



De Actualidad

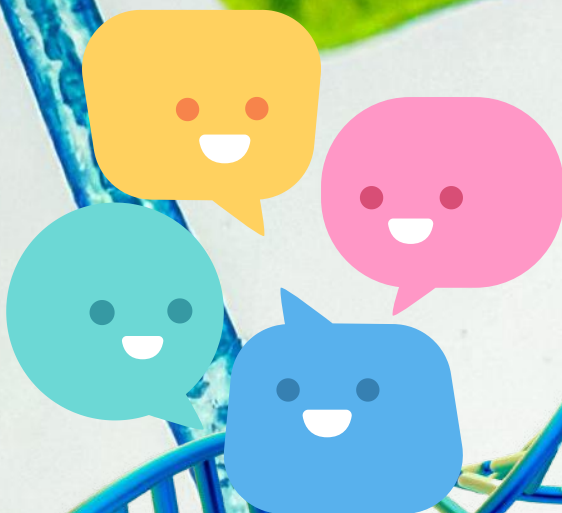


Revista

Ciencia

y Naturaleza

¿Tienen las cianobacterias su propio chat molecular?



Ciencia al Instante

Hace 3 mil millones de años, las cianobacterias llenaron de oxígeno la atmósfera y hoy siguen produciendo el 40% del que respiramos. Pero guardan un enigma sorprendente en su ADN, una secuencia palindrómica llamada HIP1 que se repite miles de veces sin que sepamos para qué sirve. Podría tratarse de una especie de "chat molecular" que les permite reconocer e intercambiar información genética solo entre ellas. Científicos del Cinvestav siguen la pista de este acertijo molecular que podría abrir la puerta a revoluciones biotecnológicas insospechadas.



¿Tienen las cianobacterias su propio chat molecular?

Un misterio escondido a plena vista en el genoma de las cianobacterias

Cómo citar este artículo: Delaye-Arredondo LJ. 2026. ¿Tienen las cianobacterias su propio chat molecular? Revista Ciencia y Naturaleza (1224).



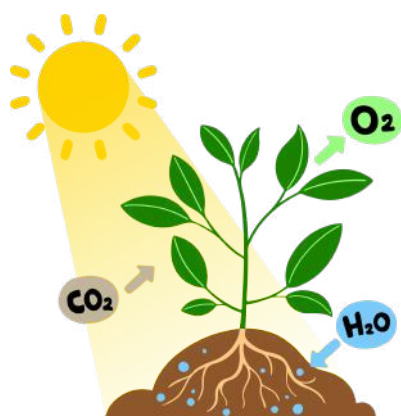
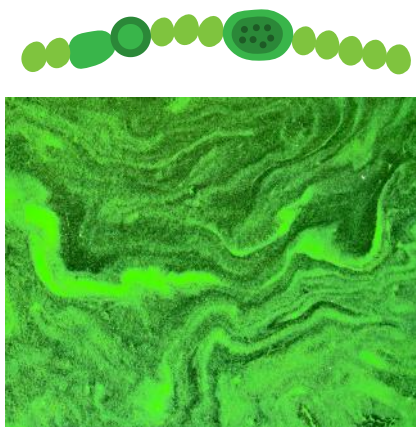


La naturaleza está llena de misterios sin resolver y las cianobacterias no son la excepción. En el ADN de las cianobacterias se encuentra repetida cientos y hasta miles de veces una pequeña secuencia palindrómica de función aún desconocida. Aquí te explicamos este fenómeno y qué estamos haciendo las personas que nos dedicamos a la ciencia para resolverlo.

"Observamos con asombro cuantas cosas están relacionadas con la existencia de una sola planta".
Alexander von Humboldt

Las bacterias fotosintéticas que cambiaron al mundo

Las cianobacterias son un grupo de bacterias capaces de realizar fotosíntesis, un mecanismo que permite atrapar la luz solar y utilizarla para transformar el agua y el dióxido de carbono en la energía que necesitan para vivir, liberando oxígeno como resultado. Estos microorganismos evolucionaron hace un poco más de 3 mil millones de años y son las causantes de que exista oxígeno molecular en la atmósfera.



Las cianobacterias también dieron origen a los cloroplastos, que son estructuras dentro de las células de las algas y plantas en donde se realiza la fotosíntesis permitiendo a las algas y plantas actuales procesar la luz solar en energía realizar la fotosíntesis. Con su metabolismo cambiaron la faz de la Tierra. En la actualidad, se estima que aproximadamente el 40% del oxígeno que respiramos lo producen estos extraordinarios microorganismos.



La estructura del ADN

Para hablar del misterio que esconden las cianobacterias en su ADN vamos a necesitar un poco de conocimiento sobre biología molecular. El Ácido Desoxirribonucleico o ADN es la molécula de la herencia, contiene a los genes que se transmiten de generación en generación. Está formada por cuatro moléculas más pequeñas llamadas "bases": Adenina (A), Guanina (G), Citosina (C) y Timina (T). Estas bases se unen formando un polímero muy largo conocido como hebra. El ADN se conforma por dos hebras complementarias y antiparalelas que se tuercen como si fuera una escalera de caracol (Figura 1).

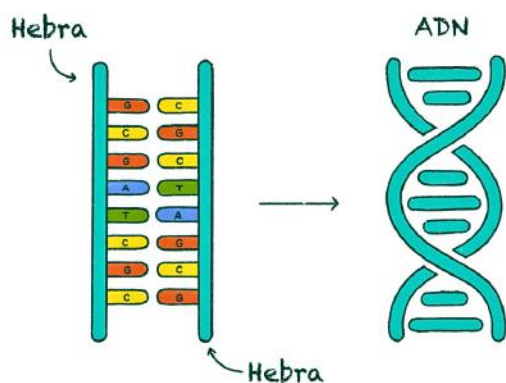


Figura 1. Estructura del ADN. El ADN está formado por dos hebras antiparalelas y complementarias. Estas hebras al unirse forman la molécula del ADN con su característica forma en escalera de caracol. Las bases se muestran en colores: Citosina (C) en amarillo, Guanina (G) en rojo, Adenina (A) en azul y Timina (T) en verde. La complementariedad entre las dos hebras se debe a que las Adeninas se emparejan con las Timinas y las Citosinas con las Guaninas.

El genoma de un ser vivo está conformado por todas las moléculas de ADN distintas que contienen sus células y puede ser extremadamente largo. Por ejemplo, las cianobacterias pueden tener genomas desde 2 hasta 9 millones de pares de bases. ¿Te imaginas una escalera de caracol con 2 millones de peldaños?

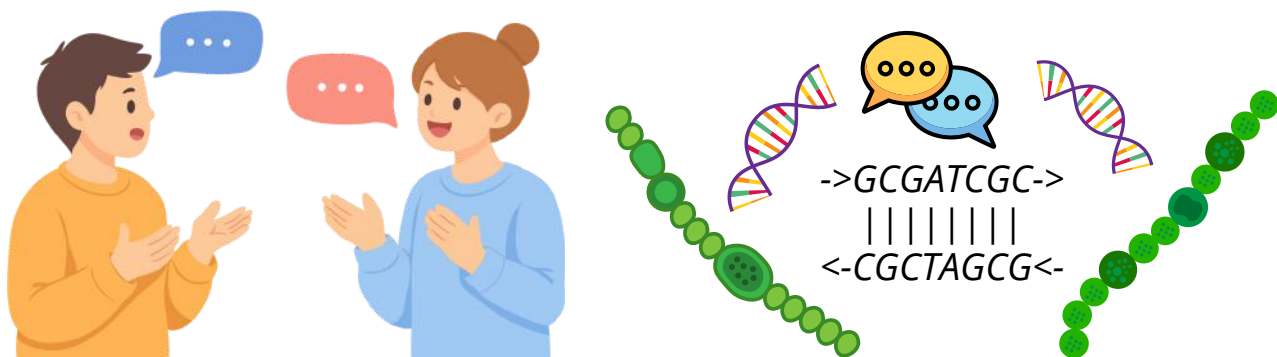
Para entender cómo el ADN codifica la información genética, es decir a los genes, podemos usar la analogía de un texto. Al igual que el orden de las letras en un texto determina el significado de las palabras y las oraciones, en el ADN el orden de las bases A, G, C, T especifican a los genes.



Podemos decir que los genes están “escritos o codificados” en el ADN utilizando cuatro letras. Pero a diferencia de un texto, en donde todas las palabras y oraciones tienen un significado, en el ADN no todas las secuencias de bases contienen genes. Los genes suelen estar separados por secuencias de bases que no contienen genes.

Palíndromos moleculares

Los palíndromos son palabras o frases que se leen igual al derecho que al revés. Así “Anita lava la tina” es un palíndromo porque si lo leemos comenzando por el final obtendremos el mismo significado. ¿Y por qué estamos hablando de palíndromos? Pues resulta que las cianobacterias contienen la siguiente secuencia palindrómica en su ADN:



Es palindrómica porque encontramos la misma secuencia de bases si leemos la hebra superior de izquierda a derecha ($\rightarrow\text{GCGATCGC}\rightarrow$) que si leemos la hebra inferior de derecha a izquierda ($\leftarrow\text{CGCTAGCG}\leftarrow$). Nótese que las flechas indican la dirección en la que se leen las hebras, de ahí el término antiparalelas. Esta secuencia palindrómica, conocida como HIP1 por sus siglas en inglés (Highly Iterated Palindrome 1) está repetida de cientos a miles de veces en los genomas de las cianobacterias y no se tiene idea ni de cómo se forma ni de si les sirve a estas bacterias para algo (Figura 2).



Figura 2. En la imagen se muestra un fragmento de aproximadamente 3,000 pares de bases (pb) del genoma de la cianobacteria *Synechococcus elongatus*. En amarillo se resalta el palíndromo GCGATCGC. En esta especie, la secuencia palindrómica se encuentra con una frecuencia de 1 vez cada mil pares de bases, aproximadamente.



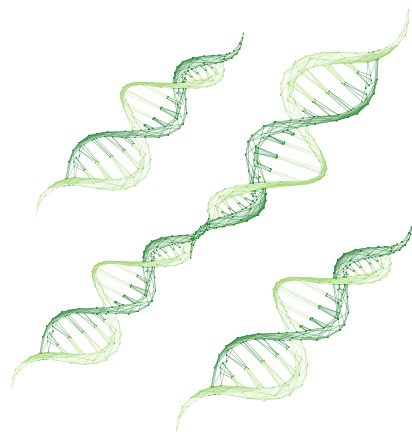
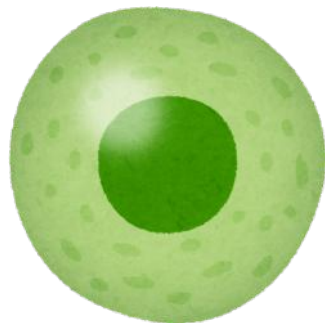
Esta secuencia palindrómica se conoce desde 1993 cuando fue descubierta casualmente haciendo investigación en una cianobacteria. Desde entonces, el número de artículos publicados sobre este fenómeno se cuentan con los dedos de dos manos y tal vez un pie. Es decir, son muy pocos y todavía hay muchas cosas que desconocemos de la secuencia GCGATCGC.

¿Cuál podría ser la función de HIP1?

Cuando los organismos mueren, el ADN que está protegido en el interior celular se libera al ambiente. A estos ácidos nucleicos libres se les denomina ADN ambiental. En el medio ambiente existe una diversidad de moléculas de ADN ambiental proveniente de muchas especies diferentes.

Recientemente, un grupo de científicas y científicos descubrieron que las cianobacterias adquieren con mayor facilidad ADN ambiental con la secuencia GCGATCGC. Este descubrimiento es muy relevante pues abre la puerta a una posible aplicación biotecnológica de HIP1. A saber, se podría utilizar este palíndromo para facilitar la manipulación genética de las cianobacterias.

En el Cinvestav estamos estudiando si existen genes que están asociados con la secuencia HIP1 a lo largo de la evolución. De ser así, podríamos entender mejor la función que desempeña GCGATCGC en las cianobacterias estudiando la función de los genes que se asocian con este palíndromo. Y tenemos ya indicios de cuáles son estos genes: son aquellos que están involucrados en la adquisición de ADN ambiental, en feliz concordancia con el descubrimiento descrito más arriba.





Si la mayoría de las cianobacterias pueden integrar en su genoma con mayor facilidad a las secuencias de ADN ambiental que contienen a la secuencia GCGATCGC, entonces quiere decir que poseen una adaptación para reconocer aquellos ácidos nucleicos que provienen de otras cianobacterias.

Y estos ácidos nucleicos al provenir de otras cianobacterias pueden contener genes que sean beneficiosos. Este descubrimiento, de confirmarse sería muy relevante para entender la evolución genómica de estos increíbles procariontes. Querría decir que estos microorganismos poseen una especie de chat molecular que les permite intercambiar mensajes genéticos exclusivamente con otras cianobacterias para mejorar sus oportunidades de supervivencia y reproducción en sus ecosistemas.



Reflexión aparte ¿Por qué estudiar HIP1?

El objetivo de la ciencia es describir y entender a la naturaleza. Las investigaciones científicas no requieren de justificaciones prácticas o utilitarias. Muchas veces, una investigación comienza con una observación de la naturaleza.

Cuando encontramos un fenómeno natural que parece excepcional o interesante y requiere una explicación. Los científicos decimos “mira qué curioso” y de ahí surgen trabajos de investigación que nos permiten avanzar en nuestro conocimiento del mundo natural.





Sin embargo, muchos avances tecnológicos importantes han surgido a partir de la investigación científica básica. No sabemos todavía si las investigaciones sobre HIP1 derivarán en un futuro en aplicaciones prácticas. Pero existe un ejemplo reciente en donde la investigación básica sobre secuencias repetidas en el ADN de un grupo de bacterias amantes de la sal condujo a una de las revoluciones más importantes en la biología molecular: el descubrimiento de las llamadas tijeras moleculares CRISPR/Cas utilizadas para editar al ADN. Pero esa es otra historia que merece ser contada aparte. 🍀

Agradecimientos

A Sofía Delaye Pascual por su contribución con la Figura 1.

 **Fuente original:** Delaye L, Moya A. 2011. Abundance and distribution of the highly iterated palindrome 1 (HIP1) among prokaryotes. Mob Genet Elements. 1(3):159-168. [\[Link\]](#)

Crédito de imágenes en orden de aparición: Victoruler, Science Photo Library, TrueCreatives, Getty Images, PUJA ASTARIKA's Images, Rizkia Gita & Art, Getty Images Signature, Hanalea, Lana Molly Resources, masje studio, irasuya, ANTTONIART, Tartila, Seripe, Lana Molly Resources. Crédito de figuras: Figura 1(Dibujo por Sofía Delaye Pascual), Figura 2 Proporcionada por el autor. Los autores confirmaron que ningún párrafo del manuscrito ha sido generado completamente o con más del 50% de sus palabras con esta herramienta.



Dra. Verónica Reyes-Galindo
Editora Invitada.
Primer Congreso Mexicano de Evolución

Diseño de publicación: Sofía Paz



Luis José Delaye Arredondo

Departamento de Ingeniería Genética, Unidad Irapuato. Investigador especialista en evolución molecular.

contacto: luis.delaye@cinvestav.mx