

José Eduardo González Reyes

Desde las redes

Una tormenta de colores

El segundo fin de semana de mayo vino acompañado no sólo de la celebración del Día de las Madres, sino también de un fenómeno astronómico inusual: miles de personas reportaron haber visto auroras boreales en lugares donde regularmente no podían visualizarse.

Nuestro Sol envía constantemente partículas cargadas en todas direcciones en forma de viento y tormentas solares. Cuando algunas de éstas llegan a

la Tierra, interactúan con el campo magnético, una especie de escudo que nos protege de sus efectos y las redirecciona alrededor de nuestro planeta. Sin embargo, algunas pueden lograr entrar a la atmósfera, donde excitan a los átomos de oxígeno y nitrógeno produciendo emisiones de luz de varios colores, lo que conocemos como auroras. Éstas pueden ser boreales o australes, dependiendo del polo en el que se formen.



Aurora sobre el suroeste de Columbia Británica, el 10 de mayo de 2024. Crédito: NASA/Mara Johnson-Groh.

Las auroras que se produjeron los pasados 10 y 11 de mayo tuvieron su origen en el plasma emitido por una región activa del Sol denominada AR3664, que aumentó su ancho a 15 diámetros terrestres aproximadamente. Desde el 8 de mayo esta zona envió al menos siete eyecciones en dirección a la Tierra, con velocidades de hasta 1 800 kilómetros por segundo.

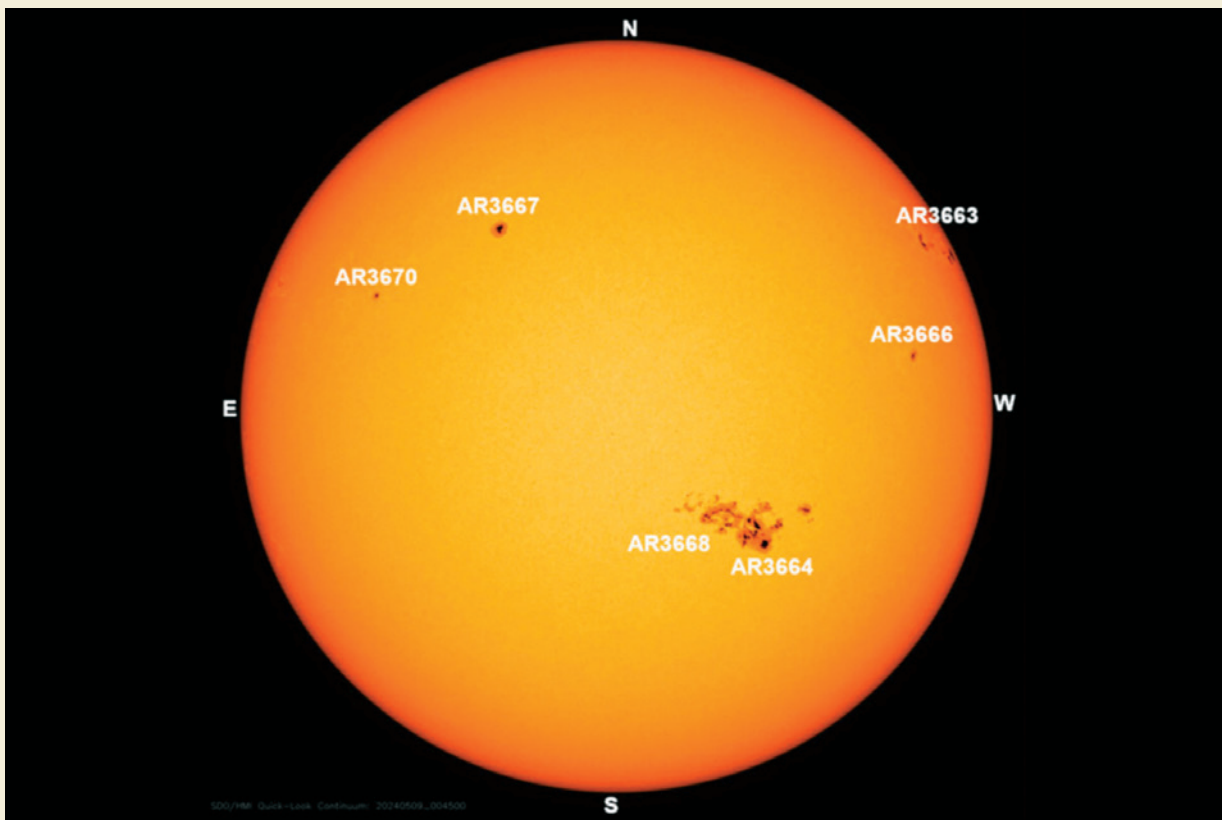
Esta alta cantidad de partículas produjo una alteración del campo magnético –también conocida como tormenta geomagnética– que fue clasificada como extrema en la escala de cinco niveles usada por el Centro de Predicción de Clima Espacial de Estados Unidos. Desde octubre de 2003, la Tierra no había experimentado un fenómeno de tal magnitud. Se pudieron observar auroras boreales hasta en el sur de Estados Unidos y el norte de la India. Hubo incluso reportes en México a través de fotografías del cielo realizadas con una exposición prolongada.

Pero no todo fue un espectáculo increíble a la vista. Las comunicaciones por radio y GPS se interrumpieron

en todo el mundo; la conexión a internet de Starlink –un servicio que depende de más de 5 000 satélites– informó sobre fallas temporales en la calidad de su señal, y algunos satélites interrumpieron sus trabajos de observación del espacio, como fue el caso del Observatorio de Rayos X Chandra de la NASA. Sin duda este fenómeno brindará material a los grupos de investigación para conocer mejor los procesos que ocurren en la estrella de nuestro sistema solar y el impacto que puede tener en los satélites, las misiones tripuladas y la infraestructura terrestre y espacial.

Más información

M. Johnson-Groh (2024), “How NASA Tracked the Most Intense Solar Storm in Decades”, NASA [en línea]. Disponible en: <https://science.nasa.gov/science-research/heliophysics/how-nasa-tracked-the-most-intense-solar-storm-in-decades/>.



Región AR3664 del Sol, observada el 11 de mayo de 2024. Crédito: NASA/SDO, AIA, EVE, HMI Science Teams, en colaboración con EarthSky.

¿El tamaño sí importa?

Una pequeña planta, un helecho conocido como horquilla o tenedor, oculta un gran secreto en el interior de sus células: un genoma 50 veces más grande que el de los seres humanos.

Esta especie, *Tmesipteris oblanceolata*, habita en las islas de Nueva Caledonia en el Pacífico, a unos 1200 kilómetros al este de Australia. Este helecho no es una especie llamativa, no tiene flores, crece sobre las ramas y troncos de árboles, incluso podría ser confundida con otro tipo de planta, pues no posee las características visuales de los helechos comunes.

El genoma es el conjunto completo de la información genética característica de cada organismo y se encuentra codificado en el ácido desoxirribonucleico (ADN), una molécula formada por pares de bases. En el caso de los humanos, éste tiene una longitud aproximada de 3200 millones de pares de bases o 3.2 gigabases (Gbp, por sus siglas en inglés; cada una equivale a mil millones de pares de bases), pero el de este helecho mide 160 Gbp. Si se desenrollara su ADN, obtendríamos una hebra de más de 100 metros de longitud.

Con este descubrimiento, dicha especie rompió el récord del genoma más largo conocido a la fecha. El título lo ostentaba, desde 2010, la planta *Paris japonica*, que puede ser encontrada en la isla de Honshu, Japón,



El *Tmesipteris oblanceolata* es un tipo de helecho que puede ser encontrado en Nueva Caledonia. Crédito: Pol Fernández.

y que cuenta con 149 Gbp. Otras especies con genomas realmente largos son los peces pulmonados, con 130 Gbp, o varias especies de salamandras, que pueden tener genomas 40 veces más largos que el humano.

Este hallazgo fue reportado por investigadores del Real Jardín Botánico de Kew del Reino Unido y del Institut Botànic de Barcelona, quienes usaron una técnica indirecta para poder calcular la longitud del genoma. Tiñeron el ADN de los núcleos de las células de *Tmesipteris*, bajo la premisa de que mientras más tinte se hubiera adherido a la molécula mayor sería la longitud de la misma. Para tener un patrón de comparación, usaron el genoma de especies comunes, como el ajo, la planta cultivada con el mayor genoma conocido, que posee 34 Gbp.

Contrario a lo que se podría pensar, los genomas tan grandes pueden poner en desventaja a sus portadores, pues sus ciclos reproductivos son mucho más lentos debido a que el ciclo celular es más largo con respecto al de un organismo con un genoma pequeño, además de que la demanda de nutrientes que se requiere para construir los ácidos nucleicos es mucho mayor. Sin embargo, debido a que este helecho se encuentra en un ambiente relativamente estable, con poca competencia, su inmenso genoma podría no ser ni perjudicial ni útil para que la planta pueda sobrevivir y reproducirse.

Aunque los autores del estudio no descartan por completo que en el futuro se puedan descubrir genomas aún más grandes, señalan que, si aún no se ha alcanzado el límite superior, el de *Tmesipteris* debe de estar muy cerca de él, debido a los múltiples costos fisiológicos, ecológicos y evolutivos asociados con las expansiones genómicas a escalas tan gigantescas. Para los científicos aún queda el reto de poder secuenciar un genoma tan grande y después entender qué es lo que está sucediendo con éste.

Más información

P. Fernández *et al.* (2024), "A 160 Gbp fork fern genome shatters size record for eukaryotes", *iScience* [en línea]. Disponible en: <<https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.109889>>.

Las retractaciones en las ciencias biomédicas

La retractación de artículos es un mecanismo que permite alertar a la comunidad científica en el sentido de que esos estudios no cumplen con los estándares para ser aceptados como válidos, ya sea porque hubo conductas inapropiadas por parte del equipo de investigación al publicar, o bien porque se detectaron errores honestos. En cualquier caso, las revistas deben publicar una nota señalando que el artículo ha sido retractado. Tan sólo en 2023 se rompió un récord con 10 000 artículos de investigación invalidados a nivel mundial, de acuerdo con la revista *Nature*.

Aunque éste es un problema grave para la ciencia en general, en el ámbito biomédico tener artículos con malas prácticas, o que se construya nuevo conocimiento con base en publicaciones que han sido retractadas, puede tener un fuerte impacto, debido a que los resultados son potencialmente usados en el área de la salud humana o animal.

Un equipo de la Universidad de Santiago de Compostela en España se dio a la tarea de conocer cómo han evolucionado las retractaciones biomédicas en Europa del año 2000 a 2021. Encontraron que la tasa se cuadruplicó en este periodo, pasando de 11 retractaciones por cada 100 000 artículos en el 2000, a 45 por cada 100 000 en 2020.

Dos tercios de estos artículos fueron retirados por motivos relacionados con mala conducta en la investigación, como manipulación de datos e imágenes, o fraude de autoría. Los países con el mayor número de retractaciones en Europa fueron Alemania, Reino Unido, Italia y España.

Desde 2010, la duplicación –entendida como la publicación redundante del artículo completo, imágenes o partes del texto publicados en otras revistas por los mismos autores– ha sido el principal motivo de retractación en Europa. Además, encontraron que el uso de datos poco fiables es una amenaza creciente en algunos países, como Italia.

Aunque algunos estudios previos consideran que el uso de *software* de detección de plagio produjo un aumento en la identificación del mismo, su uso actual debería de haber contribuido a su disminución. Los autores sugieren que se deben implementar políticas a nivel nacional para gestionar las malas prácticas, así como reforzar la educación en integridad científica en etapas tempranas de la formación, pues se ha observado que estar en las primeras etapas de una carrera de investigación es un factor predictivo de retractación, así como de mala conducta.

Más información

F. Freijedo-Farinas, A. Ruano-Ravina, M. Pérez-Ríos *et al.* (2024), “Biomedical retractions due to misconduct in Europe: characterization and trends in the last 20 years”, *Scientometrics*, 19:2867-2882. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s11192-024-04992-7>.



En 2023 se reportaron al menos 10 000 artículos de investigación retractados a nivel mundial. Créditos: Imagen generada con la IA Pikazo.