

Luis David Maldonado Bonilla

Los ribosomas y la clasificación de los seres vivos

El conocimiento de la diversidad biológica en nuestro planeta crece a diario. Los científicos en la actualidad interpretan la información genética en forma de ácido desoxirribonucleico para clasificar a los seres vivos y obtener datos de su historia evolutiva. Aquí te explicamos cómo la información genética que conforma a los ribosomas nos ayuda a clasificar seres vivos, sobre todo a las bacterias.

Introducción

La cantidad de especies en el planeta es tan grande e indescifrable que su número está aún en debate. Se estima que hay cerca de 9 millones de especies distintas (Conabio, 2020), sin contar las bacterias, cuyo número pudiera alcanzar un billón de especies (Locey y Lennon, 2016). Además del número, es abundante la diversidad de formas, tamaños y colores. Desde las más diminutas bacterias hasta ballenas colosales, desde gusanos transparentes hasta aves multicolores, desde escurridizos colibríes hasta el inmóvil pero imponente árbol del tule.

La gran diversidad biológica también se muestra en el hábitat, ya que tenemos seres vivos tanto en las profundidades del océano como en la montaña más alta, en el cálido trópico y en el gélido Polo Norte. Si consideramos también las diferentes fuentes de alimento y energía que tienen los seres vivos, la forma en que respiran o en que se reproducen, eso incrementa aún más la diversidad de especies.

Toda esta diversidad biológica empezó con LUCA (*last universal common ancestor*) o el “último ancestro común universal” (Rojas-Ortega y cols., 2020). LUCA habitó la Tierra hace más de 3 000 millones de años y a partir de él se derivaron otros organismos que a su vez fueron los ancestros de los animales, plantas y demás organismos del planeta “moderno”. Esta gran diversidad es producto de cambios ocurridos en millones de años, pero existen denominadores comunes: todos los seres vivos tienen información genética en forma de ácido desoxirribonucleico (ADN), todos tienen proteínas y ribosomas. El ADN está formado por nucleótidos, que son como los eslabones que se ensamblan entre sí para formar una cadena (que, de hecho, son dos). Los cuatro nucleótidos que forman el ADN son

distinguibles químicamente y los nombramos de manera abreviada A (adenina), G (guanina), T (timina) y C (citosina). A partir del ADN se producen mensajes de ácido ribonucleico (ARN), que es muy parecido al ADN, y que también tiene cuatro nucleótidos, pero uno es distinto. Los nucleótidos del ARN son A (adenina), G (guanina), U (uracilo) y C (citosina). Los mensajes de ARN se utilizan para producir las proteínas, que son las moléculas más versátiles de los seres vivos. Ellas realizan funciones de movimiento, transporte, digestión, soporte, inmunidad, etc. La versatilidad recae en su composición hecha de aminoácidos. Hay 20 aminoácidos distintos que se unen entre sí para formar a las proteínas, las cuales pueden tener unos cuantos aminoácidos o miles. Los ribosomas son las máquinas que tienen todos los

seres vivos para producir sus proteínas y se componen en su mayoría por ARN.

Ribosomas

Los mensajes de ARN que se forman a partir del ADN son leídos por los ribosomas, los cuales son estructuras moleculares muy grandes que se constituyen principalmente de ARN y que se distribuyen dentro de las células. Ellos pueden interpretar combinaciones de A, G, U y C como si fueran palabras, y a partir de esa lectura incorporan un aminoácido en particular para sintetizar la proteína. La lectura de los ribosomas para producir proteínas se conoce como traducción, que es un término muy ilustrativo, porque es de hecho un cambio de lenguaje: del



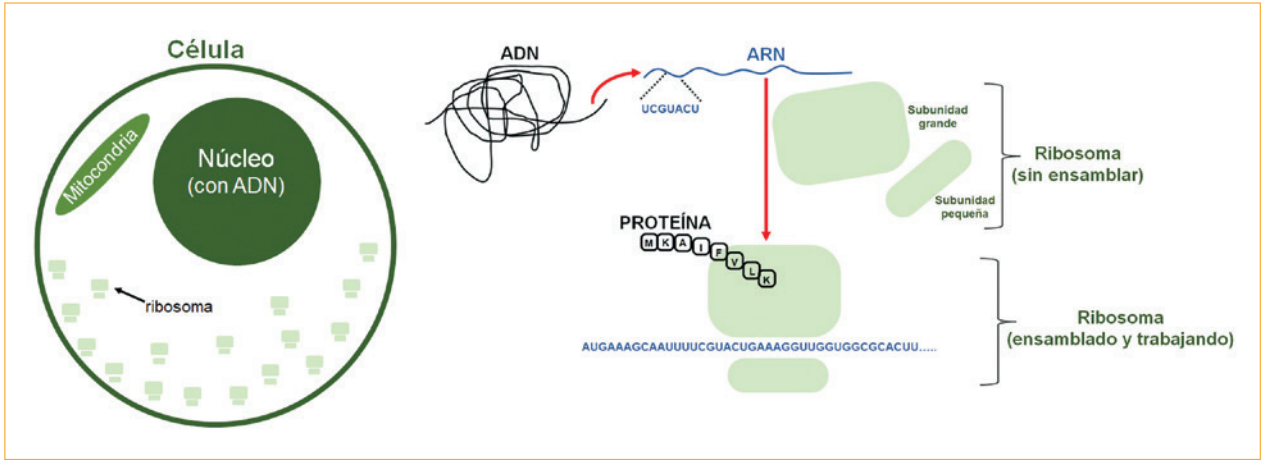


Figura 1. Los ribosomas sintetizan las proteínas. A la izquierda se muestra un esquema de la célula con sus ribosomas esparcidos dentro de ella. A la derecha vemos el proceso de traducción. Cada letra en un recuadro representa uno de los aminoácidos que forman a la proteína. Observa que el ribosoma sólo se ensambla cuando está sintetizando la proteína.

lenguaje de los nucleótidos al lenguaje de los aminoácidos. La **Figura 1** explica el proceso de síntesis de proteínas.

Los ribosomas también están hechos de ARN y proteínas. Los ARN que forman a los ribosomas se llaman ARN ribosomales (ARNr). En este artículo nos centraremos en ellos. Ahora bien, las bacterias –que son organismos unicelulares de 1 µm de longitud promedio– tienen ribosomas formados por dos subunidades, una grande y una pequeña (véase la **Figura 1**). La subunidad grande tiene dos ARNr distintos y la subunidad pequeña sólo un ARNr, que conocemos como 16S. En el caso de organismos eucariontes (animales, plantas, hongos), la subunidad grande tiene 3 ARNr distintos y la subunidad

pequeña un solo ARNr, que conocemos como 18S. Aunque el ARN es una cadena de nucleótidos enlazados uno tras otro, no quiere decir que los ARNr sean lineales, ya que se pliegan en sí mismos de forma similar al cable enredado del cargador de tu teléfono celular. Este plegamiento es necesario para darle forma al ribosoma funcional. En la **Figura 2** ilustramos el ribosoma de la mosca de la fruta y separamos sus constituyentes de ARNr.

■ **Variación del ARNr en los organismos**

■ Algunos nucleótidos del ARNr no pueden cambiar, porque si cambian, se modifica la estructura del ARNr, arriesgando la forma general del ribosoma y

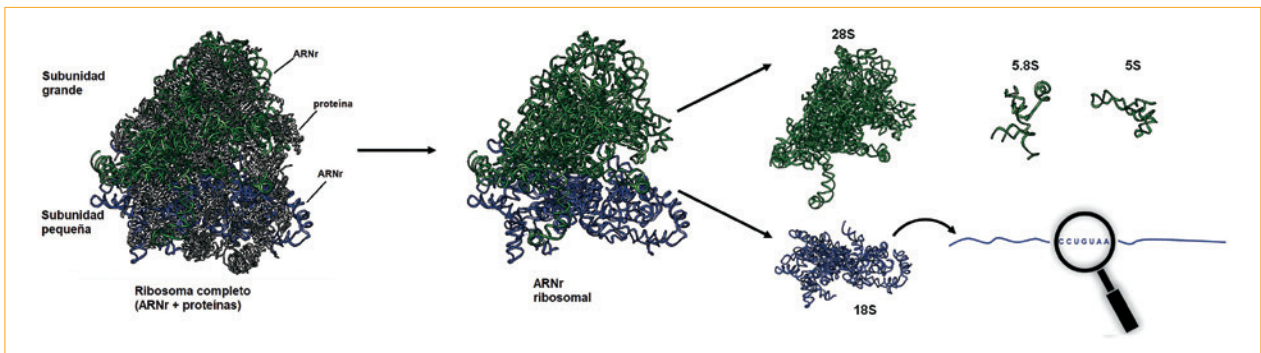


Figura 2. Estructura del ribosoma de la mosca de la fruta. De izquierda a derecha iremos descomponiendo el ribosoma en sus diferentes constituyentes. La subunidad grande tiene tres ARNr llamados 5S, 5.8S y 28S. La subunidad pequeña sólo tiene uno, llamado 18S, y al desenredarlo podemos ver sus nucleótidos dentro de la lupa. Esta figura está basada en la estructura del ribosoma de la mosca de la fruta. Información disponible en: <https://www.rcsb.org/> con el identificador 4V6W.

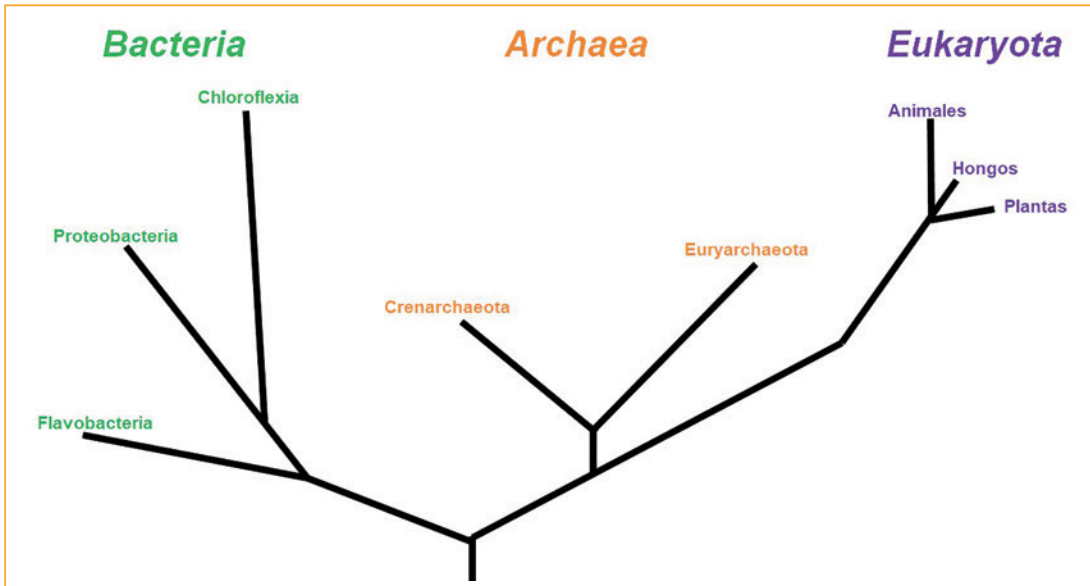


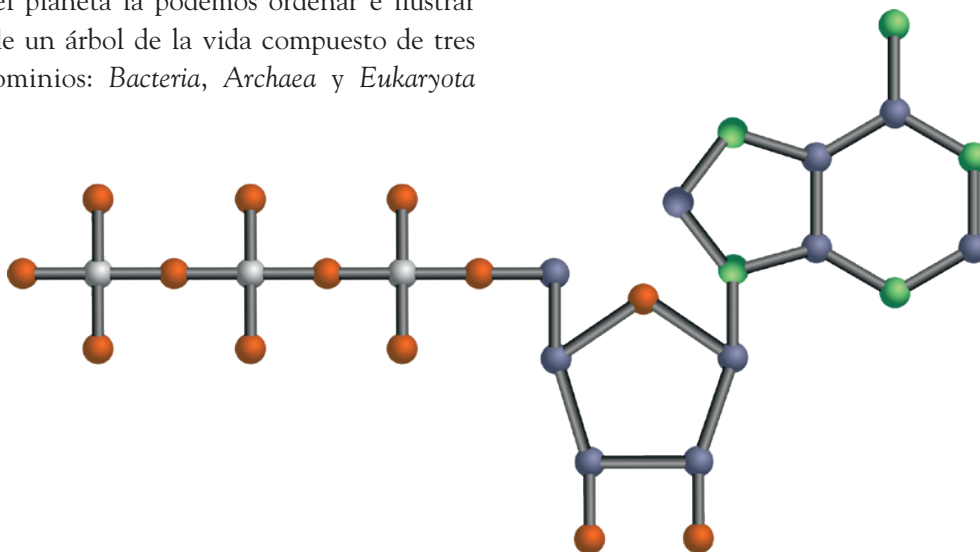
Figura 3. Árbol de la vida que muestra los tres dominios claramente separados. Muchos grupos de organismos se omitieron con el propósito de facilitar la ilustración.

por tanto su función. Sin embargo, pueden ocurrir cambios en el ADN que codifica a los ARN_r, y cuando éstos no son perjudiciales, se heredan a la progenie y se fijan en una población que, al paso de mucho tiempo, puede derivar en una nueva especie que presenta ese cambio en su ARN_r. Por lo tanto, existe una correlación directa entre las especies y su secuencia de ADN que codifica ARN_r, en especial el de la subunidad pequeña, ya sea la 16S o la 18S.

Gracias a estas consideraciones, el microbiólogo estadounidense Carl Woese propuso que la biodiversidad del planeta la podemos ordenar e ilustrar en forma de un árbol de la vida compuesto de tres grandes dominios: *Bacteria*, *Archaea* y *Eukaryota*

(Figura 3). Este árbol es producto de la determinación de la secuencia de nucleótidos de ARN_r y su posterior análisis (Woese, 2002). Hoy día existen bases de datos públicas de acceso libre a través de internet en donde los investigadores depositan las secuencias del 16S o 18S que obtienen en sus experimentos, de manera que existe un intercambio considerable de información en la comunidad científica.

Los científicos interesados en estos temas suelen comparar las secuencias de ADN de estos ARN_r,



así como la demás información genética relevante. Gracias a esas comparaciones, sabemos que hay fragmentos dentro de los ARNr que no han cambiado en el curso de millones de años y por lo tanto encontramos la misma secuencia en diferentes organismos; pero las diferencias, por muy sutiles que parezcan, son significativas para distinguir entre especies. Esto es particularmente importante para clasificar bacterias con la secuencia del ARNr 16S.

■ **El 16S como código de barras genético de bacterias**

■ Los científicos interesados en la biodiversidad utilizan secuencias de ADN para clasificar organismos. Las secuencias más recurrentes para este fin se conocen como códigos de barras genéticos, ya que la lógica detrás de su uso es similar a la de los códigos de barras de productos de supermercado. Al asignar un código de barras a un producto, van implícitas características como su tamaño, color, sabor, etc., y aunque haya productos parecidos, cada uno tiene su propio código de barras. Del mismo modo, los códigos de barras genéticos son secuencias características únicas para cada especie. El ADN que codifica el 16S

ADN ambiental
El que es recuperado a partir de una muestra tomada del medio ambiente. Puede ser agua de mar, aire, suelo, etcétera.

es el código de barras por excelencia de las bacterias. De hecho, el análisis de este gen le permitió a Carl Woese establecer que las arqueobacterias (*Archaea*), que inicialmente eran consideradas parte de las bacterias, se separaron de ellas formando un dominio aparte que vemos en la **Figura 3**.

Las bacterias son un grupo muy diverso, de importancia médica, agrícola, alimentaria, ambiental, etc., y clasificarlas es un primer paso para estudiarlas o proponer algún proceso biotecnológico basado en ellas. Además, muchas de las bacterias no crecen en condiciones de laboratorio, lo que impide su taxonomía siguiendo métodos tradicionales de microbiología. En este sentido es posible aislar **ADN ambiental**, y a partir de éste se detectan secuencias del 16S. Gracias al acceso libre a bases de datos y desarrollo de la informática para la biología (bioinformática), se pueden construir catálogos de códigos de barras genéticos de bacterias, que además de ayudar a clasificarlas y a descubrir nuevas especies, permiten a los científicos tomar decisiones para experimentos o procesos posteriores.

En la **Figura 4** se presenta una comparación de un fragmento de ADN del 16S de tres bacterias que

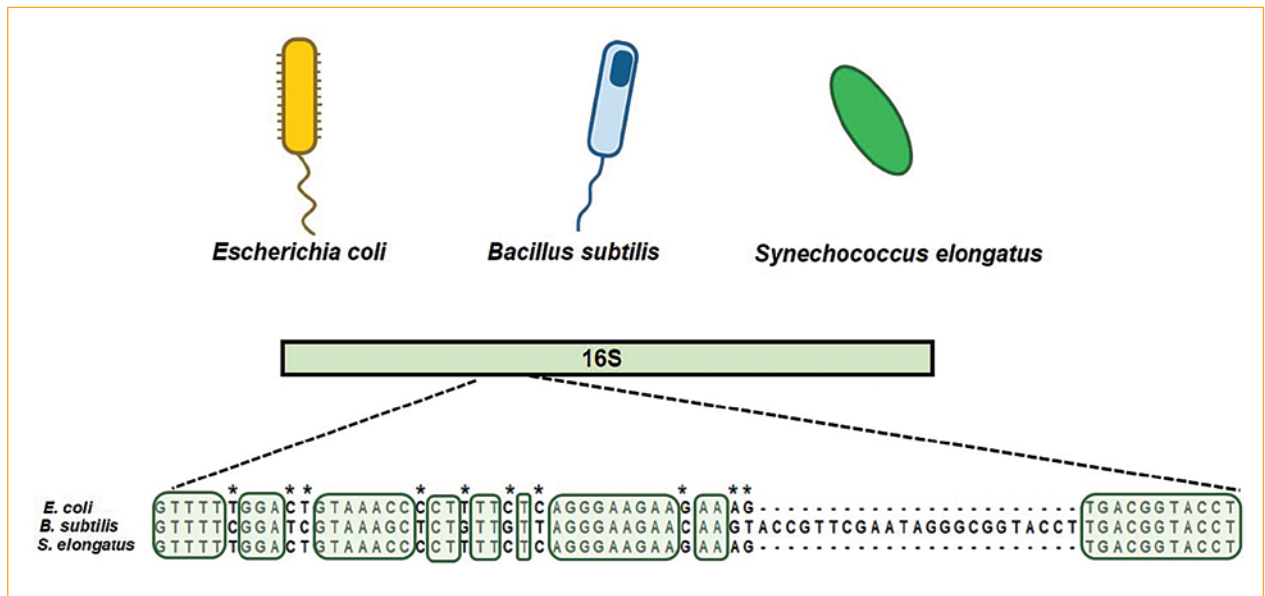


Figura 4. Comparación de un fragmento de la secuencia que codifica el componente 16S en las bacterias *E. coli*, *B. subtilis* y *S. elongatus*. Es notable que se conservan nucleótidos, pero también diferencias que se marcan con un asterisco (*) por encima de la secuencia; incluso el de *B. subtilis* es más grande. Las secuencias fueron tomadas de la base de datos de nucleótidos de Centro Nacional de Información Biotecnológica (NCBI por sus siglas en inglés). Información disponible en: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>> con los números de acceso: X80721.1 (*E. coli*), NR_112116.2 (*B. subtilis*) y NR_074309.1 (*S. elongatus*).

no tienen mucha relación: *Escherichia coli*, que vive en nuestro tracto digestivo; *Bacillus subtilis*, que habita el suelo, y *Synechococcus elongatus*, que es acuática. Para comparar las secuencias se hace un alineamiento; es decir, se colocan las secuencias en renglones distintos, de tal forma que se obtengan el mayor número de coincidencias. El 16S se representa con el rectángulo verde y como tiene una longitud promedio de 1 600 nucleótidos, sólo se ilustra el alineamiento de una porción de las tres secuencias indicadas en la figura. En el fragmento de la secuencia se observa una gran similitud, pero también diferencias, las cuales son críticas para definir las como especies distintas. En resumen, cada especie de bacteria tiene su propio código de barras genético indispensable para su taxonomía y estudios de biodiversidad en el siglo XXI.

Conclusión

La diversidad biológica es tan vasta y desconocida que necesitamos estrategias que permitan una identificación y clasificación precisas de los seres vivos, y que al mismo tiempo usen las nuevas tecnologías de la información que nos facilitan el flujo y actualización de datos. El análisis de secuencias de ARNr cubre estos propósitos y es de particular utilidad en el caso de bacterias. Te invitamos a conocer más acerca de la diversidad biológica de tu comunidad, a ubicar las especies más representativas y así contribuir al conocimiento de la biodiversidad mexicana con el empleo de códigos de barras.

Luis David Maldonado Bonilla

Universidad del Mar, campus Puerto Escondido.
maldonado@zicatelamar.mx



Referencias específicas

- Conabio (2020), “¿Cuántas especies hay?”. Disponible en: <https://www.biodiversidad.gob.mx/especies/cuantasesp>, consultado el 17 de julio de 2024.
- Locey, K. J., y J. T. Lennon (2016), “Scaling laws predict global microbial diversity”, *Proceedings of the National Academy of Science of USA*, 113(21): 5970-5975.
- Rojas-Ortega, E., K. Vázquez, C. Segal-Kischinevsky y J. González (2020), “Del Big Bang al origen de la vida: aspectos básicos”, *Revista de Educación Bioquímica*, 39(3):83-95.
- Woese, C. R. (2002), “On the evolution of cells”, *Proceedings of the National Academy of Science of USA*, 99(13):8742-8747.