

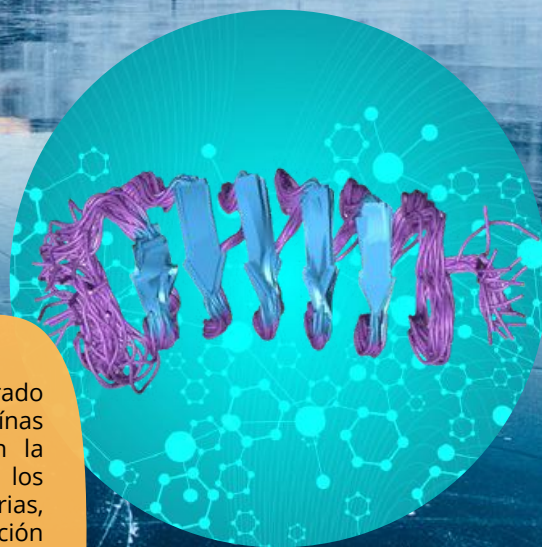


Las Proteínas Anticongelantes y donde Encontrarlas



Ciencia al Instante

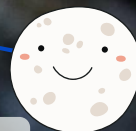
En los rincones más gélidos del planeta, la vida ha encontrado maneras sorprendentes de resistir el frío. Las proteínas anticongelantes son moléculas capaces de interferir con la formación y crecimiento de cristales de hielo dentro de los tejidos, y han aparecido de forma independiente en bacterias, insectos, peces y plantas, un fascinante caso de evolución convergente. Entre las más potentes destacan las del escarabajo *Tenebrio molitor*. Estudiar su historia molecular no solo revela cómo la vida se adapta a condiciones extremas, sino que abre puertas a innovaciones en medicina, agricultura y conservación de alimentos.





Las Proteínas Anticongelantes y donde Encontrarlas

Cómo citar este artículo: Gonzalez-Vega LM, Pérez-Zamorano B. 2026. Las Proteínas Anticongelantes y Donde Encontrarlas. Revista Ciencia y Naturaleza (1215).





Las bajas temperaturas representan un desafío importante para muchos organismos, ya que el congelamiento puede dañar células y tejidos. Aun así, distintas especies han desarrollado mecanismos que les permiten sobrevivir en ambientes extremadamente fríos (Fig. 1). Algunos mamíferos dependen de su pelaje como aislamiento térmico, mientras que ciertos anfibios pueden tolerar el congelamiento parcial de sus cuerpos durante el invierno. Sin embargo, existen organismos que habitan regiones donde el frío es constante, como los océanos polares o zonas con inviernos severos. En estos casos, sobrevivir requiere adaptaciones mucho más especializadas.

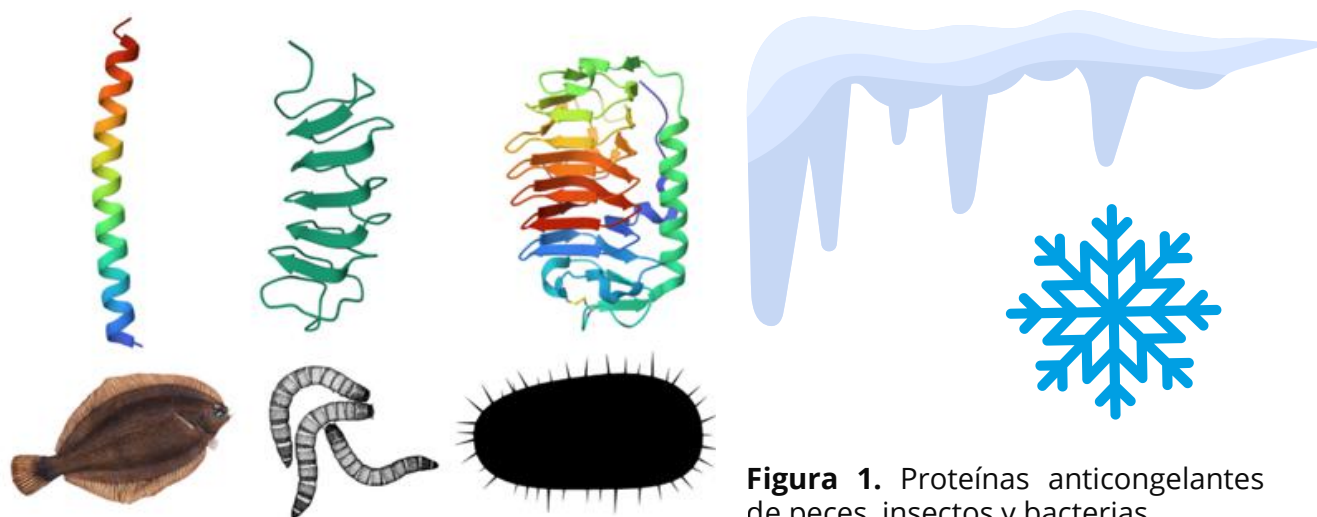


Figura 1. Proteínas anticongelantes de peces, insectos y bacterias.

Entre ellas destacan las proteínas anticongelantes, moléculas capaces de interferir con la formación y crecimiento de cristales de hielo dentro de los tejidos. Actualmente, las proteínas anticongelantes se han identificado en una gran variedad de organismos, incluyendo bacterias, plantas, peces e insectos. Su estudio no solo ha permitido entender mejor cómo la vida puede adaptarse a condiciones extremas, sino también explorar posibles aplicaciones biotecnológicas en áreas como la medicina, la agricultura y la criopreservación.

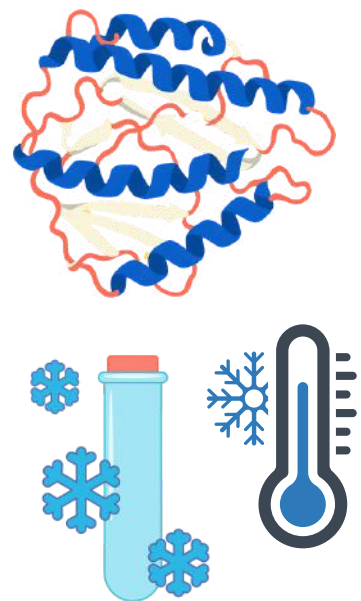


La Evolución y El Frío

Entre las proteínas anticongelantes más estudiadas se encuentran las de *Tenebrio molitor* (TmAFP), un escarabajo de la familia Tenebrionidae que habita principalmente en regiones templadas. Aunque este insecto no vive en ambientes polares, sus larvas pueden enfrentarse a inviernos severos, por lo que desarrollaron mecanismos para tolerar temperaturas bajas y evitar el daño causado por el congelamiento.

Las proteínas anticongelantes de *Tenebrio molitor* resultan especialmente interesantes por su pequeño tamaño y su alta capacidad para inhibir la formación de hielo.

A diferencia de otras proteínas similares, las TmAFP presentan una actividad anticongelante muy elevada, lo que ha llamado la atención de investigadores en áreas como la biología molecular y la biotecnología. Estas proteínas poseen una estructura conocida como beta-hélice, formada por superficies relativamente planas estabilizadas por distintos aminoácidos, entre ellos treonina y cisteína.

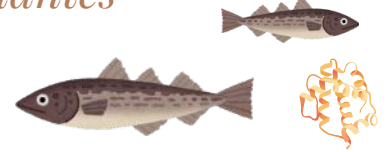


Esta conformación facilita la interacción con los cristales de hielo y contribuye a impedir su crecimiento. Debido a ello, las TmAFP son consideradas proteínas anticongelantes hiperactivas. Además de su interés biológico, estas proteínas también tienen potencial para aplicaciones en distintas áreas, incluyendo la medicina, la criopreservación y algunos procesos industriales. Sin embargo, para comprender mejor cómo funcionan y cómo podrían aprovecharse biotecnológicamente, también es importante estudiar su origen evolutivo.



Origen Evolutivo de las Proteínas Anticongelantes

Las proteínas anticongelantes no surgieron una sola vez en la historia de la vida. Estudios moleculares indican que este tipo de proteínas aparecieron de manera independiente en distintos grupos de organismos, incluyendo peces como el bacalao polar (*Boreogadus saida*), insectos como *Tenebrio molitor*, plantas como el pasto antártico (*Deschampsia antarctica*) y diversos microorganismos adaptados a ambientes fríos. Aunque cumplen funciones similares, muchas de ellas poseen estructuras y secuencias muy diferentes entre sí.



Este fenómeno es un ejemplo de evolución convergente, en donde organismos sin una relación cercana desarrollan adaptaciones parecidas frente a un mismo problema. En el caso de las proteínas anticongelantes, distintas especies terminaron desarrollando mecanismos capaces de impedir o reducir la formación de hielo dentro de sus tejidos. Para estudiar cómo aparecieron estas proteínas, los científicos utilizan herramientas como los árboles filogenéticos, que permiten comparar secuencias de ADN o proteínas y reconstruir relaciones evolutivas entre organismos y moléculas. A partir de estos análisis también es posible inferir características de proteínas ancestrales y predecir algunos cambios estructurales que ocurrieron a lo largo del tiempo (Fig. 2).

Una de las hipótesis propuestas para las proteínas anticongelantes del escarabajo *Tenebrio molitor* sugiere que sus ancestros originalmente cumplían otra función dentro del organismo. Con el tiempo, ciertos cambios en su estructura habrían favorecido la interacción con cristales de hielo, aumentando gradualmente su capacidad anticongelante. Aminoácidos como la treonina y la cisteína parecen haber tenido un papel importante en este proceso, ya que actualmente forman parte de regiones conservadas en varias proteínas anticongelantes hiperactivas.

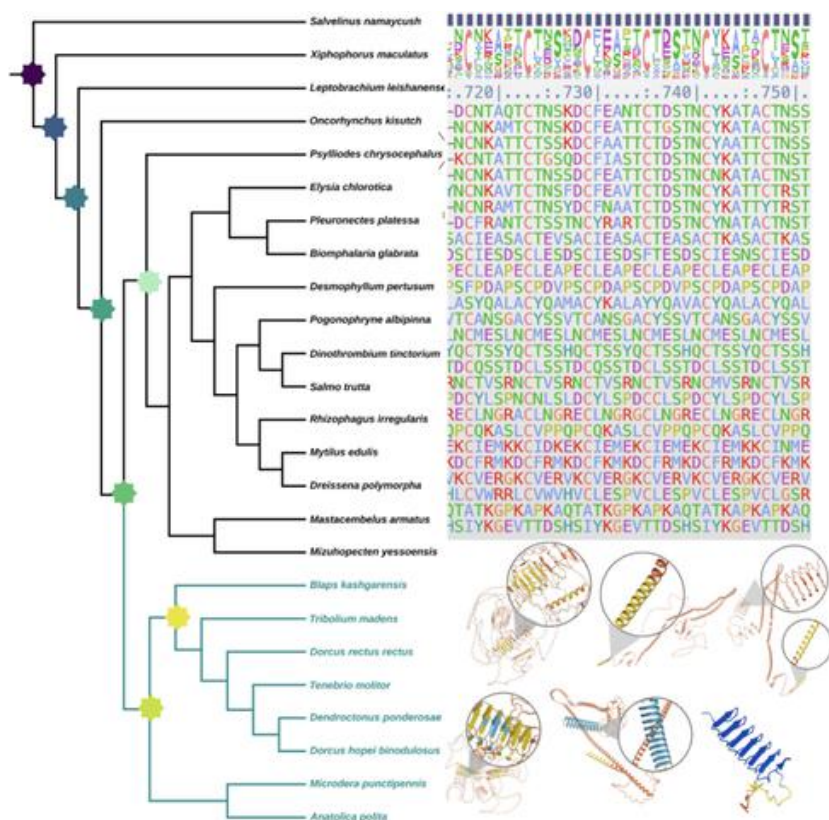
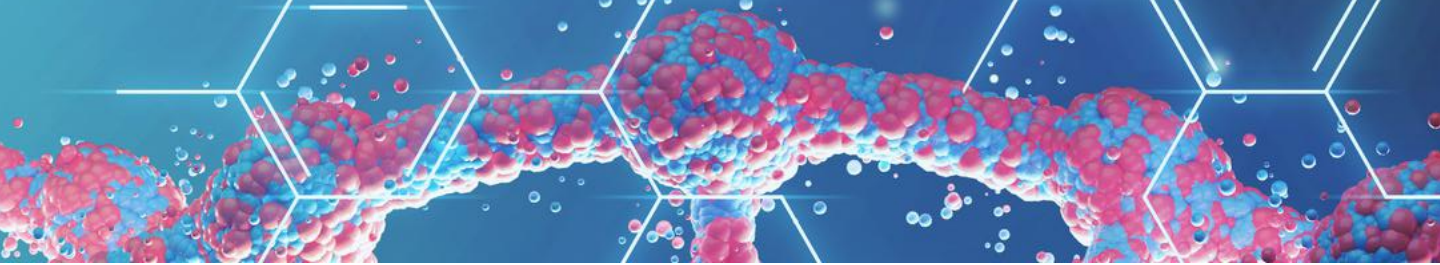


Figura 2. Árbol filogenético de especies, aminoácidos repetidos en secuencias y estructuras de ancestros de proteínas anticongelantes

El estudio de estos cambios permite comprender cómo modificaciones relativamente pequeñas a nivel molecular pueden dar origen a nuevas funciones biológicas. Además, ayuda a explicar por qué proteínas con orígenes distintos pueden terminar resolviendo problemas similares en ambientes extremos.

De la Evolución a la Biotecnología

Las proteínas anticongelantes han despertado interés en distintas áreas de la biotecnología debido a su capacidad para reducir el daño causado por el congelamiento. En medicina, por ejemplo, estas proteínas podrían ayudar a proteger células, tejidos e incluso órganos durante procesos de congelamiento utilizados en trasplantes y almacenamiento biológico.





También se han explorado aplicaciones en cultivos agrícolas expuestos a heladas y en alimentos congelados, donde podrían contribuir a disminuir la formación de cristales de hielo que alteran la textura de los productos.

Parte del interés biotecnológico de estas proteínas proviene de sus propiedades estructurales y de la forma en que interactúan con el hielo. Por ello, comprender cómo surgieron y cómo cambiaron a lo largo del tiempo puede ayudar a identificar regiones importantes de la proteína y posibles modificaciones útiles para aplicaciones futuras.

Este tipo de preguntas forma parte del trabajo realizado en el MEB Lab de Arkansas State University Querétaro, donde se utilizan herramientas de bioinformática y análisis evolutivo para estudiar proteínas anticongelantes y reconstruir aspectos de su historia molecular. A través de análisis computacionales es posible comparar secuencias, identificar aminoácidos conservados y proponer hipótesis sobre cómo ciertas modificaciones estructurales pudieron favorecer nuevas funciones.



El estudio de proteínas anticongelantes muestra cómo procesos moleculares asociados con la adaptación al ambiente también pueden tener aplicaciones prácticas. Además de ayudar a entender mejor la diversidad biológica, este tipo de investigaciones contribuye al desarrollo de nuevas herramientas y estrategias dentro de la biotecnología.

En conjunto, las proteínas anticongelantes representan un ejemplo interesante de cómo pequeñas modificaciones moleculares pueden generar adaptaciones con un impacto importante en la supervivencia de los organismos. Al mismo tiempo, su estudio demuestra cómo herramientas de evolución molecular y bioinformática pueden contribuir no solo a entender procesos biológicos, sino también a identificar posibles aplicaciones biotecnológicas. 



Agradecimientos

Agradecimiento al MEB lab por apoyar el desarrollo de este proyecto, así como a Arkansas State University Querétaro y ELISIA. También al 1er Congreso de Evolución Mexicana por apoyar la disseminación de este proyecto.

Para Consulta

- Arai T, Yamauchi A, Miura A, *et al.* 2021. Discovery of hyperactive antifreeze protein from phylogenetically distant beetles questions its evolutionary origin. *International Journal of Molecular Sciences* 22(7): 3637. [\[Link\]](#)
- Davies PL. 2022. Reflections on antifreeze proteins and their evolution. *Biochemistry and Cell Biology* 100(4): 282–291. [\[Link\]](#)
- Hakim A, Nguyen JB, Basu K, *et al.* 2013. Crystal structure of an insect antifreeze protein and its implications for ice binding. *Journal of Biological Chemistry* 288(17): 12295–12304. [\[Link\]](#)
- Midya US, Bandyopadhyay S. 2014. Hydration behavior at the ice-binding surface of the *Tenebrio molitor* antifreeze protein. *The Journal of Physical Chemistry B* 118(18): 4743–4752. [\[Link\]](#)
- Ramírez-Delgado VH, Briones-May Y, Durán-Sánchez J, *et al.* 2026. From leaves to defenders: how the amount and dispersion of leaf damage affect extrafloral nectar production and ant-mediated protection in wild cotton. *Ecological Entomology* 51: 395-404. [\[Link\]](#)
- Naing AH, Kim CK. 2019. A brief review of applications of antifreeze proteins in cryopreservation and metabolic genetic engineering. *3 Biotech* 9(9): 329. [\[Link\]](#)
- Qin W, Walker VK. 2006. *Tenebrio molitor* antifreeze protein gene identification and regulation. *Gene* 367: 142–149. [\[Link\]](#)
- Sun S, Ding H, Wang D, Han S. 2020. Identifying antifreeze proteins based on key evolutionary information. *Frontiers in Bioengineering and Biotechnology* 8. [\[Link\]](#)
- Tas RP, Sampaio-Pinto V, Wennekes T, *et al.* 2021. From the freezer to the clinic. *EMBO Reports* 22(3). [\[Link\]](#)

Crédito de imágenes en orden de aparición: Wikipedia [\[Link\]](#), Pexels, Getty Images, InstaStudio, Fernanda_AY, Pexels, Canva AI, shohag, Bin Phan, Getty Images, irasutoya, Creative Studio, Getty Images, Pravokrugulnik, Ali Raza. Créditos de figuras o fotografías: Fig. 1 Creada por los autores con imagenes [\[Link\]](#), [\[Link\]](#), [\[Link\]](#), [\[Link\]](#), [\[Link\]](#). Fig.2 Proporcionada por autores. Los autores declaran que utilizaron herramientas de asistencia lingüística basadas en inteligencia artificial exclusivamente para apoyo en revisión gramatical y edición menor de redacción. El contenido científico, la estructura del artículo y las interpretaciones presentadas fueron desarrolladas por los autores.



Conceptos

Aminoácidos: Son las unidades básicas que forman las proteínas. Existen 20 aminoácidos principales en los seres vivos, y el orden en que se unen determina la estructura y función de cada proteína.

Histéresis térmica: Diferencia entre la temperatura a la que el hielo se derrite y aquella en la que vuelve a crecer. Las proteínas anticongelantes aumentan esta diferencia, dificultando la formación de nuevos cristales de hielo.

Adsorción-inhibición: Mecanismo mediante el cual las proteínas anticongelantes se adhieren a la superficie de los cristales de hielo e impiden que continúen creciendo, protegiendo así células y tejidos del daño causado por el congelamiento.

Dra. Verónica Reyes-Galindo

Editora Invitada.
Primer Congreso Mexicano de Evolución

Diseño de publicación: Sofia Paz



Luz Mariana Gonzalez Vega

Arkansas State University Querétaro, Querétaro, México. Experiencia en investigación en biología molecular, bioquímica de proteínas y bioinformática, con interés en evolución y diseño de proteínas mediante herramientas computacionales.

contacto: luzmarianagv14@gmail.com



Bernardo Pérez Zamorano

Arkansas State University Querétaro, ELISIA Education Hub, Querétaro, México. Profesor y líder del Molecular Evolution & Bioinformatics Laboratory (MEB Lab). Su investigación se centra en evolución molecular, bioinformática y evolución de proteínas, integrando filogenia, reconstrucción ancestral y análisis estructural para estudiar la diversificación funcional de proteínas.

contacto: bperezamorano@astate.edu