversas enfermedades. En el caso del cáncer, algunos miRNAs pueden encontrarse en niveles elevados o disminuidos, influyendo en procesos como el crecimiento y la muerte celular (Hammond, 2015).

Actualmente, su estudio se ha impulsado por tecnologías que permiten analizarlos de manera más rápida y precisa. Esto ha llevado a identificar patrones de expresión característicos, es decir, combinaciones de miRNAs asociadas con ciertas enfermedades.

Estos avances han sido fundamentales para trasladar el estudio de los miRNAs del laboratorio a la práctica médica, donde hoy en día se investigan como herramientas para el diagnóstico y tratamiento de diversas enfermedades.

2.1 Los miRNAs como señales en sangre y tejidos

Un biomarcador es una molécula específica relacionada con enfermedades o procesos normales de la célula, la cual puede medirse en diferentes muestras biológicas como sangre, suero y tejidos (Wu et al., 2021). Un ejemplo es la glucosa en sangre, utilizada para el diagnóstico de la diabetes.

10.5281/zenodo.21206616

Los miRNAs han sido considerados buenos indicadores de alteraciones en el organismo, ya que participan en procesos como la división y la muerte celular. Cuando estos procesos se alteran, también cambian los niveles de ciertos miRNAs, como ocurre en enfermedades como el cáncer (Baylie et al., 2024). Por ejemplo, el miR-21 es uno de los miRNAs más estudiados, ya que suele encontrarse en niveles elevados en distintos tipos de cáncer, como el de mama, colon y páncreas. Otros miRNAs también se han relacionado con diversas enfermedades, incluyendo trastornos cardiovasculares y neurológicos, donde sus niveles pueden ayudar a detectar la enfermedad y evaluar su evolución o la respuesta al tratamiento (Martino et al., 2025).

En conjunto, estas características hacen que los miRNAs sean candidatos prometedores para el desarrollo de estrategias de diagnóstico más tempranas, precisas y menos invasivas.

2.2 De la muestra al resultado: cómo se estudian

El estudio de los miRNAs comienza con la obtención de una muestra, que puede ser de tejido o de fluidos como la sangre. Posteriormente, se realiza una extracción de ARN y se analizan estas moléculas mediante técnicas de biología molecular, como la PCR (reacción en cadena de la polimerasa) en tiempo real y los microarreglos, que permiten identificar qué miRNAs están presentes y en qué cantidad.

Esto permite obtener un perfil de expresión de miRNAs, el cual muestra cuáles se encuentran aumentados o disminuidos en ciertas condiciones. Al comparar estos perfiles entre personas sanas y enfermas, es posible identificar biomarcadores o detectar enfermedades (Naranbat et al., 2025). De forma sencilla, este perfil puede compararse con un patrón de “crestas” (sobreexpresión) y “valles” (baja expresión), como una llave asociada a una cerradura específica (salud o enfermedad).

El uso de estas técnicas tiene varias ventajas, como la posibilidad de detectar miRNAs en distintos fluidos, lo que permite análisis poco invasivos (Ho et al., 2022). Además, son moléculas relativamente estables y sensibles, por lo que sus cambios pueden detectarse antes de que aparezcan síntomas clínicos, e incluso reflejar la evolución de ciertas enfermedades (Pozniak et al., 2022).

Sin embargo, también existen limitaciones. Actualmente no hay paneles completamente estandarizados para cada enfermedad, y un mismo miRNA puede participar en múltiples procesos biológicos, lo que dificulta su interpretación. Además, aún no existe un protocolo completamente estandarizado para su aislamiento, almacenamiento y detección, lo que puede generar variaciones entre estudios (Pozniak et al., 2022).

3. Terapias en desarrollo

Los miRNAs, además de servir como biomarcadores, también pueden utilizarse como herramientas terapéuticas, ya que controlan la actividad de múltiples genes y, al modificar su funcionamiento, es posible influir en distintos procesos celulares (Fu et al., 2021).

Estas estrategias buscan restablecer un equilibrio en sus niveles. Cuando un miRNA se encuentra disminuido, se utilizan moléculas sintéticas que imitan su acción, conocidas como miRNAs miméticos. Este enfoque se ha estudiado principalmente en miRNAs con función supresora de tumores, los cuales suelen estar reducidos en ciertos tipos de cáncer (Bravo-Vázquez et al., 2023).

Por otro lado, cuando un miRNA se encuentra en niveles elevados, se emplean moléculas diseñadas para bloquear su actividad, conocidas como antagomiRs. Estas se unen al miRNA e impiden que continúe afectando a sus genes blanco, siendo útiles en el caso de los oncomiRs, es decir, miRNA que promueven el desarrollo del cáncer al favorecer el crecimiento celular (Fu et al., 2021).

Estas estrategias se han estudiado principalmente en cáncer, donde los miRNAs participan en procesos como el crecimiento, la muerte celular y la diseminación tumoral. Sin embargo, también se han explorado en otras enfermedades, como trastornos cardiovasculares e infecciones virales.

Aunque estos enfoques aún se encuentran en desarrollo, representan una alternativa prometedora, ya que permiten actuar de manera más específica sobre los mecanismos que originan las enfermedades.

3.1 Hacia la medicina personalizada

Cada paciente tiene un perfil de miRNAs único, que funciona como una "huella molecular" de su enfermedad, ya que refleja factores como su agresividad y la forma en que podría responder a distintos tratamientos (Condrat et al., 2020). Esto permite elegir terapias más adecuadas para cada persona, favoreciendo una medicina personalizada.

Los miRNAs regulan redes complejas de genes, lo que permite captar procesos como la proliferación y la muerte celular, así como la respuesta a fármacos. Por ello, el perfil de miRNAs puede distinguir entre distintos tipos de cáncer y diferenciar con alta precisión entre tejido sano y tumoral (Detassis et al., 2017).

Además, estos perfiles permiten anticipar la respuesta a tratamientos o identificar posibles resistencias. En cáncer, por ejemplo, algunos perfiles se asocian con resistencia a la quimioterapia, mientras que otros se relacionan con una mejor respuesta (Detassis et al., 2017).

Sin embargo, los miRNAs no actúan por sí solos. Su potencial aumenta al combinarse con información genética y clínica. Mientras que los datos genéticos identifican cambios en el ADN, los miRNAs reflejan el estado funcional de las células.

Por ejemplo, pequeñas variaciones en el material genético pueden modificar la interacción de los miRNAs con sus genes blanco, influyendo en la respuesta a los tratamientos. Al integrar esta información, es posible desarrollar modelos más precisos para predecir la evolución de la enfermedad y la eficacia terapéutica, fortaleciendo la medicina personalizada con apoyo de la inteligencia artificial (Quang & Nguyen, 2024).

3.2 Nuevas tecnologías al servicio de los miRNAs

Las nuevas tecnologías han impulsado el uso de miRNAs en la medicina personalizada mediante sistemas de liberación dirigidos. Estos sistemas utilizan nanopartículas, estructuras extremadamente pequeñas que protegen y transportan los miRNAs hacia células específicas, mejorando su eficacia y reduciendo su degradación antes de llegar a su sitio de acción.

Estas nanopartículas pueden ser de distintos tipos, como lipídicas o poliméricas, y están diseñadas para encapsular los miRNAs, facilitar su entrada a las células y liberar su contenido en el interior celular. Además, pueden modificarse para dirigirse a células tumorales mediante el reconocimiento de receptores sobreexpresados, aumentando la concentración del tratamiento en el tumor y reduciendo efectos en tejidos sanos (Kara et al., 2022).

El uso de inteligencia artificial ha permitido aprovechar mejor la información contenida en los perfiles de miRNAs, ya que puede identificar patrones complejos a partir de grandes volúmenes de datos que no serían evidentes mediante análisis tradicionales (Kara et al., 2022).

Un ejemplo de ello es el trabajo de nuestro grupo de investigación, en el que se analizó un conjunto de miRNAs en pacientes mexicanas de la frontera México–Estados Unidos con endometriosis, utilizando modelos de aprendizaje automático. Al combinar múltiples miRNAs en un mismo modelo, fue posible distinguir entre pacientes con y sin la enfermedad con una alta precisión, alcanzando valores cercanos al 99% (Alday-Montañez et al., 2025).

Estos resultados demuestran que no es un solo miRNA el que aporta la información, sino el patrón completo de expresión, que puede utilizarse para mejorar el diagnóstico y el pronóstico de distintas enfermedades (Alday-Montañez et al., 2025).

10.5281/zenodo.21206616

4. Retos éticos y sociales

El uso de datos moleculares en la medicina personalizada, como los perfiles de miRNAs, plantea importantes retos éticos, ya que se trata de información detallada y sensible que requiere proteger la privacidad de los pacientes y asegurar que comprendan cómo se utilizarán sus datos. Sin embargo, debido a su complejidad, no siempre es fácil entender completamente los riesgos y beneficios, lo que puede dificultar la toma de decisiones informadas (Santaló & Berdasco, 2022).

Por otro lado, garantizar la seguridad de los datos y mantener la confianza de los pacientes es un aspecto clave. Para ello, se han propuesto nuevas formas de consentimiento más flexibles, que permitan a las personas tener mayor control sobre su información a lo largo del tiempo.

Asimismo, existe preocupación por el posible uso indebido de los datos, por ejemplo, por parte de aseguradoras o empleadores, lo que podría generar situaciones de discriminación. También se ha señalado que estas tecnologías podrían aumentar las desigualdades en salud, ya que no todas las personas tienen acceso a estudios avanzados o tratamientos personalizados (Santaló & Berdasco, 2022).

5. Perspectivas

El estudio de los miRNAs sigue en constante evolución y, junto con su aplicación en la práctica clínica, representa uno de los principales enfoques de la medicina moderna. A medida que se desarrollen tecnologías más precisas para su detección y sistemas de liberación más eficientes, será posible mejorar su uso tanto en el diagnóstico temprano como en el tratamiento de diversas enfermedades.

La combinación de perfiles de miRNAs con herramientas como la inteligencia artificial y el análisis multi-ómico, es decir, el estudio conjunto de diferentes tipos de información biológica como genes, proteínas y otras moléculas, permitirá una comprensión más profunda de los procesos biológicos, favoreciendo el desarrollo de estrategias terapéuticas más específicas y efectivas. En este contexto, la medicina personalizada podría beneficiarse del uso de estas moléculas, permitiendo adaptar los tratamientos a las necesidades de cada paciente.

Finalmente, para que estos avances puedan implementarse de manera generalizada, será necesario superar desafíos como la estandarización de técnicas, la reducción de costos y la garantía de un acceso equitativo a estas tecnologías. Por ello, será fundamental fortalecer los marcos éticos y regulatorios que aseguren un uso responsable de la información molecular.

6. Bibliografía

Alday-Montañez, F. D., Lariz-Nevárez, B. D., Carrasco-Urrutia, V. J., Dickens-Terrazas, D., Barragán-Farías, A., Mejía-Carmona, G. E., Kirken, R. A., Bencomo-Alvarez, A. E., Lobo-Galo, N., Vargas-Caraveo, A., Díaz-Sánchez, Á. G., Robles-Escajeda, E., & Martínez-Martínez, A. (2025). miRNA expression haplotype in Hispanics with endometriosis. *Frontiers in Reproductive Health*, *7*. https://doi.org/10.3389/frph.2025.1663755

Baylie, T., Kasaw, M., Getinet, M., Getie, G., Jemal, M., Nigatu, A., Ahmed, H., & Bogale, M. (2024). The role of miRNAs as biomarkers in breast cancer. In *Frontiers in Oncology* (Vol. 14). https://doi.org/10.3389/fonc.2024.1374821

Bravo-Vázquez, L. A., Méndez-García, A., Rodríguez, A. L., Sahare, P., Pathak, S., Banerjee, A., Duttaroy, A. K., & Paul, S. (2023). Applications of nanotechnologies for miRNA-based cancer therapeutics: current advances and future perspectives. In *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* (Vol. 11). https://doi.org/10.3389/fbioe.2023.1208547

Condrat, C. E., Thompson, D. C., Barbu, M. G., Bugnar, O. L., Boboc, A., Cretoiu, D., Suciu, N., Cretoiu, S. M., & Voinea, S. C. (2020). MiRNAs as biomarkers in disease: Latest findings regarding their role in diagnosis and prognosis. In *Cells* (Vol. 9, Number 2). Multidisciplinary Digital Publishing Institute (MDPI). https://doi.org/10.3390/cells9020276

Detassis, S., Grasso, M., Del Vescovo, V., & Denti, M. A. (2017). microRNAs make the call in cancer personalized medicine. In *Frontiers in Cell and Developmental Biology* (Vol. 5, Number SEP). Frontiers Media S.A. https://doi.org/10.3389/fcell.2017.00086

Diener, C., Keller, A., & Meese, E. (2022). Emerging concepts of miRNA therapeutics: from cells to clinic. In *Trends in Genetics* (Vol. 38, Number 6, pp. 613–626). Elsevier Ltd. https://doi.org/10.1016/j.tig.2022.02.006

Fu, Z., Wang, L., Li, S., Chen, F., Au-Yeung, K. K. W., & Shi, C. (2021). MicroRNA as an Important Target for Anticancer Drug Development. In *Frontiers in Pharmacology* (Vol. 12). Frontiers Media S.A. https://doi.org/10.3389/fphar.2021.736323

Hammond, S. M. (2015). An overview of microRNAs. In *Advanced Drug Delivery Reviews* (Vol. 87, pp. 3–14). Elsevier B.V. https://doi.org/10.1016/j.addr.2015.05.001

Ho, P. T. B., Clark, I. M., & Le, L. T. T. (2022). MicroRNA-Based Diagnosis and Therapy. *International Journal of Molecular Sciences*, *23*(13), 7167. https://doi.org/10.3390/ijms23137167

Kara, G., Calin, G. A., & Ozpolat, B. (2022). RNAi-based therapeutics and tumor targeted delivery in cancer. In *Advanced Drug Delivery Reviews* (Vol. 182). Elsevier B.V. https://doi.org/10.1016/j.addr.2022.114113

Martino, M. T. Di, Tagliaferri, P., & Tassone, P. (2025). MicroRNA in cancer therapy: breakthroughs and challenges in early clinical applications. In *Journal of Experimental and Clinical Cancer Research* (Vol. 44, Number 1). https://doi.org/10.1186/s13046-025-03391-x

Naranbat, D., Herdes, E., Tapinos, N., & Tripathi, A. (2025). Review of microRNA detection workflows from liquid biopsy for disease diagnostics. In *Expert Reviews in Molecular Medicine* (Vol. 27). Cambridge University Press. https://doi.org/10.1017/erm.2025.2

Pérez-Mora, S., Cedeño-Arboleda, G. E., Reyes-Vidal, I., López-Parra, I., Gómez-López, R., Pérez-Gómez, R., Gómez-García Maria delC;, & Pérez-Ishiwara, D. G. (2023). MicroRNAs in Cancer: Small Molecules, Big Implications. *American Journal of Biomedical Science & Research*, *19*(6), 752–753. https://doi.org/10.34297/AJBSR.2023.19.002650

Pozniak, T., Shcharbin, D., & Bryszewska, M. (2022). Circulating microRNAs in Medicine. *International Journal of Molecular Sciences*, *23*(7), 3996. https://doi.org/10.3390/ijms23073996

Quang, M. T., & Nguyen, M. N. (2024). The potential of microRNAs in cancer diagnostic and therapeutic strategies: a narrative review. *The Journal of Basic and Applied Zoology*, *85*(1). https://doi.org/10.1186/s41936-024-00360-2

Santaló, J., & Berdasco, M. (2022). Ethical implications of epigenetics in the era of personalized medicine. In *Clinical Epigenetics* (Vol. 14, Number 1). BioMed Central Ltd. https://doi.org/10.1186/s13148-022-01263-1

Wu, Y., Li, Q., Zhang, R., Dai, X., Chen, W., & Xing, D. (2021). Circulating microRNAs: Biomarkers of disease. *Clinica Chimica Acta*, *516*, 46–54. https://doi.org/10.1016/j.cca.2021.01.008

Sobre los autores

Alejandra Arredondo Esparza. Estudiante próxima a egresar del programa de Licenciatura en Biotecnología en la Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Está trabajando con lipopolisacáridos en un contexto químico e inmunológico.

Flor Daniela Alday-Montañez. Candidata a Doctora en Ciencias Químico-Biológicas por la Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Investiga el miRNAoma en cáncer de mama y endometriosis.

Alejandro Martínez-Martínez. Profesor-Investigador de la Universidad Autónoma de Ciudad Juárez. Departamento de Ciencias Químico-Biológicas. Biomedicina Traslacional. Investiga el estrés oxidante derivado del estrés anímico, así como la Biología Molecular del Cáncer y otras enfermedades femeninas. Agradecimiento a SECIHTI (CBF2023-2024-4026). “Ampliando el paradigma endócrino: microRNoma en el diagnóstico y tratamiento de la endometriosis. Un cambio ideológico y social en la percepción del dolor menstrual”.

Elisa Robles-Escajeda. Investigadora del "Border Biomedical Research Center and Department of Biological Sciences, The University of Texas at El Paso, El Paso, TX, USA.". Biomedicina traslacional y exploración de correlatos socioconductuales del riesgo metabólico e inflamatorio a lo largo de la frontera entre Estados Unidos y México, incluido el Cáncer.

Cita:

Arredondo Esparza, A., Alday-Montañez, F. D., Martínez-Martínez, A., & Robles-Escajeda, E. (2026). MicroRNAs en la práctica médica: pasado, presente y retos futuros en la medicina de precisión. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 1–7. https://doi.org/10.5281/zenodo.21206616



Xenoparidad: una madre capaz de engendrar dos especies diferentes para sobrevivir

Mercedes Gorette Solís Lucero
Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.

Foto: imv a través de canva

Tema

¿Puede una especie producir individuos de otra especie? La hormiga *Messor ibericus* lo hace generando machos de *Messor structor* dentro de su ciclo reproductivo, mediante una combinación inédita, extremadamente rara y compleja de mecanismos conocidos, difuminando el límite entre especies sin transformar una en otra.

1.Introducción

¿Qué pensaríamos si hoy, en un lugar remoto, una mujer pariera un neandertal? Parecería algo imposible, debido a que no hay ningún neandertal en nuestros días y porque las mujeres humanas solo engendran humanos. Así de impactante fue el descubrimiento realizado por un equipo de 18 científicos cuyos líderes pertenecen a la Universidad de Montpellier de Francia que buscaron resolver un misterio reportado en estudios previos que sugerían que dentro de las colonias de hormigas del género *Messor* existían obreras que eran mezclas de especies (híbridos), tanto en zonas donde conviven como donde no. La curiosidad llevó al equi

po científico a preguntarse cómo era posible que esto ocurriera.

2.Una madre para dos especies

Para abordar la pregunta, los investigadores realizaron trabajo de campo para recolectar reinas y obreras de cinco especies del género *Messor*, y posteriormente, enviaron analizar el ADN (ácido desoxirribonucleico). El análisis mostró que cuatro de las especies estudiadas no participaron en la hibridación y demostró que solo las obreras de las colonias de *M. ibericus* son, en realidad, una mezcla de esta especie y de *M. structor*. Para descartar que esta mezcla fuera el resultado de una mezcla antigua y diluida, se analizó el ADN de dos componentes celulares clave: la mitocondria y el núcleo. El ADN de las mitocondrias solo se heredan de la madre, por lo que, al comparar el ADN mitocondrial y nuclear, se puede saber quiénes son los padres y en qué madre se produjo. Todas las obreras colectadas habían heredado el ADN de las mitocondrias de

M. ibericus y, una mezcla casi en igual proporción del ADN de *M. ibericus* y de *M. structor* dentro del núcleo celular, es decir, son hijas de madre *M. ibericus* y padre *M. structor* (híbridos de primera generación o F1). Esto implica que *M. ibericus* no produce obreras de su propia especie, sino que necesita de *M. structor* para generarlas. Anteriormente, ya se habían reportado casos de hormigas que hibridan sus obreras apareándose con machos de otra especie, un fenómeno conocido como parasitismo espermático (Umphrey, 2006), pero este caso tenía algo especial: había zonas del sur de Europa donde está presente *M. ibericus* pero no hay colonias de *M. structor* y aun así las obreras son híbridos de ambas especies.

¿Cómo podía *M. ibericus* producir híbridos sin colonias de *M. structor* cerca, incluso estando separadas por 1000 km? La respuesta debía estar presente en los machos de las colonias de *M. ibericus*. Así, se colectaron algunos de estos machos y se estudiaron tanto por su aspecto como por su ADN. Los investigadores encontraron dos tipos de machos: unos con muchos filamentos densos semejantes a pelos correspondientes a *M. ibericus*, y otros casi sin estos, pertenecientes a *M. structor* (Fig. 1). El análisis de ADN evidenció que todos los machos poseían el ADN mitocondrial de la reina, mientras que el ADN nuclear correspondía completamente a una u otra especie, por lo tanto, la reina debía estar produciendo ambas especies

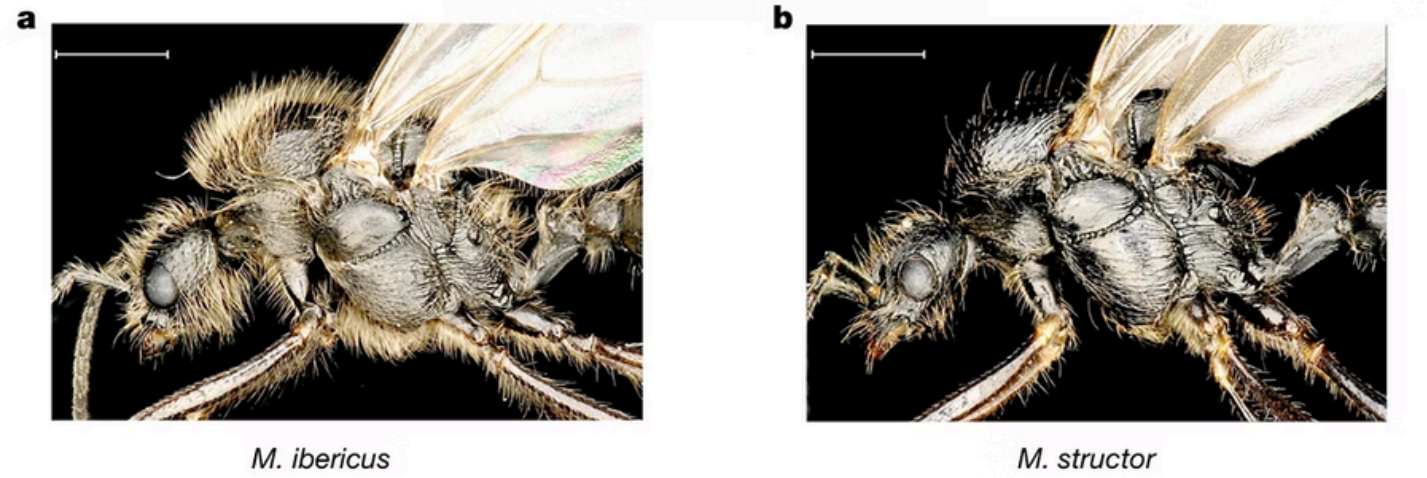


Figura 1. Machos encontrados en las colonias de *M. ibericus*. Fotografías de a, *M. ibericus* y de b, *M. structor*. Adaptado de Juvé et al., Nature (2025), bajo licencia CC BY.

dentro de la misma colonia. Esta conclusión se refuerza al confirmar que los machos de *M. structor* provenientes de colonias propias de su especie, a las que llamaremos silvestres, en ningún caso poseen ADN mitocondrial de M. ibericus. Además, los machos de M. structor nacidos en las colonias de M. ibericus difieren ligeramente en apariencia de los machos silvestres de M. structor. Este hallazgo, muestra que el supuesto de que todo organismo vivo procede de otro organismo vivo de su misma especie es menos rígido de lo que pensábamos.

Como señaló el científico y divulgador Carl Sagan, “afirmaciones extraordinarias requieren evidencias extraordinarias”; por ello, ante el descubrimiento, los investigadores buscaron evidencia adicional que lo respaldara.

En el laboratorio crearon colonias experimentales con una sola reina de *M. ibericus* y observaron durante un año y medio a los machos nacidos dentro de la colonia cerrada. Los análisis de ADN confirmaron que, tanto en el laboratorio, donde no entraron machos de afuera ni hubo mezcla de colonias, como en lo observado en la naturaleza, una sola reina produce machos de M. ibericus y también de *M. structor*.

3.Xenoparidad

Los machos "extranjeros" no son híbridos, sino individuos genéticamente similares de la hormiga *M. structor* que nacen de huevos producidos por la reina *M. ibericus.* En las hormigas, la reproducción se basa en un sistema llamado haplodiploidía, que depende del número de conjuntos de cromosomas heredados, es decir, el conjunto de estructuras formadas por el ADN al enrollarse y empaquetarse dentro de la célula. El huevo originalmente contiene una sola copia de cada cromosoma de la reina; si ella no lo fecunda, se desarrolla un macho (haploide = una copia), pero si lo fecunda con esperma, se agrega un segundo conjunto de cromosomas y se desarrolla una hembra (diploide = dos copias), que puede ser obrera o reina. Aunque aún no se sabe a ciencia cierta, se especula que, durante el desarrollo del huevo, los cromosomas de la reina no se utilizan o se reemplazan por los de *M. structor*, que tiene previamente almacenados en su espermateca, que es un órgano donde las reinas guardan el esperma tras el apareamiento y que posteriormente utilizan para fecundar sus huevos. Los machos clonados se aparean con la reina para producir obreras, pero cuando la reina se aparea con los machos de su propia especie produce nuevas reinas.

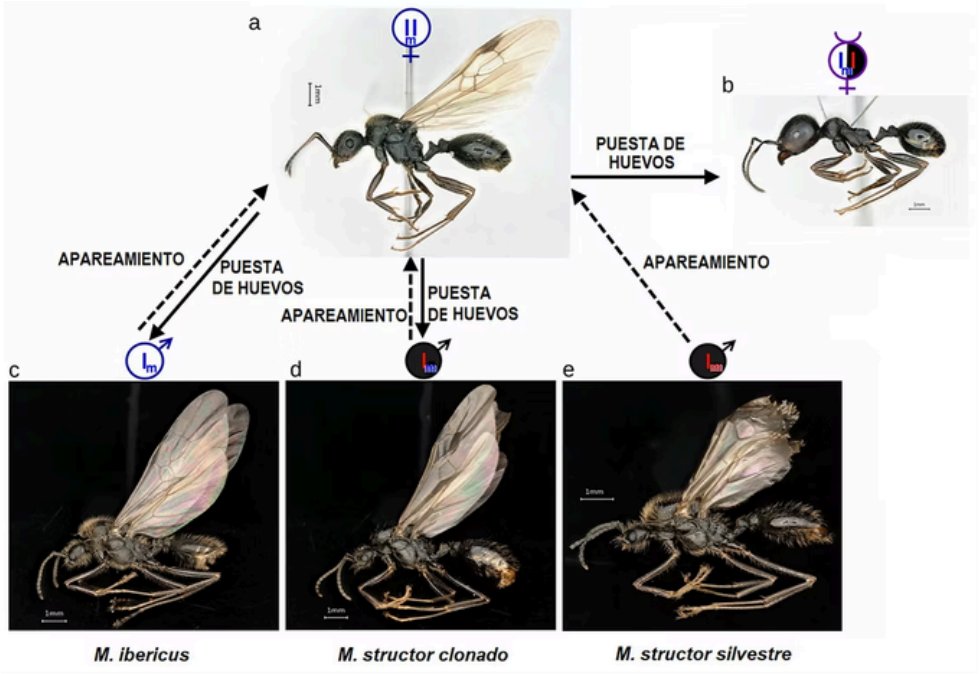


Figura 2. Interacciones en las colonias de *M. ibericus*. Las reinas *M. ibericus* producen machos de diferentes especies con apariencia y genética diferente. Con el esperma de machos *M. ibericus* produce nuevas reinas y con el de *M. structor* obreras. El color rojo representa a *M. ibericus* y el azul a *M. structor*. Los sexos se indican con ♀ (hembra) y ♂ (macho), el conjunto de cromosomas con "I" y las mitocondrias con "m". Fotografías de (a) Reina de *M. ibericus*. (b) *M. ibericus* obrera (híbrida *M. ibericus*/*M. structor*). (c) Macho *M. ibericus*. (d) Macho *M. structor* clonado. (e) *M. structor* silvestre. Adaptado de Juvé et al., Nature (2025), bajo licencia CC BY.

En resumen, con los espermas de ambas especies guardados en la espermateca, la reina es capaz de producir machos y reinas de *M. ibericus*, machos clonados de *M. structor* y obreras híbridas de ambas especies (Fig. 2).

El que la reina pueda utilizar sus huevos para clonar a *M. structor,* no surgió espontáneamente. Más bien, los investigadores lo interpretan como un posible caso extremo de "parasitismo de óvulo", asociado a la androgénesis. En este mecanismo, el óvulo proporciona lo necesario para el desarrollo del embrión, pero la descendencia hereda el ADN nuclear exclusivamente, o casi, del padre.

El resultado es un organismo masculino "clonado" o "casi idéntico" a partir del linaje paterno.

La reproducción androgenética es extremadamente rara en la naturaleza y, hasta donde se sabe, ocurre entre miembros de la misma especie (incluyendo al menos tres especies de hormigas). Sin embargo, se han reportado excepciones entre especies estrechamente emparentadas y compatibles, de algunas almejas de agua dulce del género *Corbicula* (Hedtke et al., 2008) y en la conífera *Cupressus dupreziana* (Pichot et. al., 2001). No obstante, todo indica que se trata

de eventos raros y oportunistas, favorecidos porque estas especies liberan gametos (células reproductoras) al ambiente, donde pueden encontrarse y fertilizar óvulos de linajes compatibles.

Lo innovador del sistema de reproducción de *M. ibericus* es que no parece ser un fenómeno accidental, sino que es evolutivamente estable y obligatorio para su supervivencia. Al ser la primera vez que se registra este fenómeno, los científicos propusieron denominarlo xenoparidad (xeno, que significa ajeno, extraño o diferente, y paridad, que significa producir, dar origen o dar a luz) y lo definieron como la necesidad de propagar el genoma de otra especie mediante sus propios huevos, y a las hembras xenóparas como aquellas que necesitan producir individuos de otra especie como parte del ciclo de vida.

Con el propósito de comprender cómo ocurrieron las cosas en el pasado, se realizaron análisis complementarios. El análisis del ADN permitió construir un árbol filogenético, similar a un árbol familiar genealógico pero de especies, donde las ramas muestran cómo están relacionadas las especies y si existe un ancestro común. El árbol del estudio mostró que *M. ibericus* y *M. structor* compartieron un ancestro en común y que aparecen en ramas lo suficientemente separadas como para pensar que no se podrían mezclar fácilmente y mucho menos para estar vinculadas en un sistema reproductivo tan complejo. Además, estimaron que estas especies se separaron de su ancestro común hace unos 5 millones de años y evolucionaron por caminos distintos hasta convertirse en las dos especies actuales (lo que se conoce como especiación).

4. *Messor ibericus* domesticó a *Messor structor*

Continuando con los análisis de ADN, se estudiaron obreras pertenecientes a múltiples poblaciones de *M. ibericus*, seleccionadas de zonas donde ambas especies conviven y de otras donde no. En las zonas donde ambas especies coexisten, se observó que la gran mayoría de las obreras eran hijas de machos clonados pero unas cuantas eran hijas de *M. structor* silvestre. En cambio, en las zonas donde no había colonias de *M. structor*, todas las obreras eran hijas de machos de *M. structor* producidos dentro de las colonias de *M. ibericus*. Esto quiere decir que la reina es capaz de aparearse con machos de *M. ibericus* y con los machos de *M. structor* tanto clonados como silvestres (Fig. 2).

Si aún hoy ocurren apareamientos con poblaciones silvestres, es probable que en la antigüedad las colonias de ambas especies hayan convivido en las mismas zonas, dando lugar a apareamientos ocasionales durante los vuelos nupciales, que generaban crías obreras híbridas. Los investigadores sugieren que, al menos inicialmente, esta interacción pudo ser relativamente recíproca (mutualista), pero con el tiempo evolucionó hacia una relación asimétrica que beneficiaba principalmente a *M. ibericus.* Estas obreras híbridas debieron representar una ventaja para la colonia de *M. ibericus*, ya sea por un mayor vigor o porque la reina perdió la capacidad genética de generar hembras por sí misma. Este cambio obligó a *M. ibericus* a depender de machos *M. structor* cercanos con una clara desventaja; si las especies dejaran de coincidir geográficamente, el sistema colapsaría y *M. ibericus* desaparecería. Pero la “vida se abre camino”, como se menciona en la película Parque Jurásico, y en algún punto, para no depender de colonias externas, las hembras evolucionaron y en lugar de mezclar su ADN, empezaron a producir machos totalmente *M. structor*. Así, el sistema se volvió autosuficiente y las hormigas de *M. ibericus* fueron capaces de colonizar nuevas zonas llevando consigo el linaje de *M. structor.*

Para comprender mejor, los investigadores proponen una analogía con la domesticación que hacemos de plantas y animales silvestres para no depender de la naturaleza, por ejemplo, manteniendo ganado en vez de cazarlo. De manera similar, sugieren que *M. ibericus* “domesticó” el ADN de *M. structor* de forma extrema, pues utiliza sus propios óvulos para obtener organismos “domesticados”. Esta analogía parece apropiada ya que los machos clonados siguen siendo genéticamente *M. structor* pero -

con muy baja diversidad genética y con pequeñas diferencias de apariencia respecto de los silvestres (en la cantidad de pelo y en la forma del tórax), lo cual es similar a lo que suele suceder en los organismos domesticados por humanos en comparación con sus equivalentes silvestres.

Otra forma de verlo sería comparar este caso, en parte, con la teoría sobre el origen de nuestras mitocondrias. Se cree que hace millones de años una bacteria fue engullida por otra célula y, en lugar de ser digerida, estableció una relación de simbiosis, es decir, una asociación estrecha entre organismos de diferentes especies en la que al menos uno de ellos se beneficia. Con el tiempo, la relación se volvió indispensable para el funcionamiento del organismo, dando origen a las mitocondrias, que siguen reproduciéndose sin perder su origen genético. Esta visualización solo sirve para darnos una idea, porque en la xenoparidad los machos clonados siguen siendo cuerpos libres, pero con el genoma integrado y mantenido dentro del sistema reproductivo de otra especie sin que haya una fusión completa entre ambas.

5. Implicaciones de la xenoparidad

La investigación completa fue publicada en la revista Nature (Juvé et al., 2025) y reporta por primera vez una especie que es capaz de producir individuos genéticamente equivalentes a otra especie mediante la clonación del genoma ajeno en su propio sistema reproductivo.

La clonación masculina podría cumplir una función ecológica relevante al favorecer el mantenimiento y la expansión de linajes exitosos en ambientes favorables, e incluso podría beneficiar potencialmente a poblaciones invasoras (Schwander & Oldroyd, 2016). En el caso de *M. ibericus*, la xenoparidad podría haber facilitado la expansión de su distribución sin depender de colonias de *M. structor* cercanas, con importantes implicaciones evolutivas y ecológicas.

Los miembros del género *Messor* desempeñan un papel ecológico importante en la dispersión y selección de semillas. Forman parte de las “hormigas cosechadoras” o granívoras, que recolectan semillas y otros materiales vegetales para almacenarlos en complejos nidos subterráneos. Su actividad es tan relevante que muchas veces se les considera “ingenieras del ecosistema”, ya que alteran la distribución de plantas y nutrientes, crean zonas despejadas alrededor del nido y remueven y airean el suelo.

Las hormigas *Messor* son comunes en regiones cálidas y secas del mediterráneo, Oriente Medio y Asia central, mientras que prácticamente no existen de forma nativa en América ni en Australia. Allí, su rol ecológico es ocupado por otros géneros, como *Pogonomyrmex* y *Melophorus*, respectivamente. En Norteamérica, en las regiones áridas y semiáridas del sur de Estados Unidos y el norte de México, los géneros *Veromessor* y *Novomessor* (con diez y tres especies respectivamente) ocupan un papel ecológico más parecido a *Messor*. En México, algunas especies se distribuyen en la península de Baja California y Sonora (Borowiec et al., 2026; Johnson et al., 2022).

Es curioso mencionar que hasta 2015 *Veromessor* fue considerado sinónimo de *Messor*. Ambos géneros comparten características anatómicas y ecológicas que generaron la confusión. No obstante, árboles filogenéticos mostraron que en realidad se trata de géneros emparentados que comparten un ancestro común (Ward et al., 2015).

Otro caso es el género *Novomessor* (literalmente “nuevo *Messor*”), que presenta similitudes con *Messor* y *Veromessor,* por sus adaptaciones para vivir en el desierto, pero que está más alejado evolutivamente de estos según estudios filogenéticos (Ward et al., 2015). ¿Será posible que dentro de alguna de estas poblaciones vivan reinas xenóparas? ¿Existirán otros organismos en el mundo, tal vez otros insectos sociales, que presentan este fenómeno y que aún no hayan sido detectados

debido a la rareza y complejidad de este tipo de sistema reproductivo?

Falta mucha investigación por hacer para entender la xenoparidad. Cuando se obtenga ese conocimiento, podría comprenderse mejor su importancia ecológica e inspirar nuevas ideas sobre clonación avanzada o incluso sobre reprogramación celular para su aprovechamiento biotecnológico. Mientras tanto, este descubrimiento nos deja pensando, ¿existen otras formas de reproducción que no hemos imaginado?.

6. Literatura citada

Borowiec, M.L., Eskew, S.L., Noble-Stuen, A., Williams, J.L. Johnson, R.A. (2026). Evolution of the North American seed-harvester ant genus *Veromessor* (Hymenoptera: Formicidae). *Systematic Entomology*, *51*(1), e70002. https://doi.org/10.1111/syen.70002

Hedtke, S. M., Stanger-Hall, K., Baker, R. J. & Hillis, D. M. (2008). All-male asexuality: origin and maintenance of androgenesis in the asian clam *Corbicula*, *Evolution*, 62(5), 1119–1136. https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.2008.00344.x

Juvé, Y., Lutrat, C., Ha, A. et al. (2025). One mother for two species via obligate cross-species cloning in ants. *Nature*, *646*, 372–377. https://doi.org/10.1038/s41586-025-09425-w

Pichot, C., El Maâtaoui, M., Raddi, S. et al. (2001). Surrogate mother for endangered Cupressus. *Nature*, *412*, 39. https://doi.org/10.1038/35083687

Schwander, T., & Oldroyd, B. P. (2016). Androgenesis: Where males hijack eggs to clone themselves. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 371 (1706), 20150534. https://doi.org/10.1098/rstb.2015.0534

Umphrey, G. J. (2006). Sperm parasitism in ants: selection for interspecific mating and hybridization. *Ecology*, 87(9), 2148–2159. https://doi.org/10.1890/0012-9658(2006)87[2148:spiasf]2.0.co;2

Ward, P. S., Brady, S. G., Fisher, B. L. & Schultz, T. R. (2015). The evolution of myrmicine ants: phylogeny and biogeography of a hyperdiverse ant clade (Hymenoptera: Formicidae). *Systematic Entomology*, *40*: 61-81. https://doi.org/10.1111/syen.12090

Sobre el autor:

La autora es doctora en ciencias con orientación en biotecnología. Su área de investigación se centra en el desarrollo de inmunotecnologías para la detección, prevención y tratamiento de enfermedades.

Cita:

Solís Lucero, M. G. (2026). Xenoparidad: una madre capaz de engendrar dos especies diferentes para sobrevivir. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 8–13. https://doi.org/10.5281/zenodo.21206706

Desarrollo biotecnológico y obstáculos en el cultivo de especies de pepinos de mar del la Península de Baja California: Enfoque en *Isostichopus fuscus*, *Holothuria inornata*, *Holothuria paraprinceps*, *Holothuria impatiens* y *Apostichopus californicus*

Felipe Ascencio
Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.
ascencio@cibnor.mx

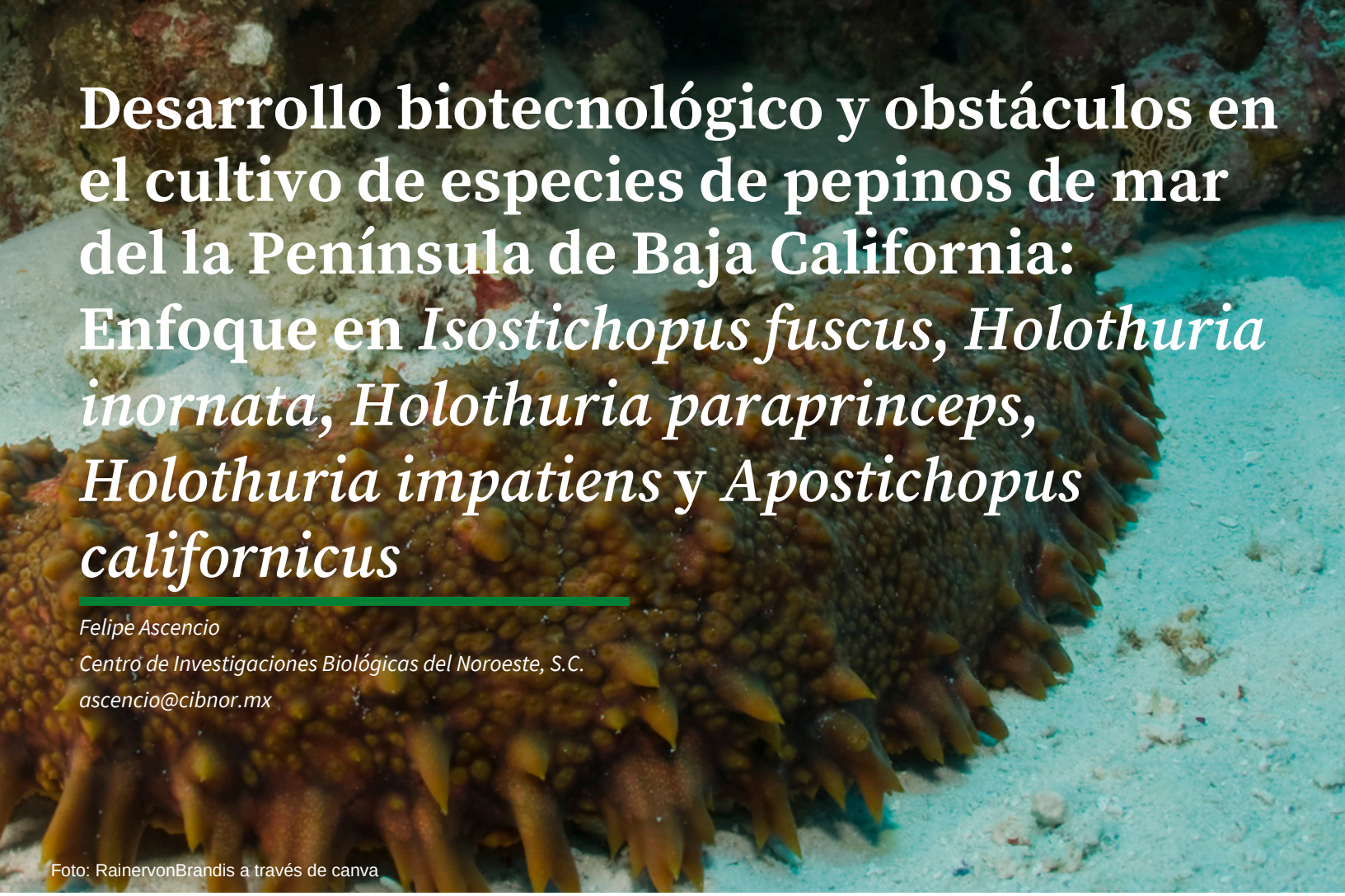


Foto: RainervonBrandis a través de canva

Tema

A pesar de que la biotecnología ha revolucionado la acuicultura del pepino de mar en ciertas especies modelo, aún existen significativas lagunas de conocimiento que deben ser abordadas para alcanzar un cultivo sostenible a gran escala, particularmente en las principales especies de pepinos de mar de la Península de Baja California. Aunque se ha avanzado considerablemente en la comprensión de las enfermedades de ulceración cutánea en pepinos de mar, especialmente *A. japonicus* y *H. scabra*, y de los síndromes asociados a Vibrio, persiste una necesidad urgente de investigar de manera específica las especies menos estudiadas, como *I. fuscus* y diversas especies de *Holothuria*, especialmente en lo que concierne a la etiología multifactorial y a las estrategias de intervención sostenibles.

1. Introducción

Los pepinos de mar (Clase *Holothuroidea*) son invertebrados que habitan en diversos sustratos del fondo marino, incluyendo rocas, corales muertos, algas, pastos marinos y sedimentos. Desempeñan un papel crucial en los ecosistemas marinos al contribuir a la eliminación del exceso de materia orgánica, reciclar, remineralizar y oxigenar los fondos marinos mediante su alimentación de partículas suspendidas en el agua o en la arena, así como al excretar y enterrarse, lo que beneficia a numerosos organismos. Su distribución abarca todos los mares y océanos, desde las costas hasta las planicies abisales. Sin embargo, sus características biológicas los hacen vulnerables a la sobrepesca, pues son organismos longevos, con limitada movilidad y forman "parches" de individuos, lo que facilita su recolección en aguas someras (Rivera-Téllez et al., 2021).

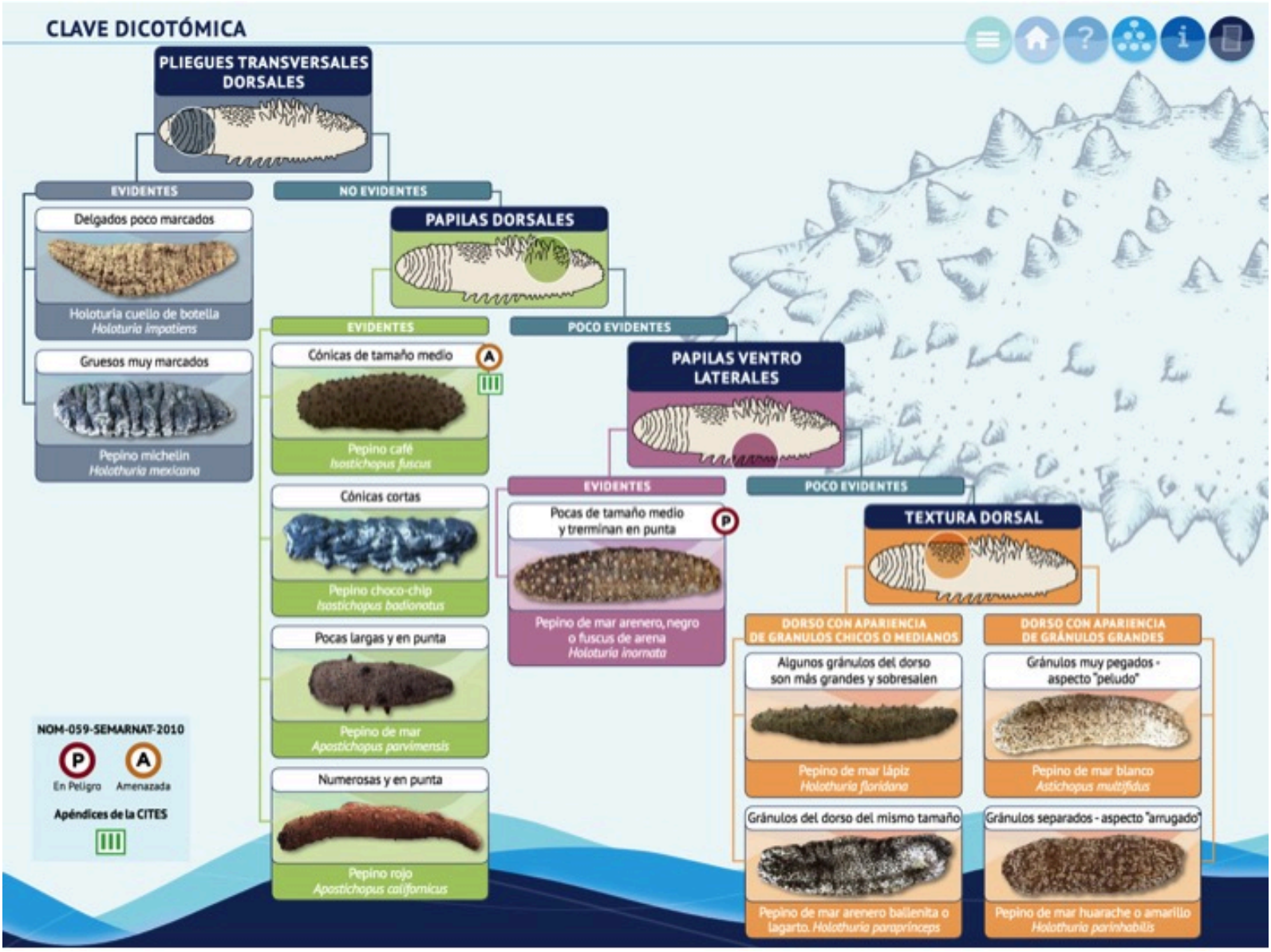


Figura 1. Las 11 especies principales de pepinos de mar que se capturan y comercializan en nuestro país, y cuya pesca es regulada por SEMARNAT o SADER-CONAPESCA, dependiendo su estado de protección. En: Guía de identificación de los pepinos de mar de interés comercial en México (Rivera-Téllez et al. 2021).

De las aproximadamente 1800 especies de pepinos de mar descritas a nivel mundial, 113 se encuentran en las cuatro regiones costeras de México: Golfo de California, Océano Pacífico, Golfo de México y Mar Caribe, con la mayor diversidad en el Golfo de California. Actualmente, 11 de estas especies (familias *Stichopodidae* y *Holothuriidae*) son capturadas y comercializadas en el país (Fig. 1), con su pesca regulada por la Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales (SEMARNAT) o la La Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural (SADER) - Comisión Nacional de Acuacultura y Pesca (CONAPESCA), según su estado de protección (Rivera-Téllez et al., 2021). Desafortunadamente, las poblaciones silvestres de muchas especies de pepinos de mar han sido sometidas a sobreexplotación debido al aumento de la demanda del mercado y a la gestión inadecuada de sus pesquerías, a menudo vinculada a la falta de capacidades técnicas y recursos para desarrollar y aplicar regulaciones complejas de manejo. En México, se han observado disminuciones significativas en las poblaciones y capturas de varias especies, como Isostichopus fuscus, *I. badionotus*, *Holoturia floridana* y *Apostichopus parvimensis*, asociadas a la sobrepesca (Tabla 1). Estas especies cuentan actualmente con lineamientos de manejo específicos, que incluyen tallas o pesos mínimos de captura (23 cm para *I. badionotus*, 13 cm para *H. floridana*, 24 cm para *I. fuscus* y 200 gramos de peso eviscerado para *P. parvimensis)* (Rivera-Téllez et al., 2021). Ante esta problemática, la promoción de prácticas acuícolas para el pepino de mar es esencial no

***Tabla 1**. Especies de pepinos de mar (familias Stichopodidae y Holothuriidae) que se comercializan en nuestro país actualmente y que son reguladas por SEMARNAT o SADER-CONAPESCA.*

Distribución en México	Especies y nombres comunes	Estatus de regulación	Autoridad de gestión
Golfo de México y Mar Caribe	*Isostichopus badionotus* Pepino de mar choco-chip, café, ballenato, cuatro caras; chocolate chip sea cucumber	No listadas	CONAPESCA
	Holothuria floridana Pepino de mar lápiz, de Florida; Florida sea cucumber *Astichopus multifidus* Pepino de mar blanco; furry sea cucumber		
	Holothuria mexicana Pepino michelin, negro; donkey dung sea cucumber		
Océano Pacífico	*Apostichopus parvimensisa* Pepino de mar; warty sea cucumber		
	Holothuria parinhabilis Pepino de mar huarache o amarillo; yellow sea cucumber		
Golfo de California y Océano Pacífico	*Apostichopus californicus* Pepino rojo; giant red sea cucumber		
	Holothuria impatiens Holoturia cuello de botella; brown spotted sea cucumber		
	Holothuria paraprinceps Pepino de mar, arenero ballenita o lagarto; sea cucumber		
	Holoturia inornata Pepino de mar arenero, arenero negro o fuscus de arena; sand fuscus	NOM-059 (P)	SEMARNAT
	Isostichopus fuscus Pepino café; brown sea cucumber	NOM-059 (A) CITES Ap. III	

solo para asegurar su aprovechamiento sostenible, sino también para complementar iniciativas ecológicas, como el repoblamiento, con el objetivo de contribuir a la preservación de sus poblaciones naturales.

Los primeros experimentos de engorda con juveniles de pepino de mar en estanques abandonados, utilizados anteriormente para el cultivo de camarón, han demostrado ser una opción prometedora. En México, dado que esta especie está listada en la Norma Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010, su regulación corresponde a la SEMARNAT, a través de la Dirección General de Vida Silvestre, permitiendo su aprovechamiento extractivo bajo el esquema de "Aprovechamiento en Predios de la Federación" mediante Unidades de Manejo para la Conservación de la Vida Silvestre (UMA) o en Predios o Instalaciones que Manejen Vida Silvestre de Forma Confinada (PIMVS). En 2008, se inició la primera producción de juveniles en México a través de una UMA ubicada en Mazatlán, Sinaloa, donde se realizaron pruebas en el desarrollo larvario y en la alimentación básica para mantener organismos sanos en estanquería rústica, logrando resultados óptimos (López-Segurajáuregui, 2021). En 2010 se estableció la primera UMA en Baja California Sur, y en 2011, la Sociedad Cooperativa Piripichi firmó un convenio de colaboración con la Universidad Autónoma de Baja California Sur para desarrollar el proceso de producción de semilla de *Isostichopus fuscus* con fines comerciales y de repoblamiento en áreas sujetas a aprovechamiento en Baja California Sur (Fig. 2) (López-Segurajáuregui et al., 2021).

2. Avances en el desarrollo biotecnológico y obstáculos en el cultivo de pepinos de mar (I. *fuscus*, *H. inornata*, *H. paraprinceps*, *H. impatiens* y *A. californicus*)

En los últimos años, se han logrado avances significativos en la tecnología de biofloc (BFT, por sus siglas en Inglés), el desarrollo de marcadores moleculares (microsatélites y SNP), proyectos de secuenciación del genoma, particularmente para A. japonicus y H. scabra, aplicaciones probióticas para mejorar el crecimiento y la inmunidad, así como el diseño de sistemas de acuicultura multitrófica integrada (IMTA) (Xiao et al., 2024; Liu et al., 2024; Jo et al., 2017; Senff et al., 2021; Liu et al., 2023). No obstante, estos progresos se han concentrado principalmente en un número reducido de especies comercialmente relevantes.

Entre los desafíos comunes en la acuicultura de pepinos de mar se destacan la sobreexplotación de poblaciones silvestres, que compromete la calidad de los reproductores, la sensibilidad ambiental durante las etapas iniciales de vida, el conocimiento limitado sobre los requerimientos nutricionales en fases larvarias y juveniles, la insuficiencia de programas de selección genética debido a la falta de datos genéticos (Liu et al., 2024; Jo et al., 2017), y las lagunas regulatorias en relación con nuevas especies candidatas (González-Wangüemert et al., 2017).

La acuicultura sostenible de pepinos de mar, que incluye especies clave de las costas de la Península de Baja California en el Océano Pacífico y el Golfo de California, como *I. fuscus, H. inornata, H. paraprinceps, H. impatiens* y *A. californicus* (Tabla 1), enfrenta importantes desafíos biotecnológicos a pesar de su elevado valor económico y ecológico. La mayoría de la investigación y los avances tecnológicos se han centrado en unas pocas especies, como *A. japonicus* y *H. scabra*, dejando un progreso



Figura 2. La Sociedad Cooperativa Piripichi firma en 2011 convenio de colaboración con la Universidad Autónoma de Baja California Sur, para desarrollar el proceso de producción de semilla de pepino de mar Isostichopus fuscus para fines comerciales y repoblamiento de áreas sujetas a aprovechamiento en Baja California Sur (López-Segurajáuregui et al, 2021).

limitado para las especies mencionadas anteriormente (Purcell et al., 2012; Zamora et al., 2018; Ciriminna et al., 2024; Han et al., 2016). Los principales obstáculos incluyen el escaso conocimiento de los protocolos óptimos de reproducción, problemas de asentamiento y supervivencia larvaria, manejo de enfermedades, conservación de recursos genéticos y adaptación a sistemas IMTA (Purcell et al., 2012; Zamora et al., 2018; Ciriminna et al., 2024; Han et al., 2016).

Si bien los avances en marcadores moleculares, secuenciación del genoma, aplicación de probióticos y diseño de IMTA han mejorado los resultados para algunas especies, su desarrollo sigue siendo insuficiente o no se ha probado en otras (Liu et al., 2024; Jo et al., 2017; Senff et al., 2021; Liu et al., 2023; Yang et al., 2024). Abordar estas deficiencias es fundamental para expandir la acuicultura sostenible de pepinos de mar más allá de las especies actualmente dominantes.

Para *I. fuscus, I. inornata*, *I. paraprinceps*, *I. impatiens*, así como para *A. californicus*, se evidencia una falta de protocolos publicados para la producción a gran escala en criaderos. Las tasas de asentamiento larval son bajas y las dietas y sustratos óptimos aún no están bien definidos (Ciriminna et al., 2024). Además, los recursos genéticos, como ensamblajes genómicos y marcadores moleculares, son escasos o inexistentes (Liu et al., 2024; Yang et al., 2024), las estrategias de manejo de enfermedades no están bien establecidas y la adaptación a sistemas IMTA no ha sido probada en su mayoría, o se ha realizado solo a escala piloto (Zamora et al., 2018).

Tecnologías como el BFT han mejorado la calidad del agua y el crecimiento de *A. japonicus*, pero requieren adaptación para otros géneros y especies debido a diferencias fisiológicas (Xiao et al., 2024). La secuenciación del genoma ha permitido la selección asistida por marcadores en *A. japonicus* y *H. scabra*, pero esta práctica aún

no se ha extendido a la mayoría de los holoturios del Pacífico, ni al Atlántico (Liu et al., 2024; Zhong et al., 2024).

La literatura indica que, aunque la innovación biotecnológica ha avanzado la acuicultura sostenible para ciertas especies de pepinos de mar, especialmente *A. japonicus* y *H. scabra*, persiste una brecha significativa en relación con *I. fuscus* y la mayoría de las especies del género Holothuria, incluidas las principales de la Península de Baja California a lo largo del Golfo de California y el Océano Pacífico (Purcell et al., 2012; Ciriminna et al., 2024). Los principales obstáculos incluyen la insuficiencia de investigación biológica básica (reproducción, nutrición y genética), la falta de protocolos optimizados para la producción masiva de larvas en incubadoras, las bajas tasas de supervivencia larvaria debido a dietas y entornos subóptimos (Ciriminna et al., 2024), las limitadas herramientas y protocolos para el manejo de enfermedades (Liu et al., 2023), y la incertidumbre regulatoria en torno a nuevas especies candidatas (González-Wangüemert et al., 2017). La disponibilidad de recursos genómicos, como los de *A. japonicus* y *H. scabra*, es fundamental, ya que permiten la selección genética para el crecimiento y la resistencia a enfermedades; su ausencia dificulta un progreso similar en otras especies (Liu et al., 2024; Zhong et al., 2024). Las aplicaciones probióticas son prometedoras, pero requieren validación en taxones más diversos (Liu et al., 2023). Los sistemas IMTA pueden mejorar la sostenibilidad, pero es necesario adaptarlos a las características ecológicas y fisiológicas de cada especie (Zamora et al., 2018).

3. Enfermedad de ulceración cutánea en especies de pepinos de mar de la Península de Baja California

El desarrollo de biotecnologías para la reproducción y cultivo de especies no modelo de pepinos de mar implica comprender su biología reproductiva, desarrollo larval, técnicas eficaces de desove, manejo de reproductores en cautiverio y sus requerimientos biológicos. Todo esto es fundamental para alcanzar niveles comerciales en la acuicultura multitrófica integrada y sostenible. En este contexto, el manejo de enfermedades es crucial para la consolidación de la acuicultura de estas especies, especialmente dado que la acuicultura de pepinos de mar en la región aún se encuentra en sus primeras etapas.

La enfermedad de ulceración cutánea, también conocida como síndrome de ulceración cutánea (SUC), representa una amenaza significativa tanto para la acuicultura como para las poblaciones silvestres de pepinos de mar a nivel mundial. Aunque la mayoría de las investigaciones se han centrado en especies como *H. scabra* y *A. japonicus*, otros holoturoideos, como *I. fuscus, H. inornata*, *H. paraprinceps, H. impatiens* y *A. californicus*, también son susceptibles a patologías similares (Delroisse et al., 2020; Arjona-Cambranes et al., 2024; Becker et al., 2004; Tangestani y Kunzmann, 2019; Eeckhaut et al., 2004). La SUC se caracteriza por un rápido desarrollo de lesiones blancas superficiales que avanzan hacia úlceras profundas, lo que frecuentemente resulta en altas tasas de mortalidad en un corto período (Becker et al., 2004; Eeckhaut et al., 2004).

La etiología de esta enfermedad es compleja e involucra bacterias oportunistas, especialmente *Vibrio spp.*, virus, factores de estrés ambiental (como fluctuaciones de temperatura y cambios de salinidad) y las respuestas inmunitarias del huésped, todos desempeñando un papel en el inicio y progresión de la enfermedad (Delroisse et al., 2020; Arjona-Cambranes et al., 2024; Ganesh et al., 2025; Zhang et al., 2019; Liu et al., 2010). Los recientes avances en tecnologías ómicas han permitido una comprensión más profunda de los mecanismos moleculares subyacentes al SUC y han resaltado la importancia de la dinámica del microbioma y los factores ambientales (Ganesh et al., 2025; Zhang et

al., 2022; Zhang et al., 2019). No obstante, para varias de las especies mencionadas en esta revisión, los estudios directos son limitados, y gran parte del conocimiento se basa en extrapolaciones de holoturoideos estrechamente relacionados (Fig. 3).

4. Intervenciones y manejo de enfermedades

La eficacia de los antibióticos varía considerablemente debido a la aparición de resistencia; sin embargo, algunas cepas todavía muestran sensibilidad a agentes como el imipenem y el cloranfenicol (Tangestani y Kunzmann, 2019). Los probióticos, como *Bacillus* spp., han demostrado ser prometedores para reducir la mortalidad y mejorar la recuperación tras infecciones (Yu et al., 2023; Li et al., 2024). Entre los enfoques innovadores se incluyen los péptidos antimicrobianos y las terapias basadas en IgY, dirigidas a patógenos específicos (Sun et al., 2025; Xu et al., 2019).

La literatura sugiere que, aunque los patógenos bacterianos, en particular *Vibrio spp.*, son fundamentales en los brotes de síndrome de ulceración cutánea (SUC) en pepinos de mar (Deng et al., 2009; Fahmy y Hamed, 2021), su papel suele ser oportunista en lugar de estrictamente causal. Los factores de estrés ambiental son desencadenantes críticos que alteran la homeostasis entre el huésped y los microorganismos (Delroisse et al., 2020; Arjona-Cambranes et al., 2024; Ganesh et al., 2025). Esta etiología multifactorial complica tanto el diagnóstico como el manejo, ya que las infecciones experimentales con bacterias aisladas no siempre inducen la enfermedad a menos que se combinen con factores estresantes, como el choque por frío o lesiones (Delroisse et al., 2020; Zhang et al., 2019).

Los estudios ómicos han revelado cambios significativos en la expresión génica del huésped durante la infección, incluyendo la regulación positiva de las vías inmunitarias (TLR/MAPK/NF-κB), respuestas al estrés oxidativo (producción de especies reactivas de oxígeno), y regulación de la apoptosis. Estos hallazgos destacan posibles biomarcadores para la detección temprana o como objetivos de intervención (Ganesh et al., 2025; Yang et al., 2016; Zhao et al., 2018).

Por lo tanto, las estrategias de manejo deben adoptar un enfoque holístico, que incluya mejorar la calidad y estabilidad del agua, minimizar la manipulación y las lesiones, utilizar probióticos o inmunomoduladores, y emplear antibióticos con cautela, solo cuando sea



Figura 3. Pepino de mar, *Apostichopus californicus* se encuentra a lo largo de la costa noroeste del Pacífico, desde el Golfo de Alaska hasta la Isla Cedros, al oeste de la Península Baja de California. A). Pepino de mar sano, tiene un color rojo intenso, espinas y piel blanda. (Emaline Montgomery); B). Pepino de mar moribundo, de la costa de la isla de Vancouver; C). Pepino de mar que se ha vuelto parcialmente blanco en lugar de su habitual tono rojo ladrillo intenso; D). Pepinos de mar enfermos, volviéndose blancos y muriendo frente a la costa cerca de Nanaim, Columbia Británica (Fotos de Kathleen Reed en Brend, 2021).

necesario, debido a la preocupación por la resistencia. Asimismo, se debe considerar la exploración de terapias novedosas, como péptidos antimicrobianos o anticuerpos IgY, para un control más específico (Yu et al., 2023; Sun et al., 2025; Xu et al., 2019).

5. Preguntas de investigación abiertas

Las futuras investigaciones dirigidas al desarrollo biotecnológico para el cultivo de especies de pepinos de mar de la Península de Baja California (*I. fuscus*, *H. inornata*, *H. paraprinceps*, *H. impatiens* y *A. californicus*) deben priorizar estudios fundamentales en áreas como reproducción, nutrición, genética y ecología de enfermedades, dado que estas especies han sido poco investigadas. En particular, es esencial centrar esfuerzos en el estudio directo de la etiología y las intervenciones relacionadas con la enfermedad de ulceración cutánea, utilizando enfoques ómicos integradores. Adicionalmente, se deben desarrollar protocolos de incubación adaptados, ampliar la generación de recursos genómicos, validar las intervenciones biotecnológicas en diversos taxones y clarificar los marcos regulatorios.

Tabla 2. Preguntas abiertas que resaltan las futuras direcciones necesarias para superar los obstáculos actuales.

Pregunta	Por qué
¿Cuáles son los protocolos óptimos de incubación para la producción masiva de alevines de *I. fuscus* y de *Holothuria inornata, H. paraprinceps, H. impatiens* y *A. californicus*?	Paso esencial hacia el cultivo a escala comercial; la actual falta de recursos limita la expansión de la industria.
¿Cómo se pueden desarrollar rápidamente recursos genómicos para especies no modelo de pepinos de mar?	Permite la selección genética y la mejora de la resistencia a enfermedades; actualmente solo está disponible para unos pocos taxones.
¿Qué enfoques probióticos o de biofloc se pueden adaptar específicamente para mejorar la supervivencia y el crecimiento larvario en diversos géneros de pepino de mar, incluyendo *I. fuscus, Holothuria inornata, H. paraprinceps, H. impatiens* y *A. californicus*?	Existen resultados prometedores, pero necesitan validación más allá de los organismos modelo actuales.
¿Cuáles son los principales agentes etiológicos de la enfermedad de ulceración cutánea o SUC en *I. fuscus, Holothuria inornata, H. paraprinceps, H. impatiens* y *A. californicus*?	La mayoría de los datos se extrapolan de otras especies; los estudios directos aclararán la causalidad para un manejo eficaz.
¿Cómo interactúan los factores ambientales con la microbiota del huésped para desencadenar brotes? ¿Pueden las terapias dirigidas con probióticos o péptido antimicrobianos prevenir o tratar la SUC en *I. fuscus, Holothuria inornata, H. paraprinceps, H. impatiens* y *A. californicus*??	Comprender estas interacciones puede contribuir al desarrollo de estrategias de prevención adaptadas a las condiciones locales de la acuicultura. Se necesitan intervenciones alternativas debido a la creciente resistencia a los antibióticos; su eficacia debe validarse en diferentes especies.

6. Conclusión

La biotecnología ha facilitado un avance significativo hacia la acuicultura sostenible de pepinos de mar, aunque principalmente para un conjunto limitado de especies bien estudiadas, como *A. japonicus* y *H. scabra*. A pesar de ello, persisten desafíos para *I. fuscus*, *H. inornata*, *H. paraprinceps, H. impatiens* y *A. californicus*, debido a deficiencias en la investigación biológica básica, el desarrollo de recursos genéticos, los protocolos de cría de larvas, las estrategias de manejo de enfermedades y los marcos regulatorios.

La enfermedad de ulceración cutánea sigue siendo una amenaza persistente para los holoturoideos silvestres y cultivados, incluyendo *I. fuscus* y varias especies del género *Holothuria*. Los brotes de esta enfermedad son el resultado de interacciones complejas entre bacterias oportunistas, principalmente *Vibrio* spp., factores de estrés ambiental, como cambios en la temperatura y salinidad, así como el estado inmunológico y el microbioma del huésped, además de las prácticas de acuicultura.

7. Literatura citada

Arjona-Cambranes, K., Olvera-Novoa, M., Cerqueda-García, D., *et al*., (2024). Characterization of microbiota and histology of cultured sea cucumber *Isostichopus badionotus* juveniles during an outbreak of skin ulceration syndrome. PLOS ONE, 19. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0303480

Becker, P., Gillan, D., Lanterbecq, D., *et al*., (2004). The skin ulceration disease in cultivated juveniles of *Holothuria scabra* (Holothuroidea, Echinodermata). Aquaculture, 242, 13-30. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2003.11.018

Brend Y. 2021. Sea cucumber die-off near Vancouver Island prompts fears of wasting disease that nearly wiped out sea stars 'There were hundreds of them. They were just white and dead in various states of decay. CBC News · (Posted: Sep 04, 2021 9:00 AM MST Last Updated: September 4, 2021) https://www.cbc.ca/news/canada/british-columbia/sea-cucumber-die-off-nanaimo-area-nanoose-bay-diver-sea-star-wasting-virus-pathogen-1.6162663

Ciriminna, L., Signa, G., Cilluffo, G., et al., (2024). Aquaculture of emerging species in North-Eastern Atlantic and Mediterranean Sea: a systematic review on sea cucumber farming and potential development. Frontiers in Marine Science. https://doi.org/10.3389/fmars.2024.1381836

Delroisse, J., Van Wayneberghe, K., Flammang, P., et al., (2020). Epidemiology of a Skin Ulceration Disease (SKUD) in the sea cucumber Holothuria scabra with a review on the SKUDs in Holothuroidea (Echinodermata). Scientific Reports, 10. https://doi.org/10.1038/s41598-020-78876-0

Deng, H., He, C., Zhou, Z., et al., (2009). Isolation and pathogenicity of pathogens from skin ulceration disease and viscera ejection syndrome of the sea cucumber Apostichopus japonicus. Aquaculture, 287, 18-27. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2008.10.015

Eeckhaut, I., Parmentier, É., Becker, P., et al., (2004). Parasites and biotic diseases in field and cultivated sea cucumbers. In Lovatelli, A.; Conand, C.; Purcell, S. et al. (Eds.) Advances in sea cucumber aquaculture and management. FAO Fisheries Technical Paper N° 463. Pages 311-325. https://orbi.uliege.be/handle/2268/12699

Fahmy, N., Hamed, E. (2021). Isolation and characterization of Vibrio alginolyticus strain HAT3 causing skin ulceration disease in cultured sea cucumber Holothuria atra (Jaeger, 1833). The Egyptian Journal of Aquatic Research. https://doi.org/10.1016/j.ejar.2021.11.007

Ganesh, D., Kumar, V., Sethi, G., Mazlan, N. (2025). Omics-based insights into skin ulcerative disease in sea cucumbers: a systematic review. Molecular Biology Reports, 53. https://doi.org/10.1007/s11033-025-11161-3

González-Wangüemert, M., Domínguez-Godino, J., Cánovas, F. (2017). The fast development of sea cucumber fisheries in the Mediterranean and NE Atlantic waters: From a new marine resource to its over-exploitation. Ocean & Coastal Management, 151, 165-177. https://doi.org/10.1016/j.ocecoaman.2017.10.002

Han, Q., Keesing, J., Liu, D. (2016). A Review of Sea Cucumber Aquaculture, Ranching, and Stock Enhancement in China. Reviews in Fisheries Science & Aquaculture, 24, 326-341. https://doi.org/10.1080/23308249.2016.1193472

Jo, J., Oh, J., Lee, H., et al., (2017). Draft genome of the sea cucumber Apostichopus japonicus and genetic polymorphism among color variants. GigaScience, 6, 1-6. https://doi.org/10.1093/gigascience/giw006

Li, C., Li, X., Tan, L., et al., (2024). Effect of probiotic feed supplementation on skin ulceration syndrome in Apostichopus japonicus. Israeli Journal of Aquaculture-Bamidgeh. https://doi.org/10.46989/001c.92433

Liu, H., Zheng, F., Sun, X., *et al*., (2010). Identification of the pathogens associated with skin ulceration and peristome tumescence in cultured sea cucumbers *Apostichopus japonicus* (Selenka). Journal of Invertebrate Pathology, 105 3, 236-42. https://doi.org/10.1016/j.jip.2010.05.016

Liu, L., Liu, Y., Qin, G., *et al*., (2023). Evaluation of regulatory capacity of three lactic acid bacteria on the growth performance, non-specific immunity, and intestinal microbiota of the sea cucumber *Apostichopus japonicus*. Aquaculture. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2023.740156

Liu, X., Tang, X., Chen, M., *et al*., (2024). Development and application of molecular markers in fisheries, aquaculture, and industry of representative temperate and tropical sea cucumbers: a review. Frontiers in Marine Science. https://doi.org/10.3389/fmars.2024.1423096

López-Segurajáuregui, G. 2021. Evaluación del estado de conservación y pesquerías de los pepinos de mar de interés comercial en México y recomendaciones de buenas prácticas para su uso sustentable, legal y trazable en beneficio de las comunidades pesqueras mexicanas. Soluciones Ambientales Itzeni, A. C. Informe final_pepino de mar SNIB CONABIO. Proyecto No. RE005. Ciudad de México. http://www.conabio.gob.mx/institucion/cgi-bin/datos.cgi?Letras=RE&Numero=5 (última revisión: 06/13/2026)

Purcell, S., Hair, C., Mills, D. (2012). Sea cucumber culture, farming and sea ranching in the tropics: Progress, problems and opportunities. Aquaculture, 368, 68-81. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2012.08.053

Rivera-Téllez, E., López-Segurajáuregui, G., Fernández, T., *et al*., (2021). Guía de identificación de los pepinos de mar de interés comercial en México. CONABIO. México.

Senff, P., Elba, B., Kunzmann, A., *et al*., (2021). Carbon

supplementation promotes assimilation of aquaculture waste by the sea cucumber *Holothuria scabra*: Evidence from stable isotope analysis. Aquaculture. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2021.737295

Sun, H., Peng, H., Hong, X., et al., (2025). Lvvibriocin-GK effectively reduced skin ulcer syndrome of Apostichopus japonicus by eliminating surface bacteria, modulating gut microbiota, and enhancing host immune responses. Fish & shellfish immunology, 110494. https://doi.org/10.1016/j.fsi.2025.110494

Tangestani, M., Kunzmann, A. (2019). Isolation and characterization of bacteria from the lesion of juvenile sea cucumber Holothuria scabra (Jaeger, 1938) with symptom of skin ulceration disease. Iranian Journal of Fisheries Sciences, 18, 915-923. https://doi.org/10.22092/ijfs.2019.118391

Xiao, H., Li, S., Wang, Z., et al., (2024). The Effectiveness of Biofloc Technology and Its Application Prospects in Sea Cucumber (Apostichopus japonicus) Aquaculture: A Review. Fishes. https://doi.org/10.3390/fishes9110457

Xu, L., Xu, Y., He, L., et al., (2019). Immunomodulatory effects of chicken egg yolk antibodies (IgY) against experimental Shewanella marisflavi AP629 infections in sea cucumbers (Apostichopus japonicus). Fish & Shellfish Immunology, 84, 108-119. https://doi.org/10.1016/j.fsi.2018.09.073

Yang, A., Zhou, Z., Pan, Y., et al., (2016). RNA sequencing analysis to capture the transcriptome landscape during skin ulceration syndrome progression in sea cucumber Apostichopus japonicus. BMC Genomics, 17. https://doi.org/10.1186/s12864-016-2810-3

Yang, Y., Ren, C., Luo, P., et al., (2024). Pipeline for identification of genome-wide microsatellite markers and its application in assessing the genetic diversity and structure of the tropical sea cucumber Holothuria leucospilota. Aquaculture Reports. https://doi.org/10.1016/j.aqrep.2024.102207

Yu, Y., Ding, P., Huang, X., et al., (2023). Bacillus licheniformis reduces mortality, improves symptoms, and controls residual pathogenicity in juvenile sea cucumbers Apostichopus japonicus infected with skin ulceration syndrome. Marine Environmental Research, 192, 106179. https://doi.org/10.1016/j.marenvres.2023.106179

Zamora, L., Yuan, X., Carton, A., Slater, M. (2018). Role of deposit-feeding sea cucumbers in integrated multitrophic aquaculture: progress, problems, potential and future challenges. Reviews in Aquaculture, 10, 57-74. https://doi.org/10.1111/raq.12147

Zhang, Z., Song, M., Lv, Z., et al., (2022). Gut Microbiota Mediates Skin Ulceration Syndrome Outbreak by Readjusting Lipid Metabolism in Apostichopus japonicus. International Journal of Molecular Sciences, 23. https://doi.org/10.3390/ijms232113583

Zhang, Z., Zhang, W., Hu, Z., et al., (2019). Environmental factors promote pathogen-induced skin ulceration syndrome outbreak by readjusting the hindgut microbiome of Apostichopus japonicus. Aquaculture. https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2019.03.054

Zhao, Z., Jiang, J., Pan, Y., et al., (2018). Proteomic analysis reveals the important roles of alpha-5-collagen and ATP5β during skin ulceration syndrome progression of sea cucumber Apostichopus japonicus. Journal of Proteomics, 175, 136-143. https://doi.org/10.1016/j.jprot.2018.01.001

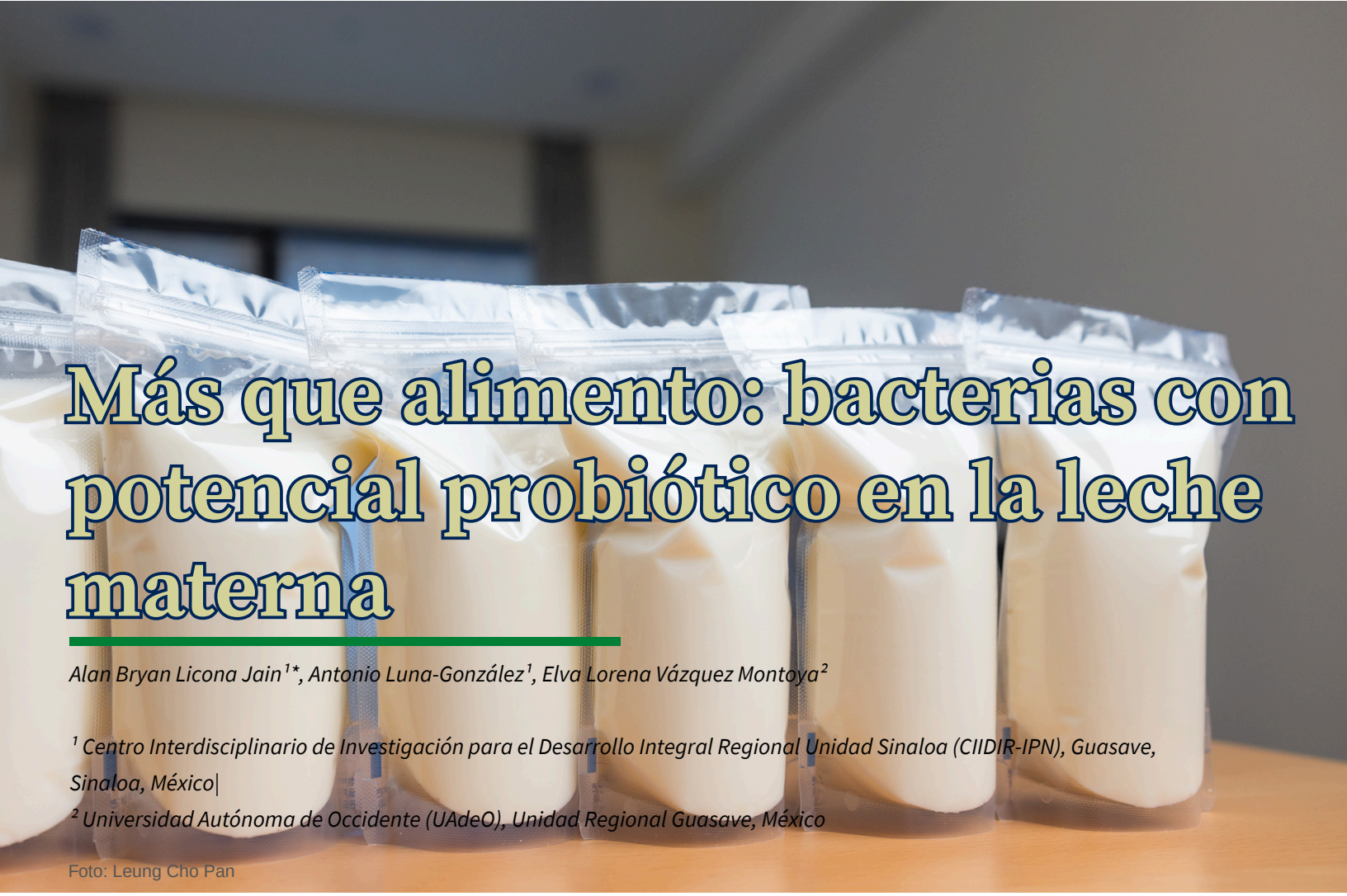
Zhong, S., Liu, X., Chen, et al., (2024). Chromosomal-level genome assembly and annotation of the tropical sea cucumber Holothuria scabra. Scientific Data, 11. https://doi.org/10.1038/s41597-024-03340-x

Sobre el autor



Dr. Felipe Ascencio
Investigador Titular y profesor en el CIBNOR, SNI III. Responsable del Laboratorio de Patogénesis Microbiana. Loop: 264286; Scopus: 57247070500; ORCI: 0000-0003-3515-8708

Cita:
Ascencio, F. (2026). Desarrollo biotecnológico y obstáculos en el cultivo de especies de pepinos de mar del la Península de Baja California: Enfoque en Isostichopus fuscus, Holothuria inornata, Holothuria paraprinceps, Holothuria impatiens y Apostichopus californicus. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 14–22. https://doi.org/10.5281/zenodo.21206772



Más que alimento: bacterias con potencial probiótico en la leche materna

Alan Bryan Licona Jain[1], Antonio Luna-González[1], Elva Lorena Vázquez Montoya[2]*

[1] Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa (CIIDIR-IPN), Guasave, Sinaloa, México|

[2] Universidad Autónoma de Occidente (UAdeO), Unidad Regional Guasave, México

Foto: Leung Cho Pan

Tema

Desde los primeros días de vida, la leche materna aporta no solo nutrientes, sino también microorganismos que influyen en el desarrollo del sistema inmunológico y en el equilibrio microbiano del recién nacido. En este artículo se explora su relevancia y los criterios utilizados para caracterizar e identificar bacterias con potencial probiótico.

1.La leche materna como sistema biológico complejo

La leche materna es un sistema biológico complejo que, además de nutrientes, contiene células inmunes, moléculas bioactivas y una diversidad de microorganismos (bacterias, virus y hongos) que forman parte de su microbiota (Dombrowska-Pali et al., 2024). Este conocimiento ha transformado la forma en que se entiende la lactancia, al evidenciar que no se limita a la nutrición, sino que constituye un proceso biológico complejo que influye en el desarrollo y la adaptación temprana del lactante.

Investigaciones recientes indican que los microorganismos presentes en la leche materna desempeñan funciones relevantes en el desarrollo del recién nacido. Se ha propuesto que estas bacterias participan en la maduración del sistema inmunológico y pueden influir en la protección frente a infecciones durante las primeras etapas de la vida (Perrella et al., 2021; Notarbartolo et al., 2022).

2.Transferencia de microorganismos de la madre al recién nacido

La presencia de microorganismos en la leche materna responde a procesos biológicos específicos y no a una simple contaminación. Se ha propuesto que algunas bacterias pueden movilizarse desde distintos sitios del

cuerpo de la madre hacia la glándula mamaria y, a través de la lactancia, transferirse al recién nacido (Hess et al., 2025) (Figura 1).

Uno de los mecanismos más estudiados es el eje entero-mamario. En este proceso, algunas bacterias del intestino materno pueden ser transportadas por células del sistema inmunológico a través del sistema linfático y el torrente sanguíneo hasta la glándula mamaria, donde pasan a formar parte de la microbiota de la leche (Dombrowska-Pali et al., 2024; Hess et al., 2025).

A este mecanismo se suma la transferencia directa durante la lactancia. El contacto entre la piel de la madre y el bebé, junto con la succión, favorecen el intercambio continuo de microorganismos, contribuyendo a la exposición temprana a una diversidad microbiana (Pannaraj et al., 2017).

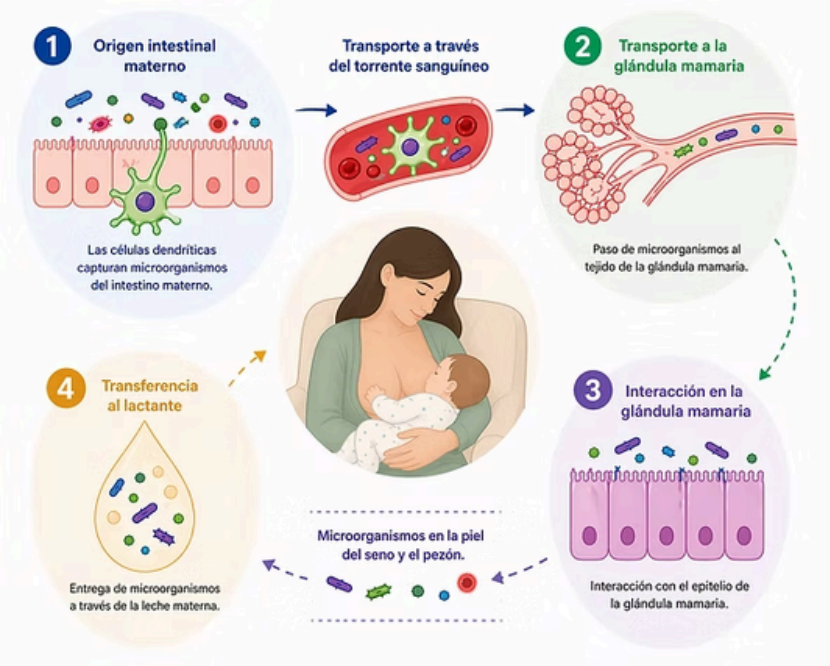


Figura 1. Transferencia de microorganismos de la madre al recién nacido durante la lactancia.

3. Bacterias con potencial probiótico

Algunas de las bacterias presentes en la leche materna han despertado interés debido a su posible papel en la salud del lactante. En este contexto, el término probiótico se define como microorganismos vivos que, administrados en cantidades adecuadas, confieren beneficios a la salud del hospedero (Guarner et al., 2023). Sin embargo, no todas las bacterias presentes en la microbiota ejercen efectos benéficos, ya que estos dependen de propiedades específicas de cada cepa.

A partir de este enfoque, la investigación se ha centrado en grupos bacterianos capaces de establecer interacciones favorables con el organismo humano, a través de su persistencia en el tracto gastrointestinal y su interacción con otros microorganismos. Entre los más estudiados se encuentran las bacterias ácido lácticas, por su capacidad de adaptarse a distintos ambientes y su frecuente asociación con efectos benéficos (Navarré et al., 2024). Algunas cepas aisladas de leche materna han mostrado potencial probiótico, aunque este depende de características específicas de cada cepa (D'Alessandro et al., 2022), y se han identificado principalmente dentro de géneros como *Lactobacillus, Lactococcus, Streptococcus* y *Bifidobacterium.*

4. Criterios de selección de bacterias con potencial probiótico.

La selección de bacterias con potencial probiótico se basa, en primer lugar, en criterios de seguridad. Entre ellos, la ausencia de hemólisis es uno de los más utilizados, ya que permite descartar cepas potencialmente riesgosas por su capacidad de dañar células sanguíneas (Figura 2) (Golnari et al., 2024).

Una vez establecida la seguridad básica, se consideran características relacionadas con la capacidad de los microorganismos para tolerar condiciones adversas, como la acidez y las sales biliares y diferentes niveles de salinidad. Estas propiedades se evalúan mediante ensayos in vitro, en los que se observa el crecimiento de las bacterias en diversos medios de cultivo, como placas de agar TSA, bajo condiciones controladas de acidez, presencia de sales biliares o diferentes niveles de salinidad. Esto permite identificar cepas con mayor capacidad de tolerar condiciones adversas asociadas al tránsito y establecimiento en el organismo.

Además, se evalúan atributos asociados con su permanencia en el entorno intestinal, como la formación de biopelículas y la agregación celular. Estas propiedades pueden analizarse mediante ensayos in vitro: la formación de biopelículas se estima a partir de biomasa adherida a superficies de cultivo, la cual puede teñirse y

10.5281/zenodo.21206840

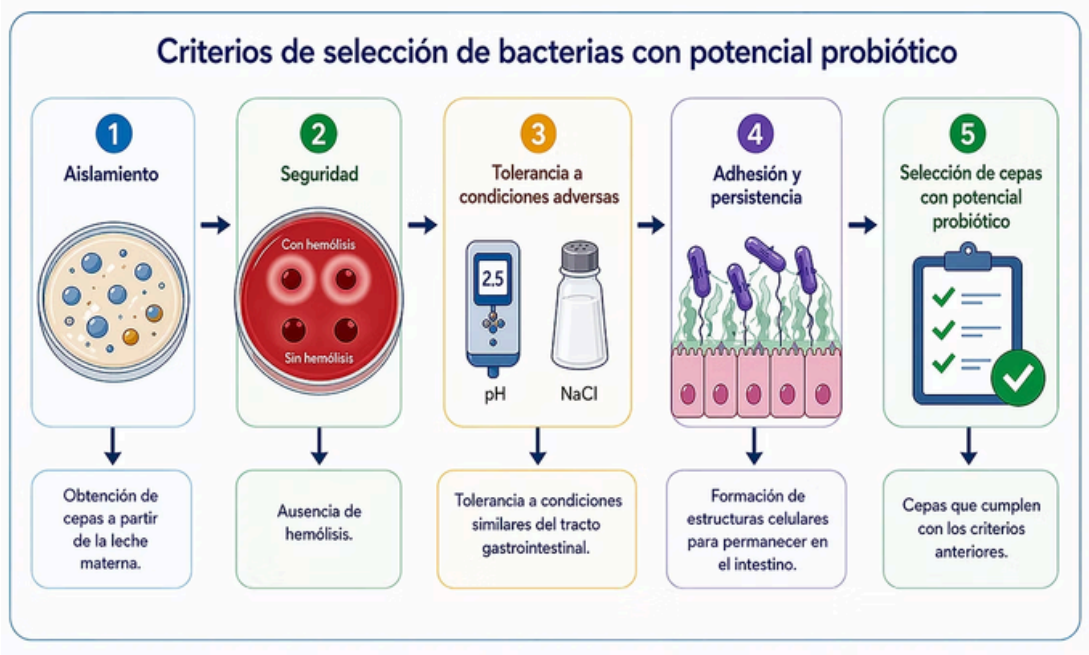


Figura 2. Evaluación de seguridad de bacterias con potencial probiótico.

cuantificarse por espectrofotometría, mientras que la agregación celular se evalúa observando la capacidad de las bacterias para agruparse en suspensión. Estas características favorecen la estabilidad de las bacterias y su capacidad de persistir en un ambiente dinámico. En conjunto, estos criterios permiten una selección preliminar de microorganismos con potencial probiótico y orientan su evaluación en etapas posteriores.

5. Propiedades de las bacterias con potencial probiótico

Las bacterias seleccionadas se evalúan por su capacidad de crecimiento y adaptación, con el objetivo de identificar aquellas que puedan establecerse de manera eficiente en el organismo (D'Alessandro et al., 2022). Algunas cepas alcanzan concentraciones cercanas a 10^9 UFC/mL en cultivo, lo que sugiere un mayor potencial de colonización temprana en el entorno intestinal.

También se evalúan propiedades asociadas con su permanencia, como la formación de biopelículas y la agregación celular (Figura 3). Estas características favorecen la adhesión a superficies y la interacción con otros microorganismos, lo que puede contribuir a su estabilidad en el entorno intestinal y limitar el establecimiento de especies potencialmente dañinas (Golnari et al., 2024).

La tolerancia a condiciones adversas, como variaciones de pH y concentraciones de sal, constituye un rasgo clave en la selección de estas bacterias. La capacidad de crecer en condiciones de pH variables y baja salinidad refleja una alta adaptabilidad, lo que favorece su viabilidad durante el tránsito y establecimiento en el organismo. En términos de seguridad, también se considera su perfil de susceptibilidad a antibióticos, priorizando la ausencia de resistencias transferibles. También pueden considerarse propiedades relacionadas con la adhesión bacteriana, como la hidrofobicidad celular. Estas características se evalúan mediante ensayos de afinidad a solventes orgánicos y permite estimar la capacidad de las bacterias para interactuar con superficies biológicas.

6. Mecanismos de acción de bacterias con potencial probiótico

Las bacterias con potencial probiótico actúan a través de diversos mecanismos que contribuyen a limitar el establecimiento de microorganismos potencialmente dañinos. Entre ellos se encuentran la competencia por nutrientes y la ocupación de nichos ecológicos, lo que reduce la disponibilidad de recursos para otras bacterias (Figura 4) (Lau y Quek, 2024).

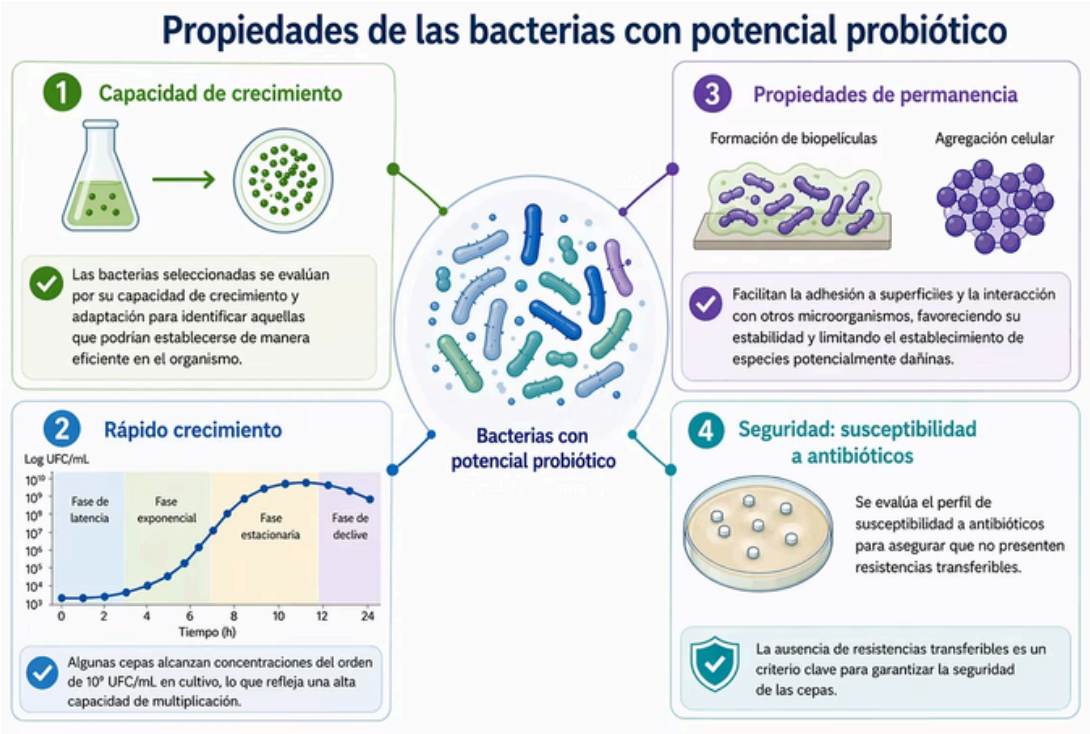


***Figura 3**. Propiedades de las bacterias con potencial probiótico.*

Asimismo, pueden producir compuestos con actividad antimicrobiana o moduladora, como ácidos orgánicos, ácidos grasos de cadena corta (AGCC), incluyendo el butirato, enzimas y péptidos, capaces de inhibir o eliminar a otros microorganismos, incluidos aquellos potencialmente patógenos (D'Alessandro et al., 2022). También se ha descrito que algunas bacterias pueden contribuir al fortalecimiento de la barrera intestinal y participar en la modulación de la respuesta inmunológica, lo que contribuye a una respuesta más eficiente frente a agentes infecciosos (Notarbartolo et al., 2022).

En conjunto, estos procesos muestran que su papel no se limita a su presencia, sino a su capacidad de influir en las condiciones que determinan qué microorganismos logran establecerse, contribuyendo a la estabilidad del sistema desde etapas tempranas.

7. Proyección y aplicaciones de las bacterias con potencial probiótico.

La leche materna constituye una fuente de microorganismos que participan en la configuración inicial del sistema biológico del recién nacido. Más allá de su papel en la colonización temprana, estas bacterias forman parte de un conjunto de interacciones que influyen en procesos clave durante las primeras etapas de la vida.

En este contexto, el estudio de bacterias con potencial probiótico provenientes de la leche materna ha permitido avanzar en su identificación y caracterización, mediante su aislamiento y el uso de herramientas moleculares que precisan su identidad y función.

Desde una perspectiva aplicada, estas bacterias representan un recurso de interés biotecnológico. Su origen y adaptación al huésped las convierten en candidatas para el desarrollo de estrategias orientadas a favorecer la salud, incluyendo su posible incorporación en productos como fórmulas infantiles.

Aunque este artículo se centra en bacterias ácido lácticas, la leche materna también contiene otros microorganismos, incluyendo levaduras, cuyo estudio ha comenzado a explorarse dentro de la microbiota humana. En conjunto, el estudio de estos microorganismos amplía el conocimiento sobre los procesos que ocurren en las primeras etapas de la vida y abre nuevas posibilidades para el diseño de intervenciones basadas en microorganismos naturalmente asociados al ser humano.

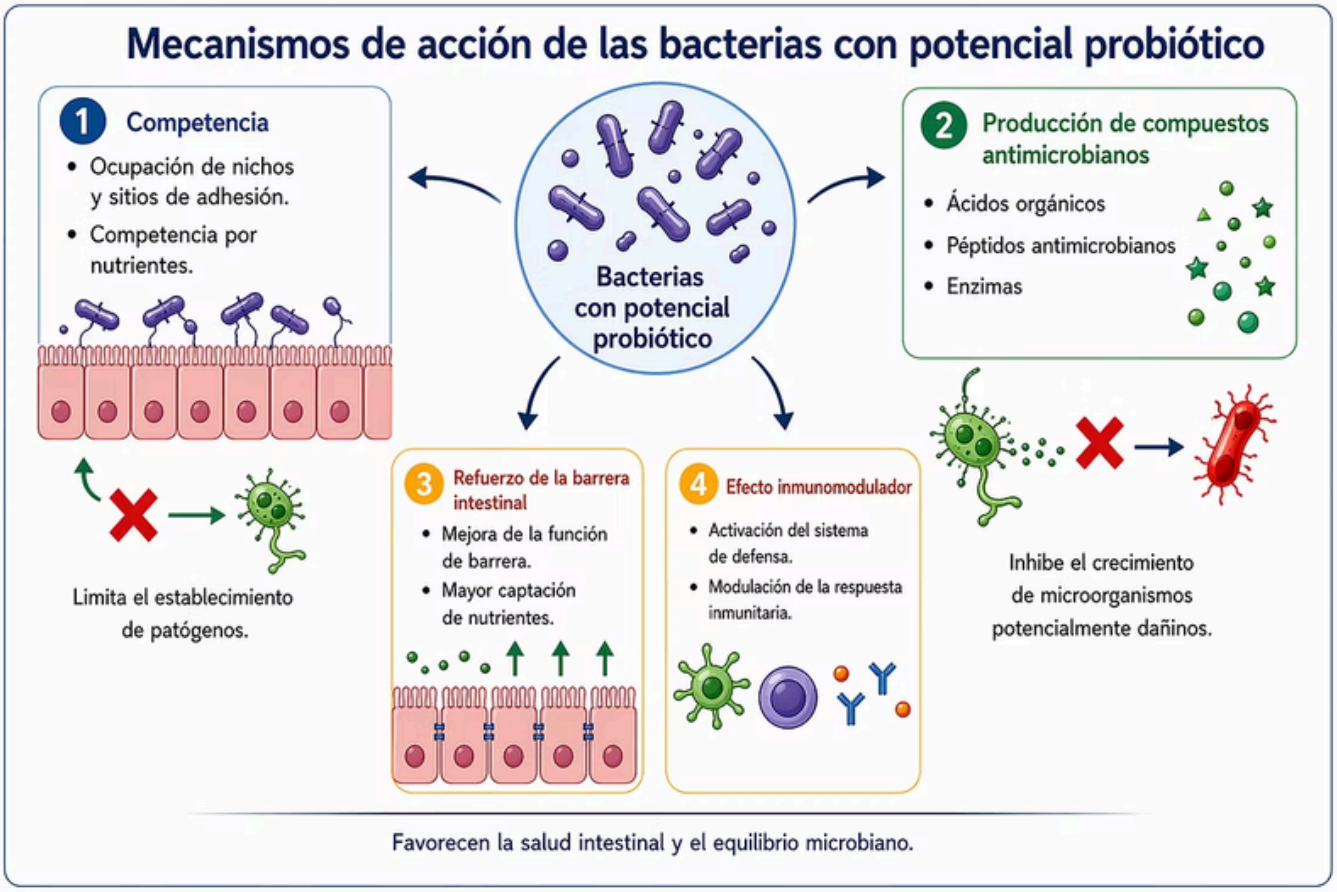


Figura 4. Mecanismos de acción de bacterias con potencial probiótico.

8. Referencias

D'Alessandro, M., Parolin, C., Patrignani, S., et al. (2022). Human breast milk: A source of potential probiotic candidates. Microorganisms, 10(7), 1279. https://doi.org/10.3390/microorganisms10071279

Dombrowska-Pali, A., Wiktorczyk-Kapischke, N., & Chrustek, A. (2024). Human milk microbiome: A review of scientific reports. Nutrients, 16(10), 1420. https://doi.org/10.3390/nu16101420

Golnari, M., Bahrami, N., Milanian, Z., Rabbani Khorasgani, M., Asadollahi, M. A., Shafiei, R., & Fatemi, S. S. A. (2024). Isolation and characterization of novel Bacillus strains with superior probiotic potential: Comparative analysis and safety evaluation. Scientific Reports, 14(1), 1457. https://doi.org/10.1038/s41598-024-51823-z

Guarner, F., Sanders, M. E., Eliakim, R., Fedorak, R., Gangl, A., Garisch, J., Kaufmann, P., Knol, J., Kolida, S., & Mayer, E. A. (2023). Probiotics and prebiotics. *World Gastroenterology Organisation Global Guidelines*. https://www.worldgastroenterology.org/guidelines/global-guidelines/probiotics-and-prebiotics

Hess, D., Cabrera, P. M., Kurth, S., Bokulich, N. A., & Zimmermann, P. (2025). Transfer of bacteria from mothers to infants through breast milk: A systematic review. *The Pediatric Infectious Disease Journal*, 44(8), 804–812. https://doi.org/10.1097/INF.0000000000004769

Lau, L. Y. J., & Quek, S. Y. (2024). Probiotics: Health benefits, food application, and colonization in the human gastrointestinal tract. *Food Bioengineering*, 3(1), 41–64. https://doi.org/10.1002/fbe2.12078

Navarré, A., Nazareth, T., Luz, C., Meca, G., & Escrivá, L. (2024). Characterization of lactic acid bacteria isolated from human breast milk and their bioactive metabolites with potential application as a probiotic food supplement. *Food & Function*, 15(15), 8087–8103. https://doi.org/10.1039/D4FO02171A

Notarbartolo, V., Giuffrè, M., Montante, C., Corsello, G., & Carta, M. (2022). Composition of human breast milk microbiota and its role in children's health. *Pediatric Gastroenterology, Hepatology & Nutrition*, 25(3), 194. https://doi.org/10.5223/pghn.2022.25.3.194

Pannaraj, P. S., Li, F., Cerini, C., Bender, J. M., Yang, S., Rollie, A., *et al.* (2017). Association between breast milk bacterial communities and establishment and development of the infant gut microbiome. *JAMA Pediatrics*, 171(7), 647–654.

Perrella, S., Gridneva, Z., Lai, C. T., Stinson, L. F., George, A. D., Bilston-John, S., & Geddes, D. T. (2021). Human milk composition promotes optimal infant growth, development and health. *Seminars in Perinatology*, 45(2), 151380. https://doi.org/10.1016/j.semperi.2020.151380

Cita:

Licona Jain, A. B., Luna-González, A., & Vázquez Montoya, E. L. (2026). Más que alimento: bacterias con potencial probiótico en la leche materna. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 23–28. https://doi.org/10.5281/zenodo.21206840

Sobre el autor:

Alan Bryan Licona Jain es Doctor en Ciencias y realiza estancias posdoctorales por México en el Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional (CIIDIR-IPN), campus Guasave, Sinaloa. Su trabajo se enfoca en microbiología, probióticos y metagenómica aplicada a la acuacultura, con interés en el estudio de microorganismos con aplicaciones en salud y producción acuícola.



Epigenética: la memoria invisible de las plantas

Mitzuko Dautt-Castro, Greta Mariana Rubio-Goycochea*
Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo, A.C. Hermosillo, Sonora, México. CP. 83304.
Autor de correspondencia: mitzuko.dautt@ciad.mx

Tema

En las plantas, la epigenética funciona como una memoria invisible que les permite registrar y responder a los cambios ambientales sin modificar su ADN. Estos mecanismos, basados en marcas moleculares heredables, influyen en su desarrollo, adaptación y resistencia, mostrándonos cómo "recuerdan" experiencias pasadas para sobrevivir a los desafíos recurrentes de su entorno.

Introducción

¿Cómo puede una planta, sin cerebro ni neuronas, recordar una dura sequía o el invierno que acaba de pasar?

Cuando pensamos en organismos con memoria, solemos imaginar seres complejos, como los humanos u otros animales, con cerebro y sistema nervioso. Sin embargo, las plantas, que carecen de estas estructuras, también son capaces de "recordar" experiencias pasadas mediante un sofisticado sistema de memoria molecular que les permite adaptarse, prepararse y, en muchos casos, sobrevivir.

Esa memoria no está escrita directamente en su código genético, sino "por encima" de él, en forma de marcas químicas y moléculas que regulan cómo se usa la información contenida en el ADN. A este fenómeno la ciencia le llama epigenética. Gracias a ella, una planta que ya se enfrentó a un evento de estrés, como frío, calor, sequía o el ataque de patógenos, puede responder de manera distinta, incluso más eficaz, si en algún momento vuelve a encontrarse en esa misma situación.

¿Qué es la epigenética?

Imagina que el ADN de los organismos es como un gran libro de instrucciones. En ese libro están escritas, en un lenguaje químico, las indicaciones necesarias para construir proteínas y mantener el funcionamiento de sus células. Pero no todas esas instrucciones se leen al mismo tiempo ni en todas las circunstancias. Ahí es donde entra la epigenética.

La epigenética es un conjunto de mecanismos que regulan qué genes se activan, cuáles se silencian y en qué momento ocurre cada cosa, sin cambiar la secuencia del ADN. Es decir, no modifica las "letras" del código genético, sino la manera en que ese código se interpreta y se utiliza. En las plantas, esta regulación puede ocurrir de distintas formas. Una de ellas es la metilación del ADN, que consiste en añadir marcas químicas en ciertas regiones del material genético, principalmente en una de las letras del ADN llamada citosina (Hemenway y Gehring, 2023). También pueden modificarse las proteínas que empaquetan el ADN, llamadas histonas, lo que hace que una región quede más abierta y activa o más compacta y silenciosa (Bond y Baulcombe, 2014; Hemenway y Gehring, 2023). Y, especialmente importante en plantas, la acción de pequeñas moléculas de ARN que guían la colocación de nuevas marcas epigenéticas mediante una vía conocida como RdDM (RNA-directed DNA methylation, o metilación del ADN dirigida por ARN), considerada la principal ruta de metilación de novo en plantas, es decir, establecen una marca nueva donde antes no estaba (Matzke et al., 2015).

Factores como el frío, el calor, la sequía, la salinidad o el ataque de patógenos pueden modificar la actividad de ciertos genes y dejar una especie de "huella molecular" en la célula. Gracias a ello, la planta no altera su información genética de origen, pero sí ajusta su funcionamiento para responder mejor a las condiciones que enfrenta (Figura 1) (Harris et al., 2023). De esta manera, la célula no tiene que empezar desde cero cada vez, sino que puede conservar una memoria molecular de la información que ya había regulado. Estas señales epigenéticas pueden cambiar a lo largo del desarrollo de la planta o aparecer en respuesta al ambiente y, además, pueden heredarse a las siguientes generaciones. Es decir, estas marcas pueden transmitirse a las semillas hijas, lo que hace que la siguiente generación nazca "preparada".

Algo importante es que, lejos de actuar por separado, estos mecanismos se conectan entre sí y forman una red que ayuda a establecer, mantener o borrar estados epigenéticos según el momento del desarrollo, las condiciones del ambiente o las necesidades de la planta. Por eso, la epigenética puede entenderse como un sistema de regulación flexible que permite a las plantas ajustar la actividad de sus genes sin necesidad de alterar su secuencia genética.

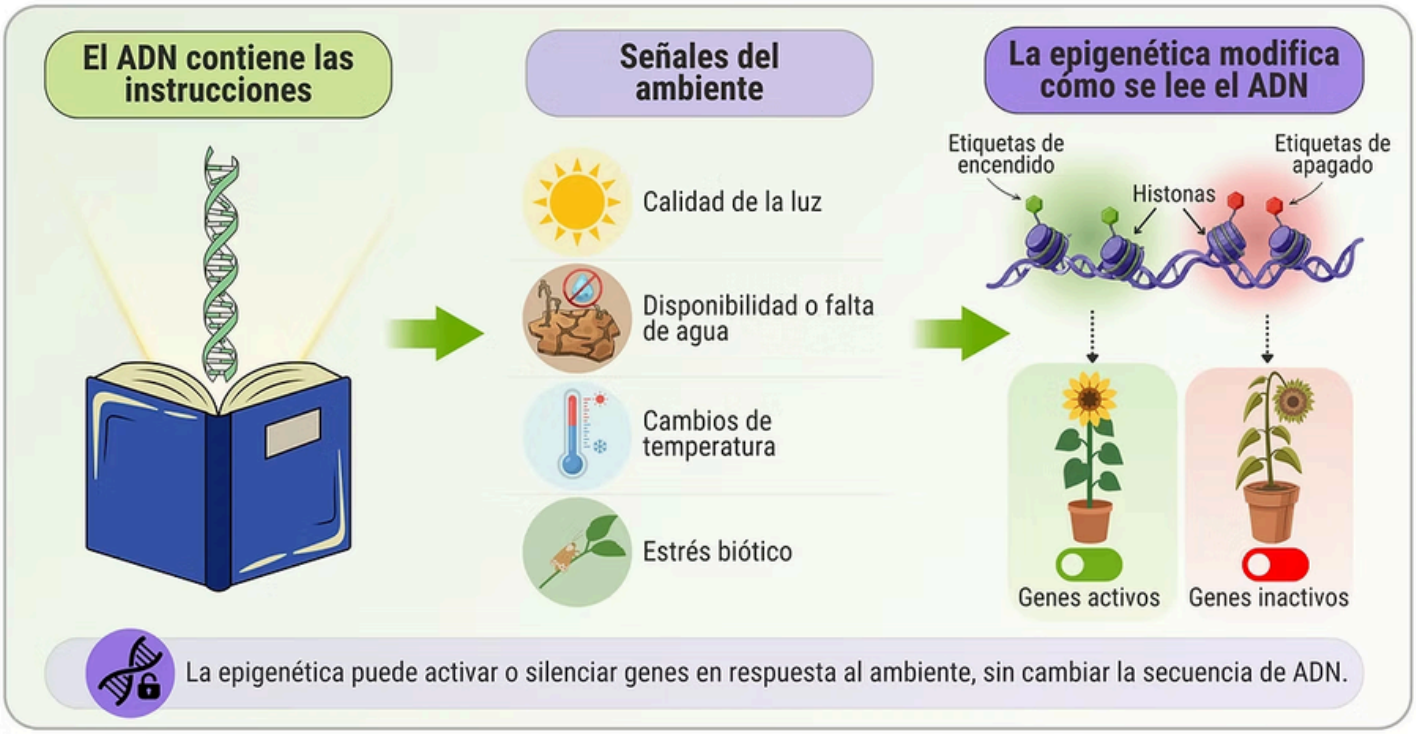


Figura 1. La epigenética regula cómo se interpreta la información contenida en el ADN. Factores ambientales, como la luz, la disponibilidad de agua, la temperatura o el estrés biótico, pueden influir en la activación o el silenciamiento de ciertos genes sin modificar la secuencia genética.

10.5281/zenodo.21206917

¿Las plantas recuerdan para siempre?

La memoria epigenética no siempre se mantiene. En muchos casos, también es importante borrar o restablecer esas marcas. Las plantas cuentan con mecanismos para eliminar la metilación del ADN o revertir ciertas modificaciones de histonas, sobre todo cuando cambian las condiciones del ambiente o cuando una etapa del desarrollo ya ha terminado. Esto les permite ajustar su respuesta, evitar una rigidez excesiva y, en algunos casos, incluso "olvidar" señales pasadas que ya no resultan útiles (Crisp et al., 2016).

Esto también significa que no toda la memoria epigenética se transmite a la siguiente generación. En algunos casos, ciertas marcas pueden conservarse durante la división celular y llegar a heredarse, pero muchas otras se reinician durante la reproducción (Bond y Baulcombe, 2014). Lejos de ser una desventaja, borrar algunas de estas huellas puede resultar útil. Si una planta mantuviera activas para siempre sus respuestas al estrés, podría gastar energía de forma innecesaria o afectar su crecimiento. En ciertos contextos, "olvidar" también forma parte de una buena estrategia de supervivencia. Así, la epigenética vegetal no solo permite recordar, sino también ajustar, resetear y seguir respondiendo con flexibilidad ante un ambiente que cambia constantemente.

¿Por qué importa esta memoria invisible para la agricultura?

Importa porque muchos de los rasgos que más preocupan en la agricultura, por ejemplo, cuándo florece una planta, qué tan bien tolera el frío o el calor, cómo madura un fruto o qué tan resistente es frente al estrés, no dependen solo de sus genes, sino también de cómo se regulan.

Un ejemplo clásico es la vernalización, el proceso por el cual algunas plantas necesitan pasar por un periodo de frío antes de florecer. En este caso, la experiencia del invierno deja una huella epigenética que modifica la actividad de genes clave para la floración. Gracias a esa memoria del frío, la planta evita florecer demasiado pronto y sincroniza mejor su desarrollo con la estación adecuada. En términos agrícolas, esto influye directamente en el tiempo de floración y en la adaptación de los cultivos a distintos climas (Crisp et al., 2016; Hemenway y Gehring, 2023).

Otro caso muy interesante ocurre en el tomate. Durante la maduración del fruto, el gen colorless non-ripening (*CNR*) presenta alteraciones epigenéticas que afectan significativamente dicho proceso. Además, se ha reportado que al desmetilarse el ADN se activan genes esenciales para que el fruto madure (Figura 2). Esto significa que la epigenética no solo importa para responder al ambiente, sino también para rasgos de calidad agrícola tan importantes como el color, la textura y el momento de cosecha (Xue et al., 2025).

El misterio de las flores gemelas

¿Sabías que una planta puede cambiar por completo la forma de sus flores sin modificar su ADN?



Esto se observó en *Linaria vulgaris*, una planta que intrigó a Carlos Linneo en el siglo XVIII. Mientras su flor normal es irregular, la variante peloria produce flores casi simétricas. Mucho tiempo después se descubrió que el gen *Lcyc*, clave para la simetría floral, estaba silenciado por metilación del ADN. Es decir, **no cambió el gen, sino la forma en que la planta lo regulaba**. Este caso se convirtió en uno de los ejemplos más famosos de epigenética en plantas.

La epigenética también puede influir en la tolerancia al estrés. En arroz, por ejemplo, se ha propuesto que los cambios epigenéticos asociados a genes de respuesta al estrés ayudan a mejorar la tolerancia a la salinidad (Figura 2) (Wang et al., 2021). Este mismo efecto se ha observado en condiciones de estrés por calor y frío en distintas plantas y cultivos (Springer y Schmitz, 2017; Harris et al., 2023). En otras palabras, ciertas plantas pueden quedar "preparadas" para responder con mayor eficacia ante condiciones adversas, algo especialmente valioso en un contexto de sequías, olas de calor y suelos degradados que enfrentamos actualmente. Para la agricultura, esto resulta especialmente interesante porque abre la posibilidad de identificar variedades más resilientes e incluso de incorporar variaciones epigenéticas como complemento de la mejora genética tradicional. Por ejemplo, en yuca se ha logrado aumentar la resistencia frente a una enfermedad bacteriana mediante una estrategia de edición del epigenoma. En lugar de modificar la secuencia del ADN, los investigadores dirigieron marcas de metilación a una región reguladora del genoma (el promotor del gen *MeSWEET10a*) que la bacteria utiliza para activar genes favorables para la infección. Al bloquear ese acceso, la planta se volvió más resistente al patógeno sin afectar su crecimiento normal (Figura 2) (Veley et al., 2023).

En plantas modelo como *Arabidopsis*, también se han desarrollado estrategias de edición del epigenoma para mejorar la respuesta a la sequía. En este caso, se utilizó una herramienta de edición génica llamada CRISPR/dCas9, unida a una enzima que modifica histonas, con el fin de hacer más accesible una región del ADN asociada con la respuesta al estrés hídrico. Como resultado, las plantas activaron con mayor rapidez los mecanismos de defensa ante la falta de agua y mostraron una mayor tolerancia a la sequía (Figura 2) (Roca Paixão et al., 2019). En conjunto, ambos estudios muestran que la edición del epigenoma puede convertirse en una herramienta precisa para ajustar rasgos de interés en las plantas sin modificar su secuencia genética y que, en el futuro, podría contribuir a abordar problemas agrícolas importantes, como las enfermedades y el estrés ambiental.

México y el futuro de la epigenética en plantas

La epigenética vegetal está transformando la manera en que entendemos a las plantas. Hoy ya no basta con preguntar qué genes tienen, sino también cómo se activan, cómo se silencian o cómo se ajustan al ambiente. Esto resulta especialmente valioso en un contexto marcado por el cambio climático, la



Figura 2. Ejemplos de cómo influye la epigenética en rasgos agrícolas de interés. En distintos cultivos y especies vegetales, estos mecanismos participan en procesos como la maduración del fruto, la tolerancia a la salinidad, la resistencia a enfermedades bacterianas y la respuesta a la sequía.

degradación de los suelos, las nuevas presiones sobre la producción de alimentos y la necesidad de desarrollar cultivos más resilientes. Diversos artículos recientes coinciden en que la epigenética puede complementar la genética y abrir nuevas posibilidades para la agricultura del futuro.

Al mismo tiempo, el campo todavía enfrenta preguntas importantes: entre ellas, qué tan estables son las marcas epigenéticas, si producen efectos útiles o duraderos, y cómo interactúan estas señales con el desarrollo y las condiciones del ambiente. Por eso, más que una solución inmediata, la epigenética representa una frontera de conocimiento: un espacio donde la ciencia básica puede generar herramientas más finas para comprender y, en un futuro, mejorar la respuesta de las plantas.

En México, esta perspectiva también abre oportunidades para estudiar cultivos y especies de interés desde nuevos enfoques. En agave, por ejemplo, se ha observado que algunos cambios en las condiciones de cultivo *in vitro*, como la intensidad de la luz, pueden asociarse con alteraciones en la metilación global del ADN y con variaciones visibles en la pigmentación de *Agave angustifolia* (Duarte-Aké y Peña, 2023). También se han reportado diferencias genéticas y de metilación en *Agave tequilana* propagado de forma asexual (Díaz-Martínez et al., 2012), lo que vuelve especialmente interesante explorar cómo la regulación epigenética puede relacionarse con la estabilidad de rasgos importantes en especies de gran relevancia productiva para el país.

En este contexto, también se enmarca el proyecto "Descifrando la epigenética del mango: los siRNAs como pieza clave para su maduración poscosecha", que busca comprender cómo participan los ARNs pequeños en la regulación epigenética de este fruto. Aunque gran parte del conocimiento disponible proviene de especies más estudiadas, explorar estos mecanismos en plantas como el mango puede ser clave para sentar bases científicas más sólidas y, con el tiempo, contribuir al desarrollo de soluciones innovadoras y más precisas para los desafíos de la agricultura y la poscosecha.



Referencias

1. Bond, D. M., y Baulcombe, D. C. (2014). Small RNAs and heritable epigenetic variation in plants. Trends in cell biology, 24(2), 100-107.
2. Crisp, P. A., Ganguly, D., Eichten, S. R., Borevitz, J. O., y Pogson, B. J. (2016). Reconsidering plant memory: Intersections between stress recovery, RNA turnover, and epigenetics. Science advances, 2(2), e1501340.
3. Díaz-Martínez, M., Nava-Cedillo, A., Guzmán-López, J. A., Escobar-Guzmán, R., y Simpson, J. (2012). Polymorphism and methylation patterns in *Agave tequilana* Weber var. 'Azul' plants propagated asexually by three different methods. Plant Science, 185, 321-330.
4. Duarte-Aké, F., y Peña, C. D. L. (2023). Exploring the impact of low light intensity on DNA methylation in *Agave angustifolia* Haw. Albino variant. Journal of the Mexican Chemical Society, 67(3), 251-259.

5. Harris, C. J., Amtmann, A., y Ton, J. (2023). Epigenetic processes in plant stress priming: Open questions and new approaches. Current Opinion in Plant Biology, 75, 102432.
6. Hemenway, E. A., y Gehring, M. (2023). Epigenetic regulation during plant development and the capacity for epigenetic memory. Annual Review of Plant Biology, 74(1), 87-109.
7. Matzke, M. A., Kanno, T., y Matzke, A. J. (2015). RNA-directed DNA methylation: the evolution of a complex epigenetic pathway in flowering plants. Annual review of plant biology, 66, 243-267.
8. Roca Paixão, J. F., Gillet, F.-X., Ribeiro, T. P., Bournaud, C., Lourenço-Tessutti, I. T., Noriega, D. D., de Melo, B. P., de Almeida-Engler, J., y Grossi-de-Sa, M. F. (2019). Improved drought stress tolerance in Arabidopsis by CRISPR/dCas9 fusion with a Histone AcetylTransferase. Scientific Reports, 9(1), 8080.
9. Springer, N. M., y Schmitz, R. J. (2017). Exploiting induced and natural epigenetic variation for crop improvement. Nature reviews genetics, 18(9), 563-575.
10. Veley, K. M., Elliott, K., Jensen, G., Zhong, Z., Feng, S., Yoder, M., Gilbert, K. B., Berry, J. C., Lin, Z.-J. D., Ghoshal, B., Gallego-Bartolomé, J., Norton, J., Motomura-Wages, S., Carrington, J. C., Jacobsen, S. E., y Bart, R. S. (2023). Improving cassava bacterial blight resistance by editing the epigenome. Nature communications, 14(1), 85.
11. Wang, L., Cao, S., Wang, P., Lu, K., Song, Q., Zhao, F. J., Chen, Z. J. (2021). DNA hypomethylation in tetraploid rice potentiates stress-responsive gene expression for salt tolerance. Proceedings of the National Academy of Sciences, 118(13), e2023981118.
12. Xue, Y., Cao, X., Chen, X., Deng, X., Deng, X. W., Ding, Y., Dong, A., Duan, C.-G., Fang, X., Gong, L., Gong, Z., Gu, X., He, C., He, H., He, S., He, X.-J., He, Y., He, Y., Jia, G., Jiang, D., Jiang, J., Lai, J., Lang, Z., Li, C., Li, Q., Li, X., Liu, B., Liu, B., Luo, X., Qi, Y., Qian, W., Ren, G., Song, Q., Song, X., Tian, Z., Wang, J.-W., Wang, Y., Wu, L., Wu, Z., Xia, R., Xiao, J., Xu, L., Xu, Z.-Y., Yan, W., Yang, H., Zhai, J., Zhang, Y., Zhao, Y., Zhong, X., Zhou, D.-X., Zhou, M., Zhou, Y., Zhu, B., Zhu, J.-K., y Liu, Q. (2025). Epigenetics in the modern era of crop improvements. Science China Life Sciences, 68(6), 1570-1609.

Sobre los autores:

Mitzuko Dautt-Castro. Investigadora posdoctorante en el Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD). Su línea de investigación se centra en el estudio de los mecanismos epigenéticos mediados por ARNs pequeños en plantas, con especial interés en la maduración de frutos y la respuesta al estrés. Comprometida con la divulgación científica y la formación de nuevas generaciones de científicas y científicos. Responsable técnica del proyecto “Descifrando la epigenética del mango: los siRNAs como pieza clave para su maduración poscosecha”.

Greta Mariana Rubio-Goycochea. Asistente de SNII III en el Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD). Bióloga por la Universidad de Sonora, con interés en biología molecular y la divulgación de la ciencia.

Cita:

Dautt-Castro, M., & Rubio-Goycochea, G. M. (2026). Epigenética: la memoria invisible de las plantas. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 29–34. https://doi.org/10.5281/zenodo.21206917



¿Cómo el estudio del ADN ha contribuido a dilucidar el origen genético del mexicano?

Dra. Norma Yolanda Hernández Saavedra
Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C.

**Autor de correspondencia: nhernan04@cibnor.mx*

1. Introducción

1.1 La paleogenética y su relevancia para la ascendencia mexicana

Antes de entrar en materia, conviene detenerse en una idea clave: el ADN funciona como un archivo biológico. En él quedan rastros de nuestra historia evolutiva que no siempre aparecen en crónicas, monumentos o restos materiales, pero que permiten reconstruir partes enteras del pasado.

La paleogenética, también llamada análisis de ADN antiguo, estudia el material genético recuperado de huesos, dientes y otros restos arqueológicos (Wielgus et al., 2023). Dicho de otro modo, permite averiguar quiénes fueron nuestros antepasados, cómo se movieron y con qué otros grupos se relacionaron (Lalueza-Fox, 2018). Gracias a estas técnicas (Fig. 1), hoy sabemos que muchas poblaciones actuales conservan huellas genéticas de procesos ocurridos hace miles de años. Por eso, la paleogenética se ha convertido en una herramienta decisiva para contar la historia humana desde una perspectiva nueva y profundamente reveladora (Domínguez, 2024).

Por ejemplo, al analizar genomas antiguos de entre 700 y 8 000 años, Lazaridis et al. (2014) encontraron evidencia de que los europeos actuales descienden de tres grandes poblaciones ancestrales:

1. Cazadores-recolectores de Europa occidental, que aportaron ascendencia a todos los europeos, pero no a los habitantes del Cercano Oriente;
2. Antiguos euroasiáticos del norte, relacionados con los siberianos del Paleolítico Superior, contribuyeron tanto a los europeos como a los habitantes del Cercano Oriente; y
3. Los primeros agricultores europeos, que eran principalmente del Cercano Oriente, que también albergaban ascendencia relacionada con los cazadores-recolectores de Europa occidental.

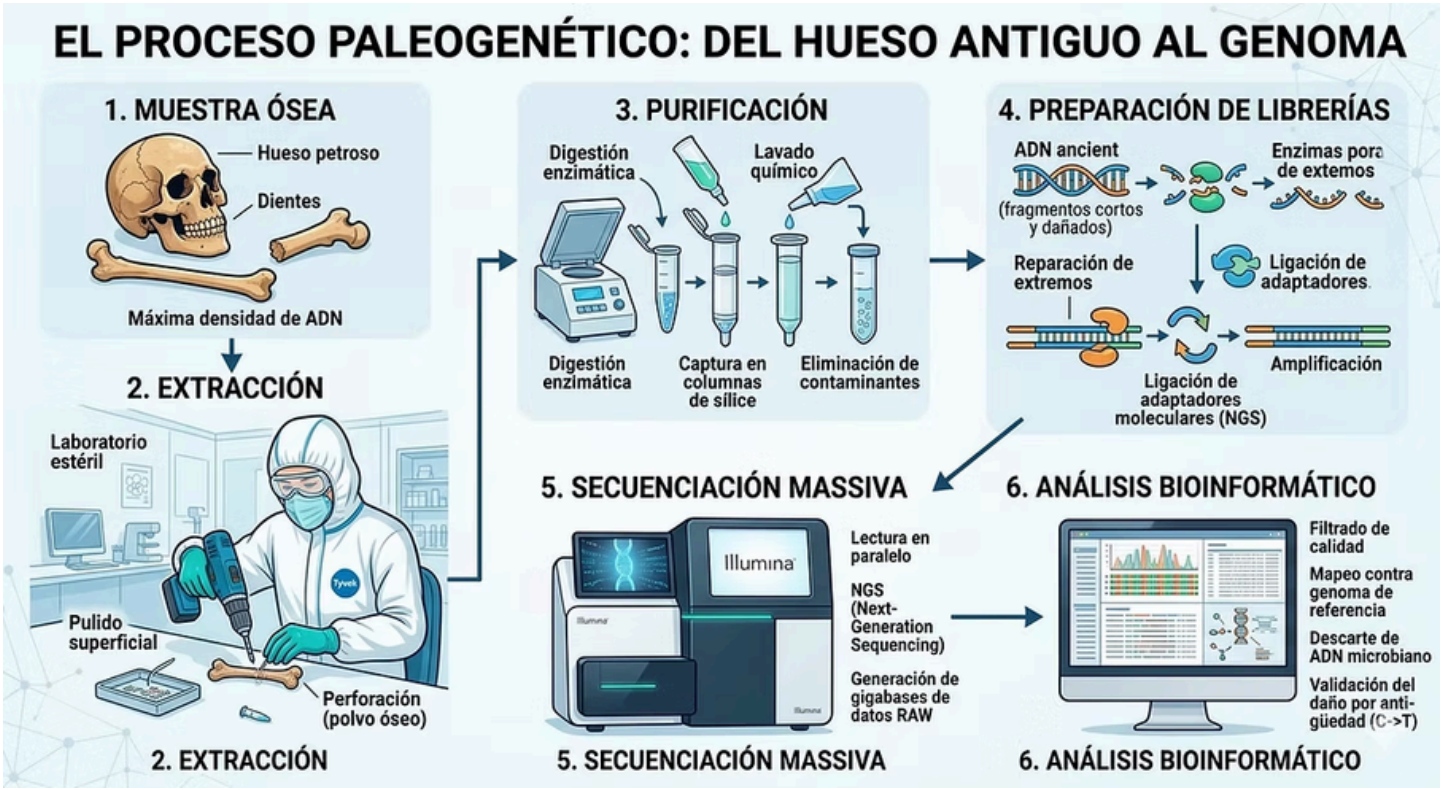


Figura 1. *Paleogenómica. Principales pasos metodológicos para la obtención, amplificación y análisis de ADN antiguo (imagen generada con GoggleIA_Nano Banana2).*

Los estudios de paleogenómica destacan cómo el ADN antiguo ayuda a esclarecer las rutas migratorias históricas, los eventos de mestizaje y la dinámica poblacional. Por ejemplo, los estudios realizados en la población mexicana muestran que más del 60% de los linajes maternos son de origen indígena, lo que subraya la profunda herencia nativa americana que persiste en la población contemporánea (León, 2024). Esto resalta la importancia de la paleogenética para descubrir las capas de herencia genética que han aportado en la construcción de las identidades culturales (los genes son un factor que interactúa con diferentes elementos -sociales, culturales y ambientales- para definir la estructura étnica de la población). En la Tabla 1 se muestran otras aplicaciones de la paleogenómica para estudios.

2. El complejo origen de los mexicanos

La explicación tradicional dice que los mexicanos somos el resultado de una mezcla entre pueblos indígenas y españoles. Pero cuando la genética entra en escena, el relato se ensancha. Esa mínima parte del genoma en la que se concentran nuestras diferencias también guarda rastros de migración, aislamiento, adaptación y mezcla. En el caso de México, esos rastros abren una ventana a un pasado mucho más complejo de lo que suele contarse (TecScience, 2026).

Durante mucho tiempo, la historia oficial de México se relató el como choque de dos mundos ocurrido en 1519. De un lado estaban los pueblos indígenas, herederos de civilizaciones como la mexica y la maya; del otro, los conquistadores españoles. Supuestamente, de esa mezcla nació la figura del mestizo como explicación del origen nacional.

Tabla 1. Principales aplicaciones de la paleogenética en estudios históricos y médicos (elaborado a partir de Lalueza-Fox, 2018 y históricos y médicos).

	Ejemplos
Reconstrucción de migraciones y demografía histórica	Seguimiento y establecimiento de rutas migratorias y contacto entre poblaciones: identificar movimientos humanos, colonizaciones y zonas de contacto (por ejemplo, expansión agrícola, migraciones prehistóricas). Identificación de cambios demográficos temporales: detectar aumentos, caídas o reemplazos poblacionales asociados a eventos climáticos, guerras o pandemias.
Datación y contextualización arqueológica	Correlación genética-estratigráfica: complementar dataciones radiocarbónicas con evidencia genética para confirmar continuidad o reemplazo cultural. Autenticación de restos: confirmar que restos atribuidos a una cultura o periodo pertenezcan realmente a esa cronología mediante comparación genética
Estudios de domesticación y manejo de fauna/flora	Origen y difusión de cultivos y animales domésticos: identificar centros de domesticación, rutas de difusión y eventos de intercambio entre poblaciones humanas. Mejoramiento histórico: reconstruir cambios genéticos ligados a rasgos seleccionados (resistencia, rendimiento) para entender prácticas agrícolas antiguas.
Paleopatología y evolución de patógenos	Reconstrucción de epidemias antiguas: identificar agentes causales (Yersinia pestis, Mycobacterium tuberculosis, variola, etc.) y su evolución temporal. Dinámica de transmisión: entender cómo emergieron, adaptaron o desaparecieron cepas y sus vectores. Implicación médica: trazar la aparición de genes de virulencia o resistencia que informen riesgos actuales y modelos epidemiológicos.
Historia de la resistencia genética y adaptaciones humanas	Adaptaciones a dieta, clima y patógenos: detectar alelos seleccionados (por ejemplo, tolerancia a lactosa, adaptación a altitud) y cuándo se difundieron. Medicina evolutiva: comprender predisposiciones modernas a enfermedades (metabólicas, autoinmunes) en el contexto de adaptaciones pasadas.

Estudios de microbioma antiguo y salud histórica	Microbioma oral/intestino: reconstruir composiciones microbianas antiguas para entender dieta, higiene y enfermedades bucales o digestivas. Comparación temporal: evaluar cómo la urbanización y la medicina moderna han alterado bacterias beneficiosas o patógenas.
Forense histórico y repatriación	Identificación de individuos históricos: ayudar a identificar restos relevantes para estudios forenses o históricos (p. ej., figuras históricas, víctimas de conflictos). Soporte a repatriación: aportar evidencias genéticas que informen decisiones sobre restitución de restos a comunidades originarias.
Conservación biomolecular y restauración cultural	Autenticidad de artefactos biológicos: identificar materiales biológicos en artefactos (p. ej., pigmentos, ligantes) para conservación. Restauración genética de especies domésticas/agrícolas: informar programas de conservación y reintroducción basados en diversidad histórica
Línea base genética para medicina poblacional	Contexto de variación genética: conocer la diversidad ancestral ayuda a interpretar variantes genéticas modernas y su asociación con enfermedades. Salud pública: mejorar paneles de variación relevantes para poblaciones con historia genética particular (por ejemplo, las mestizas).
Educación pública y reconstrucción cultural	Narrativas históricas más precisas: integrar datos genéticos con arqueología para comunicar la historia humana de forma más completa. Empoderamiento comunitario: trabajos colaborativos con comunidades indígenas para reconstruir historias de origen y migración cuando así se acuerde.

Sin embargo, los estudios genéticos recientes han complicado profundamente esa narrativa. Actualmente sabemos que la población mexicana no es únicamente el resultado de la mezcla de dos ingredientes mezclados, en proporciones iguales, sino el resultado de al menos 12,000 años de migraciones, fusiones, conquistas, epidemias y transformaciones genéticas que no aparecen en los textos escolares.

2.1 Las primeras migraciones y el inicio de nuestra identidad

Para entender lo que el ADN ha revelado sobre los mexicanos, hay que retroceder mucho más allá de la Conquista. Hay que remontarse a la última glaciación, cuando el nivel del mar bajó tanto que surgió un puente natural entre Siberia y Alaska. Por allí entraron los primeros grupos humanos al continente americano hace entre 15,000 y 20,000 años (Fig. 2A) introduciendo al continente americano parte del ADN de dos poblaciones arcaicas: los neandertales y los denisovanos (Fig 3). Después de la primera expansión, hubo una segunda ola migratoria desde Norteamérica hacia el sur, hace unos 9,000 años, que dejó una huella genética muy fuerte y que, en gran parte de Sudamérica, reemplazó casi toda la herencia genética de poblaciones anteriores (Fig. 2B). En este estudio también se identificó una tercera ola migratoria, hace unos 1 300 años, de poblaciones desde Mesoamérica, en particular del sur de México, hacia Sudamérica y el Caribe (Fig. 2C), lo que revela una conexión más

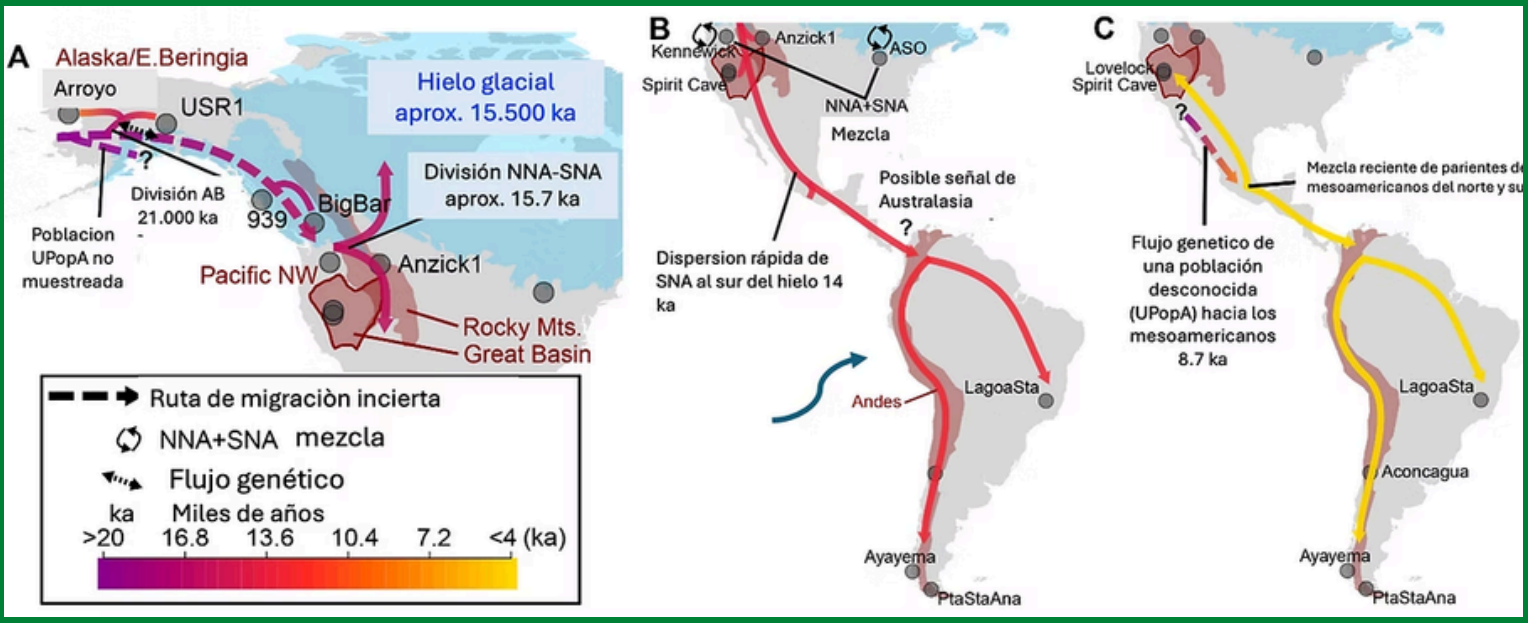


Figura 2. *Representación esquemática de los procesos de dispersión y divergencia humana en las Américas, ordenados cronológicamente. (A) Entrada inicial en la Beringia oriental y luego hacia la América del Norte no glaciada, ~25 000 años a ~13 000 años. (B) Período de dispersión a lo largo del hemisferio, ~14000 años a ~6 000 años. (C) Expansión poblacional desde Mesoamérica en algún momento después de ~8 700 años. Estos grupos se desplazaron hacia el norte hasta la Gran Cuenca, provocando un reemplazo poblacional después de 2 000 años. En Sudamérica, esa expansión contribuyó a la ascendencia de la mayoría de los grupos sudamericanos (modificado Moreno-Mayar et al., 2018).*

reciente y dinámica entre estas áreas de lo que se pensaba hasta ahora (Moreno-Mayar et al., 2018).

El estudio de Castro e Silva et al. (2026) indica que, con algunas excepciones en el Ártico, los pueblos indígenas americanos actuales descienden de los grupos que cruzaron por Beringia hace unos 15,000 años. Sin embargo, ese no fue un proceso lineal ni uniforme. También se han propuesto desplazamientos posteriores desde el norte hacia el sur, además de rutas costeras por el Pacífico. En otras palabras, el poblamiento de América no fue una sola marcha continua, sino una serie de movimientos humanos que, con el tiempo, dejaron una gran diversidad genética en el continente y también en México (Moreno-Mayar et al., 2018). Entonces, los ancestros de los pueblos que eventualmente habitaron lo que hoy es México no llegaron de un solo lugar ni en un solo momento, vinieron en múltiples oleadas de pobladores asiáticos que se separaron del resto de la humanidad hace 20 000 y 35 000 años y pasaron siglos aislados en las estepas siberianas antes de cruzar al continente americano (Figs. 2 y 3).

Otro gran momento de cambio ocurrió hace unos 10,000 años, cuando el clima se transformó, desaparecieron muchos grandes mamíferos y distintos grupos humanos comenzaron a domesticar plantas como el maíz en el Valle del Balsas, en el actual Guerrero (Fig. 4A). Ese paso de grupos nómadas a sedentarios no solo modificó la alimentación y la economía a nivel mundial: también cambió la genética de las poblaciones. Cuando los grupos humanos se vuelven sedentarios, crecen con más rapidez, se expanden y transmiten sus linajes a nuevas regiones. La agricultura, en ese sentido, no solo sembró alimentos (Fig. 4B); también ayudó a redistribuir genes.

2.2 El territorio precolombino

Mucho antes de que llegaran los españoles, el territorio que hoy llamamos México ya era un espacio en movimiento. Civilizaciones como la olmeca, la teotihuacana, la maya y la mexica no solo intercambiaron mercancías, ideas y poder; también pusieron en circulación personas y, con ellas, genes.

Detrás de las rutas comerciales, las alianzas y las conquistas, también había desplazamientos humanos, mezclas de población y nuevas capas de diversidad.

Por ello, antes de la llegada de los españoles, el genoma de los pueblos indígenas de México ya no era homogéneo, sino el resultado de la superposición de múltiples linajes acumulados durante milenios de historia mesoamericana (Fig. 5; Castro e Silva, 2026). Cada civilización dominante dejó una huella genética propia y, sobre ese entramado previo, se incorporaron después las poblaciones llegadas de Europa.

2.2 El territorio precolombino

Mucho antes de que llegaran los españoles, el territorio que hoy llamamos México ya era un espacio en movimiento. Civilizaciones como la olmeca, la teotihuacana, la maya y la mexica no solo intercambiaron mercancías, ideas y poder; también pusieron en circulación personas y, con ellas, genes. Detrás de las rutas comerciales, las alianzas y las conquistas, también había desplazamientos humanos, mezclas de población y nuevas capas de diversidad.

Por ello, antes de la llegada de los españoles, el genoma de los pueblos indígenas de México ya no era homogéneo, sino el resultado de la superposición de múltiples linajes acumulados durante milenios de historia mesoamericana (Fig. 5; Castro e Silva, 2026). Cada civilización dominante dejó una huella genética propia y, sobre ese entramado previo, se incorporaron después las poblaciones llegadas de Europa.

3. Colonización, mestizaje y transformación genética

La llegada de Hernán Cortés en 1519 no solo reordenó el poder en Mesoamérica. También cambió, de manera radical, su mapa biológico. En ese momento, el territorio que hoy conocemos como México estaba habitado por unos 15 a 25 millones de personas; hacia 1650, esa cifra había caído a unos 1.2 y 2.5 millones. La guerra fue parte del desastre, pero no toda la historia. Enfermedades como el sarampión, la viruela (Totomonaliztli) y el tifus (Matlazáhuatl) irrumpieron en poblaciones sin defensas inmunológicas frente a esos patógenos (Fig. 6; Trujillo y González, 2026).



Figura 3. *Reconstrucción estética de poblaciones arcaicas que dieron origen a los ancestros de los grupos humanos que llegaron a América por Beringia: los neandertales (tomado de NatGeo, 2026) y los denisovanos (tomado de Strickland, 2018).*

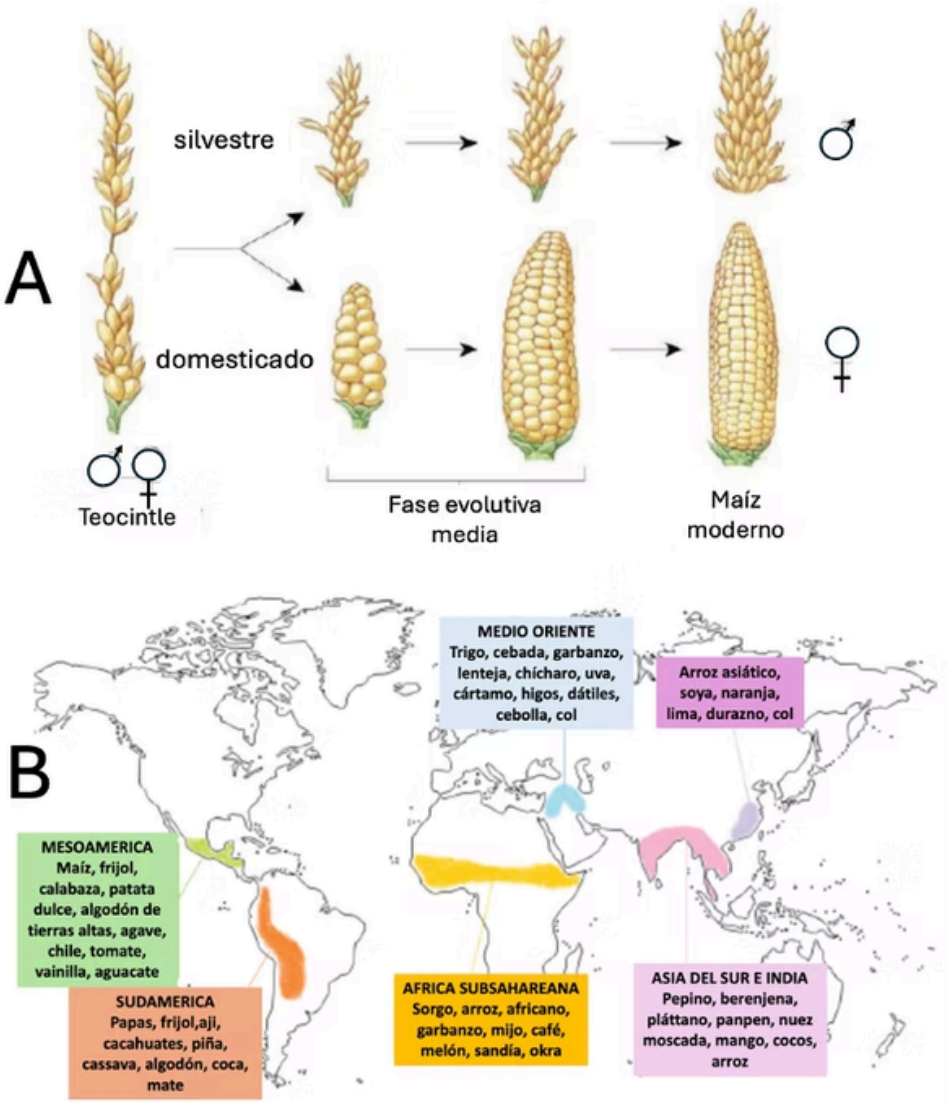


Figura 4. *Domesticación del maíz. A, Con base en evidencia genética, en 1939 se propuso que los teocintles son los ancestros directos del maíz, aunque sean morfológicamente diferentes. Por un lado, el teocintle tiene múltiples ramas con numerosas espigas (inflorescencias masculinas) y pequeñas mazorcas (inflorescencias femeninas), mientras que el maíz generalmente tiene un solo tallo, una espiga terminal y unas pocas ramas laterales sobre las cuales crecen las mazorcas. B, Principales centros de domesticación de plantas en el mundo (tomado de Corona y Hernández, 2026).*

Lo que siguió fue una de las mayores catástrofes demográficas de la historia humana. En algunas regiones murió hasta el 90% de la población en apenas dos generaciones. Desde el punto de vista genético, eso tuvo un efecto enormco. En ese momento, el territorio que hoy conocemos como México estaba habitado por unos 15 a 25 millones de personas; hacia 1650, esa cifra había caído a unos 1.2 y 2.5 millones. La guerra fue parte del desastre, pero no toda la historia. Enfermedades como el sarampión, la viruela (Totomonaliztli) y el tifus (Matlazáhuatl) irrumpieron en poblaciones sin defensas inmunológicas frente a esos patógenos (Fig. 6; Trujillo y González, 2026).

Lo que siguió fue una de las mayores catástrofes demográficas de la historia humana. En algunas regiones murió hasta el 90% de la población en apenas dos generaciones.

Desde el punto de vista genético, eso tuvo un efecto enorme: cuando una población se reduce de forma tan drástica, muchos linajes desaparecen por completo y los supervivientes transmiten con mayor peso las variantes que lograron persistir. En cierto sentido, la epidemia también redibujó el mapa genético del país (McCaa, 1995).e: cuando una población se reduce de forma tan drástica, muchos linajes desaparecen por completo y los supervivientes transmiten con mayor peso las variantes que lograron persistir. En cierto sentido, la epidemia también redibujó el mapa genético del país (McCaa, 1995).

En consecuencia, el ADN de los mexicanos modernos refleja no solo la mezcla entre españoles e indígenas, sino también el efecto de un filtro demográfico brutal.

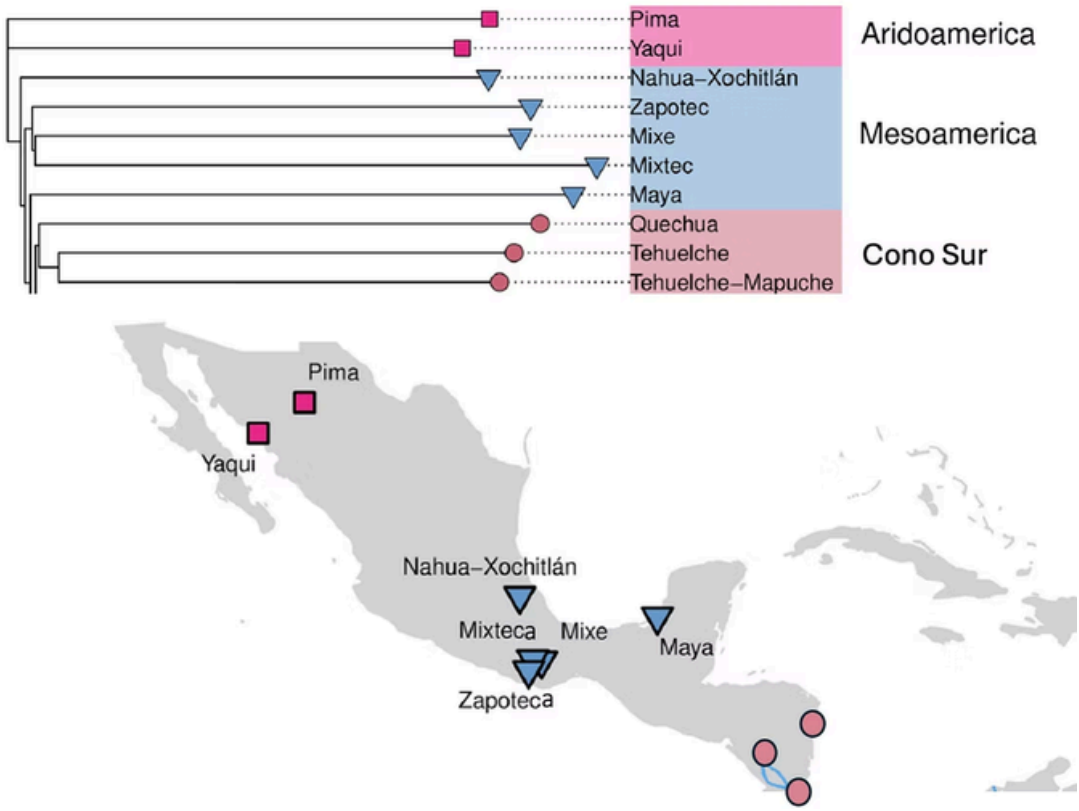


Figura 5. *Principales linajes genéticos acumulados durante milenios de historia mesoamericana antes de la llegada de los españoles (modificado de Castro e Silva, 2026).*

Los genes que sobrevivieron al colapso del siglo XVI son, en gran medida, los que hoy circulan en la población mexicana; ese proceso eliminó para siempre una parte de la diversidad genética existente antes de la conquista. Además, la situación se vuelve aún más compleja si consideramos que los conquistadores no formaban un grupo homogéneo de castellanos, sino que procedían de una península ibérica moldeada durante siglos por celtas, romanos, visigodos, pueblos norteafricanos y civilizaciones islámicas (Barton, 2009).

Cuando se examina la herencia española en el ADN de los mexicanos, no aparece una sola Europa compacta y uniforme. Lo que emerge es una historia mucho más entrelazada: la península ibérica había recibido, durante siglos, aportes de pueblos mediterráneos, norteafricanos y del Oriente Medio. Así que los españoles que cruzaron el Atlántico ya traían consigo una herencia genética diversa. En otras palabras, incluso antes de llegar a América, ese componente europeo ya era un mosaico (Fig. 7; HH, 2022; Jiménez y Muñoz, 2015; López, 2021).

En consecuencia, el ADN de los mexicanos modernos refleja no solo la mezcla entre españoles e indígenas, sino también el efecto de un filtro demográfico brutal. Los genes que sobrevivieron al colapso del siglo XVI son, en gran medida, los que hoy circulan en la población mexicana; ese proceso eliminó para siempre una parte de la diversidad genética existente antes de la conquista. Además, la situación se vuelve aún más compleja si consideramos que los conquistadores no formaban un grupo homogéneo de castellanos, sino sino que procedían de una península ibérica moldeada durante siglos por celtas, romanos, visigodos, pueblos norteafricanos y civilizaciones islámicas (Barton, 2009).

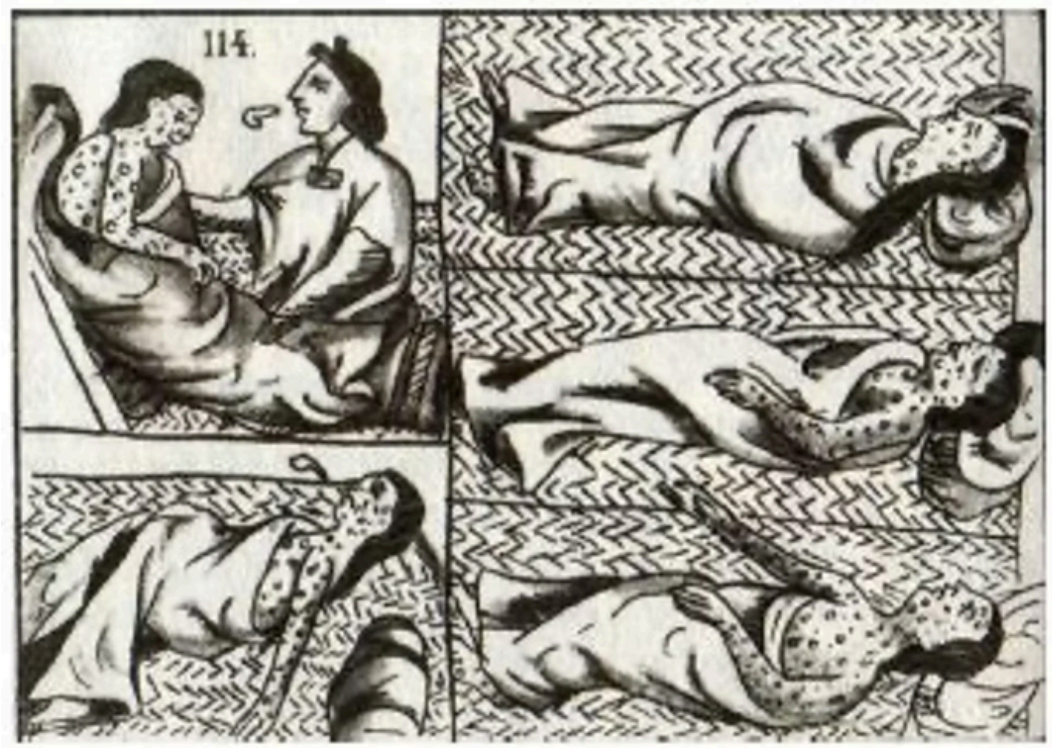


Figura 6. *Imagen del folio 53v, en el que se muestra el impacto de las enfermedades europeas entre los indígenas mesoamericanos: "Tenían todo el cuerpo y toda la cara y todos los miembros tan llenos y lastimados de viruelas que no se podían bullir ni menear de un lugar, ni volverse de un lado a otro, y si alguno los meneaba daban voces" (Sahagun, 2023).*

Cuando se examina la herencia española en el ADN de los mexicanos, no aparece una sola Europa compacta y uniforme. Lo que emerge es una historia mucho más entrelazada: la península ibérica había recibido, durante siglos, aportes de pueblos mediterráneos, norteafricanos y del Oriente Medio. Así que los españoles que cruzaron el Atlántico ya traían consigo una herencia genética diversa. En otras palabras, incluso antes de llegar a América, ese componente europeo ya era un mosaico (Fig. 7; HH, 2022; Jiménez y Muñoz, 2015; López, 2021).

A ello se suma la llegada forzada de aproximadamente 200,000 personas africanas esclavizadas entre 1519 y el siglo XIX. Estas poblaciones se distribuyeron por distintas regiones del virreinato y, con el tiempo, se mezclaron con grupos indígenas y europeos. Como resultado, muchos de sus descendientes adoptaron identidades mestizas o indígenas y, en numerosos casos, se perdió la memoria explícita de ese origen. Estudios genéticos en la Costa Chica de Guerrero y Oaxaca, así como en estados del interior del país, han identificado porcentajes variables de ascendencia africana subsahariana en personas que no necesariamente reconocían esa herencia como parte de su historia familiar (Fig. 8; León, 2024).

De acuerdo con Moreno-Estrada et al. (2014), un estudio que integró datos genéticos con información geográfica y cultural mostró que entre los seris y los lacandones existen diferencias mayores que las observadas entre algunas poblaciones europeas y asiáticas. El análisis regional identificó, además, tres grandes agrupamientos genéticos: uno en el noroeste, otro en el sur de México y un tercero en la zona maya. Más tarde, en 2009, el Instituto Nacional de Medicina Genómica presentó oficialmente el llamado genoma del mexicano, un estudio pionero que abrió el camino para investigaciones posteriores con muestras de múltiples grupos indígenas del país (Fig. 9; Zolezzi et al., 2009).

3.1 Migraciones posteriores y nuevas capas de diversidad

La historia genética de México no se detuvo en el virreinato. En los siglos XIX y XX siguieron arribando al país personas que también dejaron huella en su composición, aunque a menudo ocupan un lugar marginal en los relatos tradicionales.



Figura 7. *Historia de la ocupación de la península ibérica. A) Hispania, ocupación Romana hasta el año 27 A.C. (tomado de HH, 2022); B) Hispania, ocupación visigoda hasta el año 573 (tomado de Jiménez y Muñoz, 2015); C) península ibérica, ocupación musulmana en 4 etapas en los años: 711, 756, 929 y 1030, (tomado de López, 2021).*

Entre 1880 y 1930, por ejemplo, miles de inmigrantes chinos arribaron atraídos por el ferrocarril y el comercio, sobre todo en regiones como Mexicali y la península de Baja California. También se asentaron comunidades libanesas, sirias y palestinas, muchas de ellas empujadas por la crisis del Imperio otomano. Más tarde llegaron judíos sefardíes, alemanes, republicanos españoles exiliados, japoneses, italianos y polacos, entre otros grupos.

Con el paso del tiempo, muchas de estas personas y sus descendientes se integraron plenamente a la vida social y cultural del país. Sin embargo, su presencia también dejó huellas genéticas que se sumaron a la ya compleja mezcla preexistente. Algunas de esas huellas son visibles en la memoria familiar o en los apellidos; otras permanecen silenciosas, pero siguen formando parte del mosaico genético de la población mexicana contemporánea.

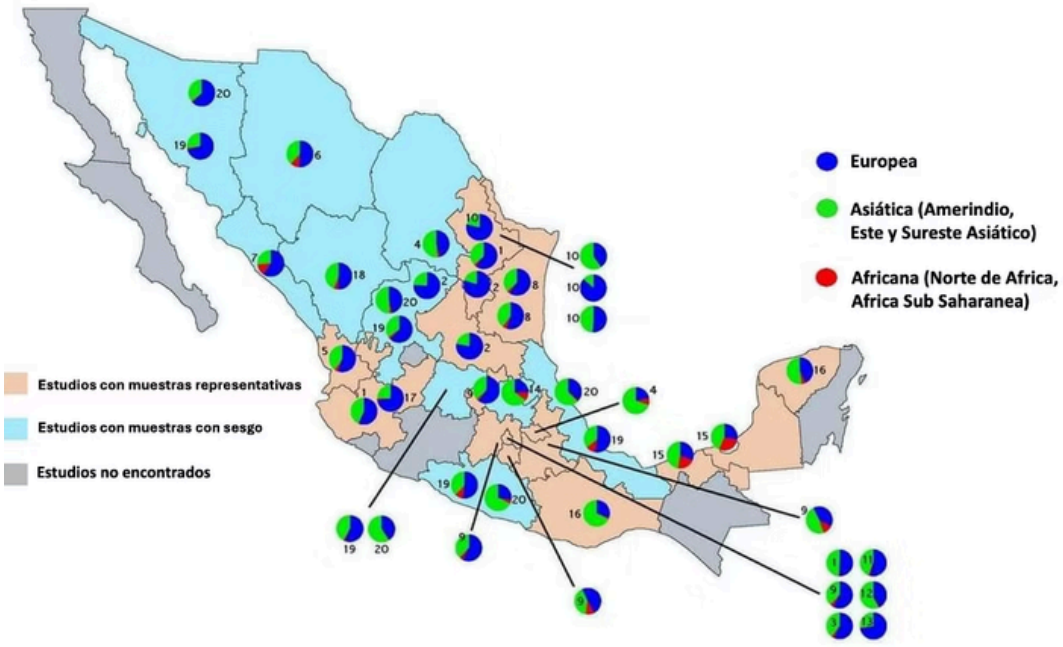


Figura 8. *Estructura de la población mexicana. Mapa de las poblaciones muestreadas y proporciones promedio de mezcla. Las áreas sombreadas indican los estados en los que se muestrearon poblaciones cosmopolitas, los gráficos circulares resumen las proporciones promedio por estado de las muestras cosmopolitas (europeas en azul, asiáticas en verde y africanas) (modificado de León, 2024).*

10.5281/zenodo.21207005

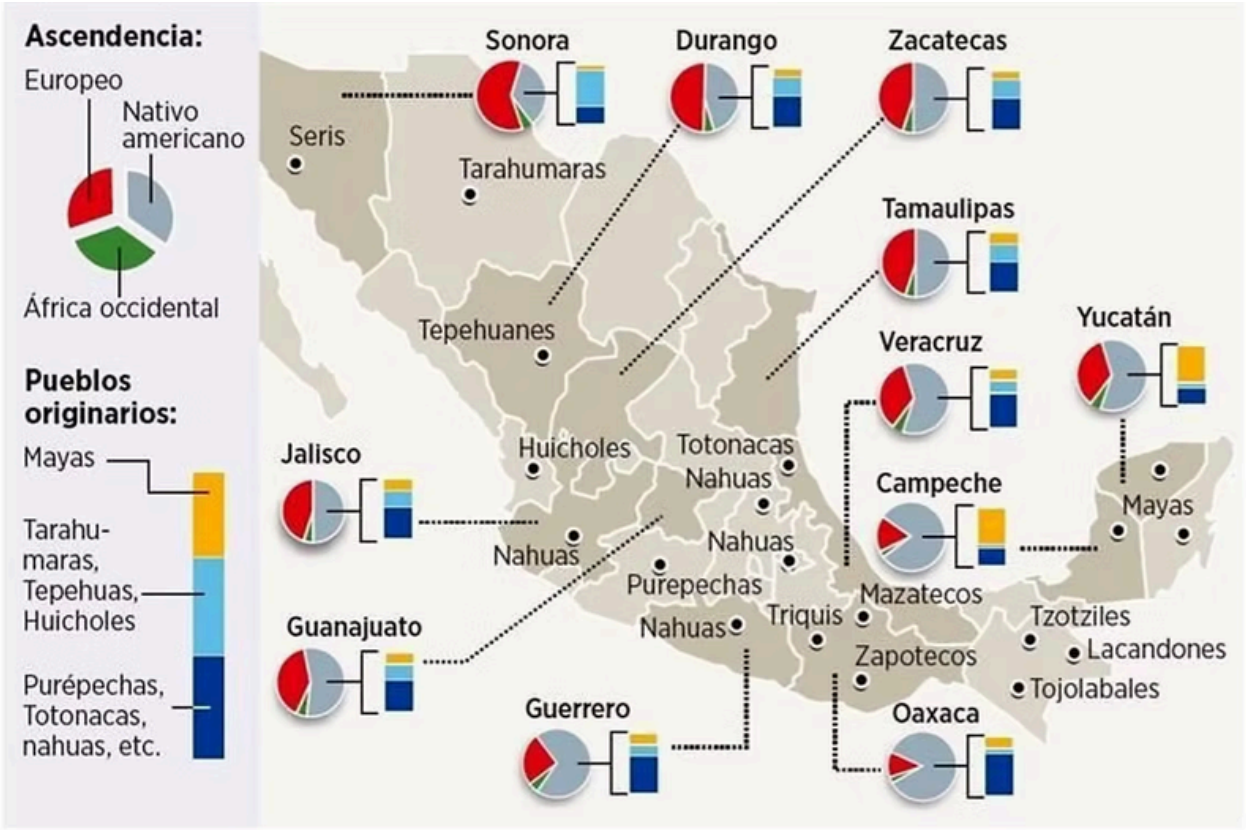


Figura 9. Ascendencia genética indígena en diferentes regiones de México. Mapa de las poblaciones muestreadas y proporciones promedio de mezcla. Los gráficos circulares resumen las proporciones promedio por estado de las muestras cosmopolitas (europeas en rojo, africano en verde y nativo americano en gris). En las columnas se indica la proporción del legado indígena (amarillo: maya; azul claro: tarahumara; azul marino: purépecha) (tomado de Saavedra, 2024).

3.2 Panorama genético actual de la población mexicana

Hoy, por primera vez, ese mapa genético puede observarse con una resolución inédita. En 2023 se puso en marcha uno de los estudios más ambiciosos del país, liderado por el Instituto Nacional de Medicina Genómica, con más de 10,000 muestras de ADN procedentes de 27 estados.

Los resultados confirmaron algo clave: México no tiene un solo perfil genético, sino muchos. Los habitantes del norte difieren de los del sur, Yucatán conserva una fuerte ascendencia maya y Veracruz muestra porcentajes especialmente elevados de ascendencia africana (Saavedra, 2024). El estudio también reveló que buena parte de la población mestiza heredó su componente indígena de varios pueblos a la vez —entre ellos purépechas, zapotecas, totonacas y tarahumaras— y que su componente europeo no remite únicamente a Castilla, sino también al sur de España, Portugal y el Levante.

4. Conclusiones

Vista en conjunto, la evidencia genética obliga a revisar una de las ideas más repetidas sobre la identidad mexicana. El mestizaje no fue solo la suma de dos mundos, sino el resultado de al menos 12,000 años de desplazamientos, encuentros, pérdidas, resistencias y mezclas. En esa historia conviven migraciones asiáticas, desarrollos mesoamericanos, conquista española, esclavitud africana y oleadas migratorias más recientes. El ADN no dicta quiénes somos, pero sí permite seguir el rastro de la larga historia que nos formó. Definir esos linajes antiguos no solo cambia lo que sabemos del

pasado: también cambia la manera en que entendemos el presente.

En pocos años, el campo del ADN antiguo ha pasado de ser una disciplina anecdótica y artesanal a convertirse en uno de los campos científicos más dinámicos, que está generando datos genómicos masivos de cientos de individuos del pasado. Estos incluyen desde homínidos extintos, como los neandertales o los denisovanos, hasta poblaciones humanas ancestrales que nos informan del poblamiento reciente de los continentes. La paleogenómica proporciona información directa, en el espacio y en el tiempo, de aspectos adaptativos y demográficos de las poblaciones humanas, y pone también de manifiesto patrones complejos de migraciones pasadas que nos ayudan a entender la diversidad actual.

5. Referencias

Barton, Simon (2009). A history of Spain (en inglés) (2.ª edición). Basingstoke: Palgrave Macmillan. ISBN 978-0230200111.

Castro e Silva, M.A., Nunes, K., Ribeiro, M.R. et al. (2026). The evolutionary history and unique genetic diversity of Indigenous Americans. Nature 653, 134–145. https://doi.org/10.1038/s41586-026-10406-w.

Corona Tejeda P., Hernández Cumplido J. (2026). Domesticación de plantas. Sabermas, UMICH. Consultado 06/05/2026.

Domínguez Álvarez Icaza, E. (2024). Paleogenómica: la vida y sus amenazas en el pasado. Ciencia UNAM-DGDC. Consultado 05/05/2026.

Historiadores Históricos (HH). (2022). La Hispania Romana y la Monarquía Visigoda. Historiadores Históricos. Consultado 14/05/2026.

Jiménez M., Muñoz, A. (2015). Reino Visigodo. Historia del España. Consultado 14/05/2026.

Lalueza-Fox, C. (2018). A brief history of palaeogenomics. How a young discipline revolutionised the study of the past. Mètode Science Studies Journal, 8.doi: 10.7203/metode.8.9226

Lazaridis, I., et al. (2014). Ancient human genomes suggest three ancestral populations for present-day Europeans. Nature, 513, 409–413. doi: 10.1038/nature13673

León Sal, G. (2024). Genetics in Mexico In Mexicans DNA Indigenus, european and african. Ancestry-23&me-FTDNA-GEDmatch-DNA-andMore Open Discussion. Consultado 05/05/2026.

López C. 2021. La historia de al-Ándalus. Superprofs. Consultado 13/05/2026.

McCaa R. (1995). ¿Fue el siglo XVI una catástrofe demográfica para México? Una respuesta basada en la demografía histórica no cuantitativa. Cuadernos de Historia,15:123-136.

Moreno-Estrada A., et al. (2014). Human genetics. The genetics of Mexico recapitulates Native American substructure and affects biomedical traits. Science, 13;344(6189):1280-5. doi: 10.1126/science.1251688

Moreno-Mayar J.V., et al. (2018). Early human dispersals within the Americas. Science, 7;362(6419):eaav2621. doi: 10.1126/science.aav2621.

NatGeo. (2026). Neanderthales. Temas Imprescindibles, National Geographic. Consultado 06/05/2026.

Saavedra D. 2014. Presumen mapa genético del mexicano. Reforma. Consultado 14/05/2026.

Sahagún, Bernardino de, et al. (2023) Historia general de las cosas de Nueva España: libro 12. Disponible en Códice Florentino Digital/Digital Florentine Codex, editado por Kim N. Richter, Alicia María Houtrouw, Kevin Terraciano, Jeanette Peterson, Diana Magaloni y Lisa Sousa, lib. 12, fol. 53v. Los Angeles: Getty Research Institute. Consultado 14/05/2026.

Strickland P. (2018). Los misteriosos denisovanos se mezclaron con los humanos modernos más de una vez. CNN. Consultado 06/05/2026.

TecScience. 2026. Origen: la búsqueda del genoma mexicano. TecScience. Consultado 13/05/2026.

Trujillo Aguirre R.M., González Flores J.G. (2026). Las epidemias de viruela y tifo en el siglo XVIII. Saber Mas. Consultado 12/05/2026.

TV UNAM. 2025. ¿Quiénes somos los mexicanos? Arqueología Mexicana. Consultado 05/05/2026.

Wielgus K, Danielewski M, Walkowiak J. (2023). Svante Pääbo, reader of the Neanderthal genome. Acta Physiol (Oxf). 237(1):e13902. doi: 10.1111/apha.13902.

Zolezzi I.S., et al. (2009). Analysis of genomic diversity in Mexican Mestizo populations to develop genomic medicine in Mexico. Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 106(21):8611-8616, https://doi.org/10.1073/pnas.0903045106.

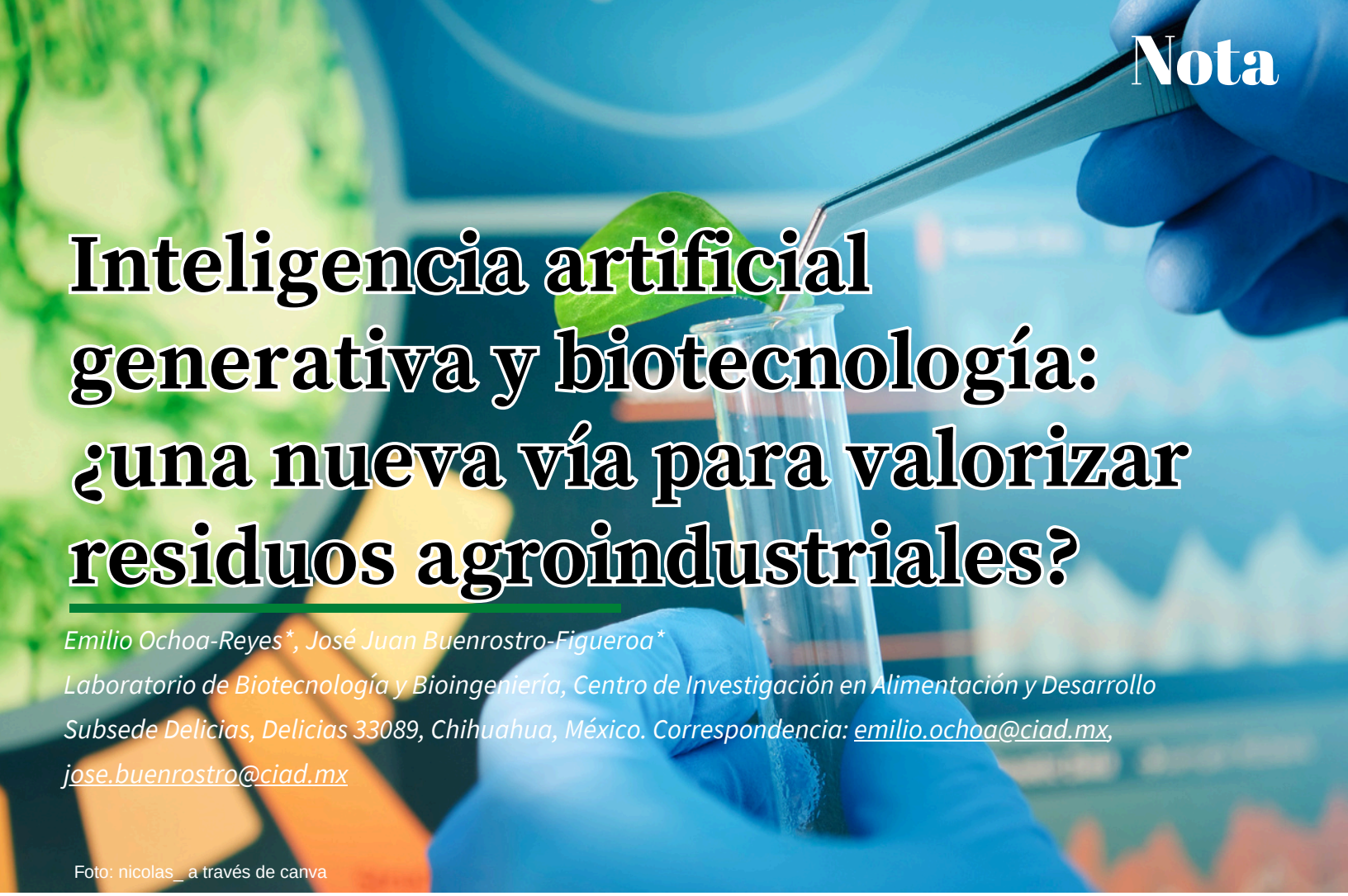
Sobre la autora



Dra. Norma Y. Hernández Saavedra. Investigadora Titular, CIBNOR. Sistema Nacional de Investigadores Nivel 2. Scopus, Research Gate, ORCID, Academia.

Cita

Hernández-Saavedra, N. Y. (2026). ¿Cómo el estudio del ADN ha contribuido a dilucidar el origen genético del mexicano?. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 35–47. https://doi.org/10.5281/zenodo.21207005



Inteligencia artificial generativa y biotecnología: ¿una nueva vía para valorizar residuos agroindustriales?

Emilio Ochoa-Reyes, José Juan Buenrostro-Figueroa**
Laboratorio de Biotecnología y Bioingeniería, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo Subsede Delicias, Delicias 33089, Chihuahua, México. Correspondencia: emilio.ochoa@ciad.mx, jose.buenrostro@ciad.mx

Foto: nicolas_ a través de canva

La agroindustria es, sin duda, un pilar de la seguridad alimentaria y de la economía global. No obstante, el crecimiento demográfico ha traído consigo una cara amarga: la acumulación masiva de residuos orgánicos. Pero más allá de ver estos desechos como un simple problema ambiental, debemos entender que esconden una biomasa cargada de compuestos bioactivos con un potencial enorme. Aquí es donde la economía circular propone un cambio de mentalidad necesario, dejando de ver la "basura" para reconocerla como un conjunto de recursos que pueden volver a entrar en la cadena productiva, minimizando el desperdicio y rescatando el valor de cada material (Singh, 2025).

Existen grupos de investigación que se enfocan precisamente en la biotransformación de estos subproductos mediante la fermentación en estado sólido. La evidencia científica es clara: estos procesos no solo permiten recuperar compuestos fenólicos de gran valor, sino también sintetizar enzimas clave. Así, lo que antes terminaba en un vertedero, hoy se convierte en una fuente estratégica de antioxidantes y aditivos para los sectores alimentario y farmacéutico (Gomes et al., 2024; Singh, 2025).

Este aprovechamiento siempre ha encontrado un aliado natural en la biotecnología. El uso de microorganismos y consorcios microbianos permite convertir residuos en productos de alto valor; sin embargo, el salto del laboratorio a la industria sigue siendo un desafío complejo. La variabilidad propia de los sistemas biológicos, sumada a su extrema sensibilidad ante cualquier cambio operativo, suele incrementar los costos y comprometer la eficiencia (SEBiot, 2023; Gomes et al., 2024). Lograr que estos bioprocesos sean estables y escalables sigue siendo, por tanto, el gran reto a vencer.

Frente a estos retos, en los últimos años ha irrumpido una herramienta con una capacidad transformadora indiscutible: la Inteligencia Artificial Generativa (IAGen).

Esta tecnología es capaz de crear contenido nuevo, como textos, imágenes, secuencias biológicas o escenarios de proceso, a partir de análisis de grandes volúmenes de datos. El papel de la IAGen en este campo suele entenderse a través del prisma de las “biotecnologías por color”: desde la rama verde (agrícola) y la roja (salud), hasta la blanca (industrial) y la azul (marina) (Gomes et al., 2024; Singh, 2025). Lo interesante aquí es que la valorización de residuos agroindustriales no se limita a una sola categoría, sino que vive en la intersección de las biotecnologías blanca, verde y azul. Es precisamente en ese punto de encuentro donde la integración de modelos de IA se vuelve más relevante para resolver las ineficiencias del escalamiento industrial (Singh, 2025).

El aprendizaje automático está cambiando las reglas del juego en el diseño de procesos para la biotecnología industrial. Un caso claro es la fermentación en estado sólido con hongos como Rhizopus oligosporus; aquí, el uso de Redes Neuronales Artificiales (modelos computacionales inspirados en el funcionamiento del cerebro, capaces de reconocer patrones y aprender a partir de la información disponible), ha permitido un ajuste de las variables de cultivo mucho más fino que los métodos convencionales (Gomes et al., 2024).



Los resultados hablan por sí solos: se han logrado repuntes importantes en el rendimiento de las enzimas industriales, superando con creces lo que ofrecían los modelos predictivos de toda la vida. Esto no solo mejora el control, sino que también confirma que estas herramientas son fundamentales para que los bioprocesos sean realmente eficientes. Asimismo, la IA permite procesar grandes volúmenes de datos genéticos y automatizar procesos de laboratorios. Herramientas basadas en algoritmos avanzados para la predicción de estructuras de proteínas en 3D (como AlphaFold) o en plataformas de diseño de variantes proteicas (como Cradle) están acelerando a una velocidad inédita el diseño de enzimas altamente específicas para degradar residuos agrícolas que, de otro modo, serían difíciles de procesar (Gomes et al., 2024; Ivančić et al., 2025).

¿Qué papel real puede jugar la IA generativa en este escenario?

La IA generativa aporta capacidades interesantes para el diseño de biocatalizadores, la propuesta de configuraciones de proceso y la generación de “escenarios” de operación en biorrefinerías, especialmente cuando se combina con bases de datos experimentales amplias y con modelos mecanísticos de los bioprocesos (Gomes et al., 2024). En el ámbito de la biotecnología industrial, ya se han publicado trabajos en los que los modelos de lenguaje basados en proteínas ayudan a diseñar enzimas y secuencias completamente nuevas con actividades mejoradas, así como estrategias de operación y de monitorización en tiempo real para biorreactores complejos (Ivančić et al., 2025).

Sin embargo, la evidencia disponible en la literatura científica, junto con un análisis crítico del campo, sugiere que, en el ámbito de la valorización de residuos agroindustriales, la IAGen debe concebirse como una herramienta de apoyo y no como una solución universal. Su impacto (tanto en términos de efectividad como de sostenibilidad y ética) dependerá de cómo logremos gestionar varios frentes críticos (Borrallo-Vázquez y Fortuna, 2024; Singh, 2025):

Primero, está el desafío de las bases de datos. No podemos esperar resultados precisos si no contamos con información amplia y, sobre todo, estandarizada, que refleje la enorme diversidad de cultivos y residuos. Sin este cimiento de alta calidad, el entrenamiento de los algoritmos queda expuesto a sesgos y errores de predicción que pueden resultar muy graves en procesos industriales (Iorio, 2025). Por otro lado, la IAGen no puede operar en el vacío; su éxito depende de una integración real con modelos físicos y análisis de ciclo de vida. De poco sirve el éxito en el laboratorio si no podemos validar que la solución sea técnica y económicamente viable bajo el rigor de la industria (Borrallo-Vázquez y Fortuna, 2024).

Finalmente, no debemos ignorar las barreras éticas y tecnológicas. La opacidad de los modelos de aprendizaje profundo (el famoso problema de la "caja negra", que se refiere a la dificultad para comprender cómo un modelo llega a una predicción o decisión) sigue generando desconfianza. A esto se suman las “alucinaciones” de la IAGen, entendidas como respuestas falsas o imprecisas que pueden parecer reales, así como el fuerte impacto energético de estos sistemas (Gomes et al., 2024; Singh, 2025). Para mitigar esto, la clave no es solo tecnológica, sino educativa: necesitamos profesionales con una alfabetización digital sólida que puedan cuestionar al algoritmo en lugar de seguirlo a ciegas (Iorio, 2025). En última instancia, esto debe ir acompañado de marcos regulatorios claros y de un liderazgo ético que garantice la transparencia, ganándose así la confianza de la industria y de la sociedad en su conjunto.

Más que una moda tecnológica, la convergencia entre la biotecnología y la IA representa el motor que puede acelerar la valorización de nuestra biomasa a una escala antes impensable. No se trata de una solución mágica (la herramienta es tan buena como el criterio del científico que la usa), pero sí es la pieza que faltaba para que la economía circular deje de ser un desafío técnico y se convierta en una realidad económica y ambiental. El futuro de la agroindustria se está escribiendo hoy entre matraces y códigos de programación; si logramos integrar de forma ética la ciencia de datos en nuestras biorrefinerías, estaremos listos para la próxima gran revolución industrial. La ventana de oportunidad está abierta y el momento de prepararnos es ahora.

Bibliografía

- Borrallo-Vázquez, F. J., & Fortuna, M. A. (2024). Inteligencia Artificial Generativa (GenAI) para diseñar genomas de organismos digitales. SEBBM. 222 https://doi.org/10.18567/sebbmrev_222.202412.dc3
- Gomes, A., Gonçalves, B., Inglés, B., Silvério, S., Pinto, C. A., & Saraiva, J. A. (2024). Potential Impacts of Artificial Intelligence (AI) in Biotechnology. Applied Sciences, 14(24), 11801. https://doi.org/10.3390/app142411801
- Ivančić, D., Agudelo, A., Lindstrom-Vautrin, J., Jaraba-Wallace, J., Gallo, M., Das, R., & Güell, M. (2025). Discovery and protein language model-guided design of hyperactive transposases. Nature Biotechnology, 1-6. https://doi.org/10.1038/s41587-025-02816-4
- Iorio, A. (2025, septiembre 30). Inteligencia Artificial en la Biotecnología: Impactos y Tendencias para el Futuro. Recuperado el 29 de abril de 2026 https://andreaiorio.com/es/blog/inteligencia-artificial-en-la-biotecnologia/
- Singh, D. (2025). Harnessing artificial intelligence to safeguard food quality and safety. Journal of Food Protection, 88, 100621. https://doi.org/10.1016/j.jfp.2025.100621
- Sociedad Española de Biotecnología (SEBiot). (2023, marzo 01). Inteligencia artificial para la monitorización de bioprocesos. Recuperado el 30 de abril de 2026. https://sebiot.org/inteligencia-artificial-para-la-monitorizacion-de-bioprocesos/

Sobre los autores

MC. Emilio Ochoa-Reyes
Responsable técnico del Laboratorio de Biotecnología y Bioingeniería, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD), Subsede Delicias. Scopus: 57247070500; ORCID: 0000-0003-4132-7926.

Dr. José Juan Buenrostro-Figueroa
Investigador Titular B y Responsable del Laboratorio de Biotecnología y Bioingeniería, Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD), Subsede Delicias, SNI II. Scopus: 57247070500; ORCID: 0000-0002-5314-9824

Cita

Ochoa-Reyes, E., & Buenrostro-Figueroa, J. J. (2026). Inteligencia artificial generativa y biotecnología: ¿una nueva vía para valorizar residuos agroindustriales?. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 48–51. https://doi.org/10.5281/zenodo.21207092



Hallazgos incómodos

Arturo Sánchez-Paz
Laboratorio de Virología. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste (CIBNOR). Calle Hermosa 101, Col. Los Ángeles. Hermosillo, Sonora. México. CP. 83106.

Foto:bestdesign

La ciencia no siempre se hace transitando un camino recto y cómodo. Además de requerir esfuerzo, dedicación y perseverancia, la ciencia exige coraje intelectual. A menudo, las hipótesis más revolucionarias y transformadoras son las que desafían el status quo, remueven paradigmas establecidos y, por supuesto, incomodan a la comunidad científica o al público en general.

Para ser justos con Conrad Waddington hay que decir que no planeó el curso de los acontecimientos que llevaron a uno de los descubrimientos más notables de la biología. Simplemente, comenzó dando un pequeño paso en la expectante alfombra roja de la historia.

Sería tentador asumir que tras el éxito de ventas de la primera edición de la obra cumbre del naturalista inglés Charles Darwin, *El Origen de las Especies*, el dinero, la vida y la fama le sonrieron sin disimulo. Los 1,250 ejemplares del tiraje cauteloso de la editorial John Murray se agotaron a pocas horas de su lanzamiento. Pero nunca sabemos de antemano de qué es capaz la vida.

Al día siguiente de su publicación, la tormenta social y científica se desató sobre Darwin. El revuelo fue inmediato y estruendoso. Por un lado, el libro generó un fuerte rechazo de amplios sectores del clero (la *Teoría de la Selección Natural* claramente desafiaba la interpretación literal del Génesis y la idea de un origen divino e inmutable de los seres vivos, y, al implicar que el ser humano compartía un ancestro común con los primates, ofendía la noción tradicional de que nuestra especie fue creada a imagen y semejanza de Dios). Y, por otro lado, las críticas científicas fueron sumamente severas y rigurosas (y, dado el conocimiento existente en ese entonces, hasta lógicas).

Entre estas críticas destaca la de "*la herencia por mezcla*". En aquel entonces, esta idea estaba muy difundida y se basaba en un argumento del ingeniero Fleeming Jenkin, quien sugirió, a través de un modelo estadístico, que las características de los descendientes debían ser un promedio de las de los progenitores; es decir, si un animal negro se cruzaba con uno blanco, la cría sería gris. De acuerdo con esta idea, la *Selección Natural* no podría operar sobre las características (o adaptaciones) recién adquiridas por las especies, ya que estas se diluirían durante el proceso reproductivo. Así, si un ave hubiera fijado por selección una característica novedosa que le permitiera acceder a un nuevo recurso, por ejemplo, un pico largo y delgado que le permitiera alimentarse del néctar profundo de las flores, al reproducirse con un ave común (sin la adaptación benéfica) de su misma especie, la descendencia heredaría esa característica a la mitad, y en cada generación sucesiva el rasgo ventajoso se diluiría hasta desaparecer. Si bien desde 1871 se expuso un grave error en el modelo de Jenkins (que conceptualizó los caracteres genéticos como líquidos), Darwin, que desconocía las leyes que gobiernan la herencia (descritas por su contemporáneo Gregor Mendel), aceptó la conclusión del "*argumento abrumador*" de Jenkins e incluso redujo el papel de la *Selección Natural* como fuerza creadora. Incluso incorporó, en ediciones posteriores, mecanismos alternativos, al estilo de Lamarck (la herencia de caracteres adquiridos a través del uso y el desuso), para garantizar un abundante suministro de variación y sostener su teoría.

Entonces, en 1890, August Weismann, un biólogo alemán que se convirtió en uno de los más feroces defensores de la *Teoría de la Selección Natural* de Darwin, realizó un experimento para demostrar la inoperancia de la teoría de la herencia de los caracteres adquiridos.

Para empezar, Weismann cortó las colas de siete hembras y cinco machos de ratones blancos y, a continuación, los apareó entre sí. Al nacer, midió la longitud de la cola a las crías y, posteriormente, también les cortó las colas. Estos ratones de la primera generación (F1) se criaron hasta la edad adulta, se reprodujeron y sus crías fueron tratadas exactamente de la misma manera. El proceso se repitió durante cinco generaciones, ¡con un total de 901 ratones! Si bien no lo expresó de forma contundente, Weismann concluyó que, sin importar el número de generaciones, la amputación de este apéndice jamás produciría ratones sin cola. Pero lo más importante fue que claramente distinguió que los cambios "*adquiridos*" ocurridos en las células somáticas (todas las células de un organismo pluricelular, a excepción de las células germinales o sexuales, es decir, los óvulos y espermatozoides) no se heredan. Weismann descubrió que los estímulos ambientales (como la amputación de la cola) aplicados a las células somáticas no transmitían información heredable a las generaciones posteriores, y que lo que provocara cambios en los organismos debía proceder única y exclusivamente de los gametos. Llama la atención que, en una época en la que muchos de los contemporáneos de Darwin buscaban formas alternativas y no aleatorias de evolución de los organismos, Weismann defendió vigorosamente el hecho, propuesto por Darwin, de que la variación es un proceso aleatorio escrupulosamente depurado mediante el fino filtro de la Selección Natural. Al amalgamar la *Teoría de la Evolución por Selección Natural* de Darwin y la información sobre las células germinales y las leyes de la herencia de Mendel, fundó lo que hoy se conoce como la *Síntesis Moderna de la Evolución*, una corriente de pensamiento ampliamente aceptada entre los científicos evolucionistas de todo el mundo.

10.5281/ZENODO.21207182

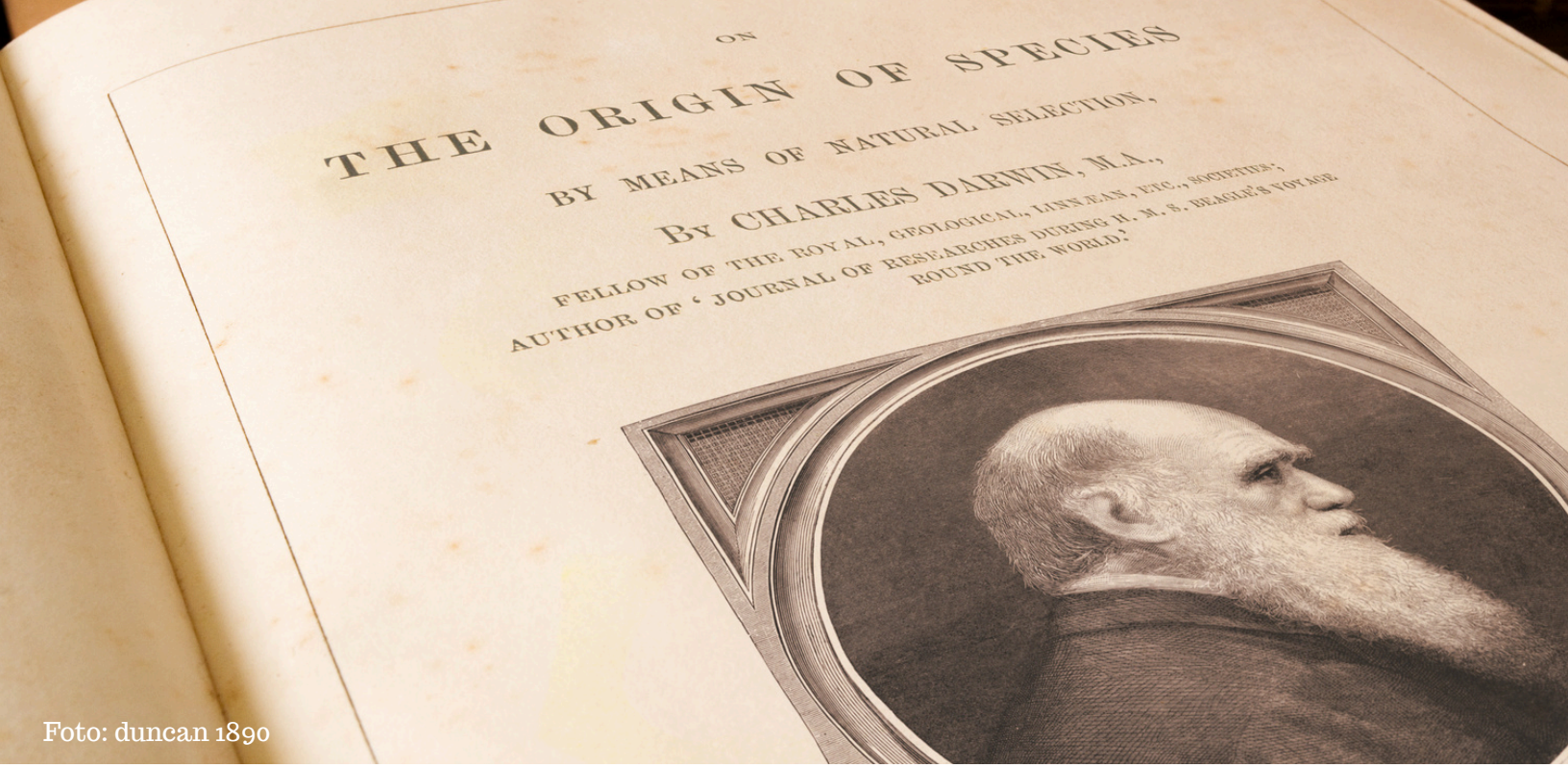


Foto: duncan 1890

Pero navegar en los mares del estudio de la evolución nunca fue fácil; es un tema que siempre ha desatado tormentas tempestuosas (a tal grado que algunos enfrentamientos entre grupos con diferentes ideologías han desencadenado batallas tan acaloradas dentro de la comunidad académica que, en ocasiones, han llegado a injurias de carácter personal). Una vez que Weismann estableció que los estímulos ambientales no generan cambios heredables en los organismos, la discusión sobre la herencia de caracteres adquiridos parecía haber llegado a su fin. Pero nueva información agitaría las aguas nuevamente.

En 1956, el biólogo británico Conrad Waddington publicó un artículo en la revista científica Evolution que revolucionó los fundamentos de la biología establecidos hasta entonces. En 1953, Waddington mantuvo una población muy numerosa de pupas de la mosca de la fruta (*Drosophila melanogaster*) de la cepa S/W5 por cuatro horas a 40 °C (una temperatura muy superior a la que estas pupas experimentarían en condiciones normales). Para sorpresa de Waddington, cuando las pupas se transformaron en adultos, una fracción sustancial de la población (~40 %) desarrolló alas sin la vena transversal posterior, un rasgo conocido como *crossveinless* (*cve*).

Hay que recalcar que, en condiciones normales, este rasgo nunca se manifestaba en esta cepa. Y entonces, Waddington decidió hacer algo que solo una mente brillante habría pensado: en lugar de desechar las moscas sometidas al choque térmico, mantuvo solo aquellos organismos que desarrollaban alas sin venas transversales y sometió a sus pupas al mismo tratamiento térmico. Waddington repitió este proceso una y otra vez por 14 generaciones y, para su sorpresa, el rasgo *cve* empezó a aparecer de forma espontánea en la población sin haberla sometido a un choque térmico. El cambio en la estructura del ala se considera un rasgo adquirido, fijado genéticamente de algún modo en la etapa final del desarrollo, provocado por el estrés ambiental. Entonces, los hallazgos de Waddington demostraron que el ambiente sí puede generar cambios en los organismos que terminan heredándose. Waddington denominó este proceso "*asimilación genética*" (un rasgo físico o de comportamiento que inicialmente aparece sólo como respuesta al estrés ambiental y que termina codificándose en el ADN a lo largo de generaciones) y supuso que, cuando los organismos encuentran condiciones de estrés ambiental, se expresan variaciones genéticas ocultas o "*crípticas*". Pocos años antes, Waddington había acuñado

el término *epigenética* para referirse a los cambios hereditarios en la expresión génica que se producen independientemente de las alteraciones en la secuencia del ADN. Estos hallazgos generaron una nueva controversia entre las distintas corrientes de pensamiento sobre los procesos evolutivos. El conflicto fundamental entre ambos marcos se centra en cómo se genera y se orienta la variación fenotípica. Conrad Waddington sentó las bases de la corriente conocida como Biología Evolutiva del Desarrollo (Evo-Devo), argumentando que la *Teoría Sintética de la Evolución* ignoraba un factor crucial: las condiciones que influyen en el embrión para que se convierta en adulto.

Si bien actualmente el término "*epigenética*" ha "*evolucionado*" y se utiliza en el ámbito molecular (por ejemplo, la metilación del ADN y la modificación de las histonas), la visión original de Waddington sigue siendo muy relevante para la biología de sistemas moderna y la biología evolutiva del desarrollo (Evo-Devo). Hoy se reconoce a Waddington como el padre de la epigenética, quien nos permitió apreciar las numerosas posibilidades que ofrece la regulación epigenética para la adaptación de los organismos.

Referencias

Lensch, M.W., Mummery, C.L. (2013). From stealing fire to cellular reprogramming: a scientific history leading to the 2012 Nobel Prize. Stem Cell Reports, 1(1):5-17. https://doi.org/10.1016/j.stemcr.2013.05.001.

Nishikawa, K., Kinjo, A.R. (2018). Mechanism of evolution by genetic assimilation: Equivalence and independence of genetic mutation and epigenetic modulation in phenotypic expression. Biophysical Reviews. 10(2):667-676. https://doi.org/10.1007/s12551-018-0403-x.

Waddington, C.H. (1956). The genetic assimilation of the bithorax phenotype. Evolution, 10:1-13. https://doi.org/10.2307/2406091.

Sobre el autor

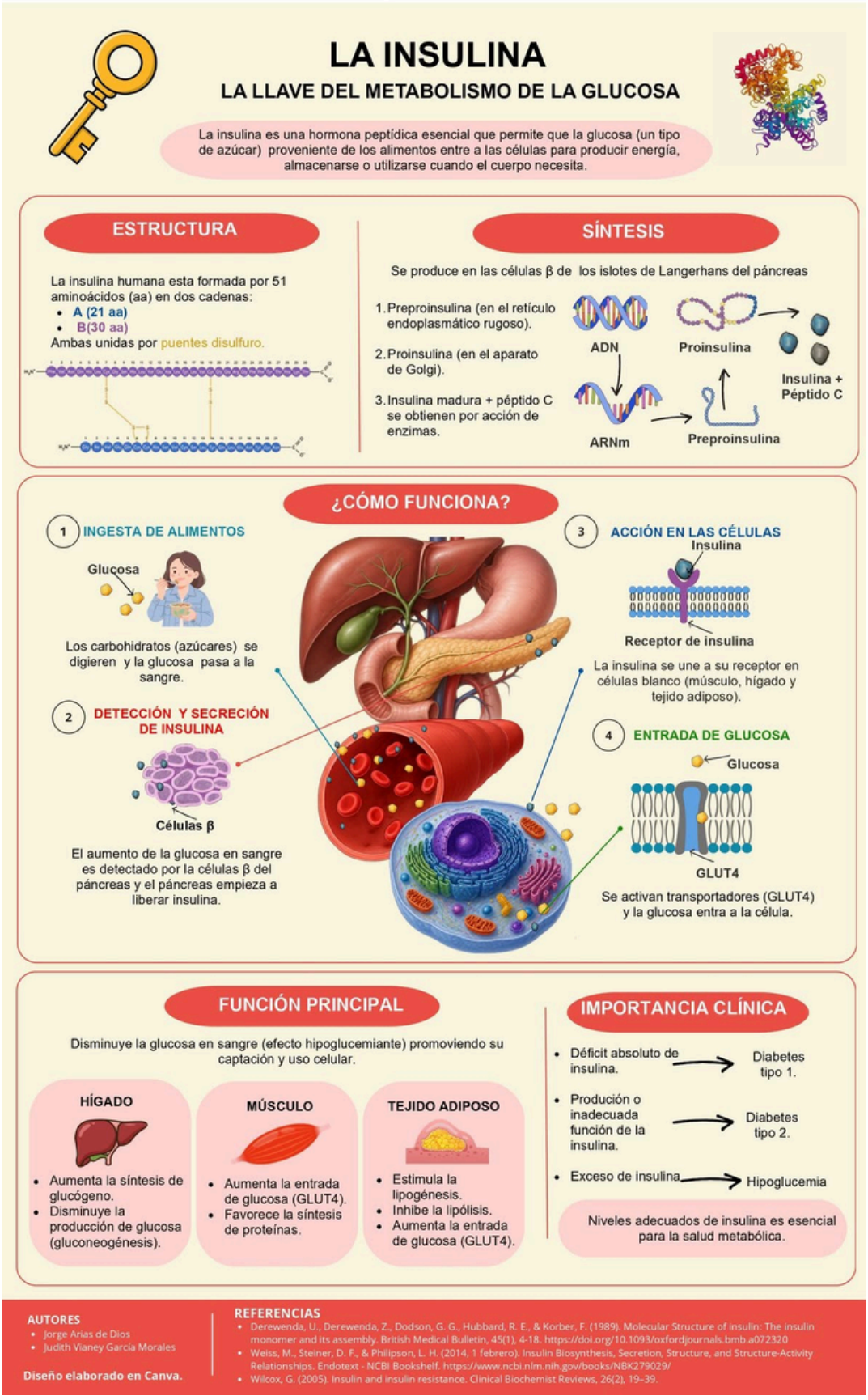


El Dr. Arturo Sánchez-Paz es investigador titular encargado del Laboratorio de Virología del Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste en Hermosillo, Sonora, México. Su investigación ha generado más de 50 artículos publicados en revistas científicas internacionales y ha guiado y dirigido tesis de varios estudiantes de licenciatura y posgrado. Es miembro del SNII (II) y de la Academia Mexicana de Ciencias.

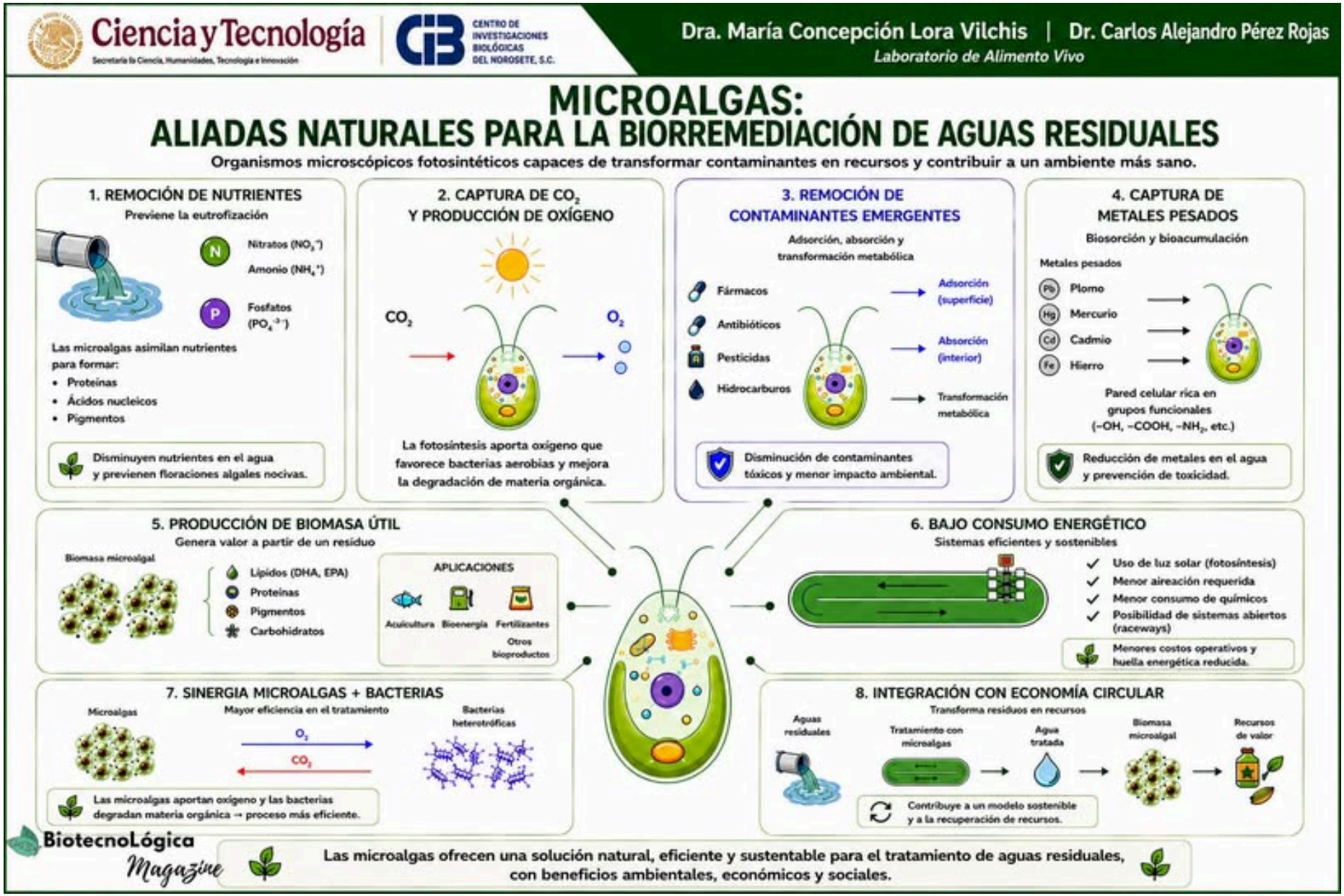
Cita

Sánchez-Paz, A. (2026). Hallazgos incómodos. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 52–55. https://doi.org/10.5281/zenodo.21207182

biotecnoLógica Magazine · Ciencia y Tecnología · UJAT Universidad Juárez Autónoma de Tabasco · División Académica Multidisciplinaria de Jalpa de Méndez



Cita:
Arias de Dios, J., & García Morales, J. V. (2026). La insulina. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 56. https://doi.org/10.5281/zenodo.21207236



Cita:
Lora-Vilchis, M. C., & Pérez Rojas, C. A. (2026). Microalgas: Aliadas naturales para la biorremediación de aguas residuales. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 57. https://doi.org/10.5281/zenodo.21207297

Cita:
Hernández-Díaz, Y., Gonzalez Castro, T. B., Salinas Valdespino, A. I., & Hernández Vicencio, J. L. (2026). Cortisol: la bioquímica del estrés. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 58. https://doi.org/10.5281/zenodo.21207425

Cita:
Cardona Félix, C. S. (2026). Luciferasa. BiotecnoLógica Magazine, 4(3), 59. https://doi.org/10.5281/zenodo.21207459

