

Genes que cuentan los años: el reloj epigenético de los invertebrados marinos

Por Investigadores del CIAD

¿Cómo se podría saber la edad de una ostra, un erizo de mar o un camarón, sin necesidad de medirlos ni sacrificarlos? A diferencia de los corales, que acumulan capas anuales en sus esqueletos calcáreos (Sakashita et al., 2016), o los árboles, que poseen anillos de crecimiento visibles que revelan cuántos años han vivido (Nist, 2025), muchos invertebrados marinos no presentan estructuras externas que delaten su edad. Durante mucho tiempo, esa pregunta fue un verdadero enigma para la biología y acuicultura. Hoy la respuesta comienza a encontrarse en un campo emergente de la biología molecular: los relojes epigenéticos (Hiebert et al., 2025). Los relojes epigenéticos funcionan como cronómetros internos escritos en el ADN. No se refiere a cambios en la secuencia del ADN, sino a marcas químicas llamadas “metilaciones”, que se suman o se quitan en lugares específicos del genoma llamados sitios CpG. Estas modificaciones epigenéticas se acumulan o se pierden de manera predecible con el paso del tiempo (Piferrer y Anastasiadi, 2023). En los humanos ya se utilizan para calcular la edad biológica y para anticipar riesgos de enfermedades relacionadas con el envejecimiento (Duan et al., 2022). Lo sorprendente es que este mismo principio se está empezando a aplicar en organismos marinos. Aun cuando extrapolar un modelo basado en mamíferos a animales marinos invertebrados tiene sus complicaciones, la ciencia ha demostrado que las ostras, los erizos de mar, e incluso los camarones, también llevan inscrita su historia vital en el ADN. En la langosta europea (*Homarus gammarus*) se ha identificado un reloj epigenético capaz de reflejar con notable precisión la edad cronológica. El análisis de la

metilación de ADN ribosómico permitió predecir la edad de las langostas con un margen de error aproximado de un mes y medio (Fairfield et al., 2021). Sin embargo, es fundamental aclarar que los relojes epigenéticos no dependen de un solo “gen mágico” que marque el paso del tiempo, sino de un conjunto de regiones distribuidas a lo largo del genoma. Por ejemplo, un estudio realizado a un grupo de hidroides de agua dulce (*Hydra vulgaris*) mostró que la metilación del DNA en estos organismos ocurría principalmente en transposones dentro del genoma, ayudando a la prevención de mutaciones con efectos potencialmente dañinos al organismo (Ying et al., 2022). Ya que el estudio sobre la naturaleza y función de los relojes epigenéticos en invertebrados marinos aún es escaso, la continuación de este tipo de estudios permitirá tener un mejor entendimiento de los sistemas relacionados con la metilación y demetilación, así como de sus diferentes puntos objetivo dependientes de la naturaleza taxonómica del organismo en el que actúan (Maleszka, 2025).

¿Por qué es importante estudiar los relojes epigenéticos?

La oportunidad de calcular la edad auténtica de los invertebrados marinos ofrece numerosas opciones: Acuicultura: estimar la edad de ostras o camarones facilita la planificación de la cosecha y el manejo de poblaciones, optimizando la producción sin sobreexplotar los recursos. Ecología y conservación: ayudan a evaluar cómo la contaminación, el



cambio climático o la acidificación oceánica influyen en el envejecimiento biológico de los organismos marinos. Salud y envejecimiento: la metilación del ADN refleja cambios fisiológicos vinculados al estrés ambiental, permitiendo detectar senescencia acelerada y posibles impactos negativos tempranos. Ciencia básica: facilita la comparación entre especies para identificar mecanismos comunes de longevidad y regulación del envejecimiento. En definitiva, los relojes epigenéticos muestran que, incluso en organismos sin estructuras externas que revelen su edad, el paso del tiempo queda registrado en el ADN. Gracias a estas investigaciones, los invertebrados marinos podrían perfilarse como modelos clave para explorar como el envejecimiento se entrelaza con la vida en un océano que cambia rápidamente.

En el Laboratorio de Biología Molecular y Bioquímica del Centro de Investigación en Alimentación y Desarrollo (CIAD) en Hermosillo, Sonora, se llevan a cabo estudios para investigar cambios epigenéticos en el camarón blanco *Penaeus vannamei* en respuesta a condiciones ambientales adversas, así como los genes regulados mediante metilación del ADN. Estos estudios permitirán obtener una visión más detallada de los procesos epigenéticos que influyen en la fisiología y adaptación del camarón.

*** Autores(as):** Jesús Adelmo Rosas Anaya y Greda Arellano Morán Yáñez, estudiantes del Doctorado en Ciencias del CIAD, y Gloria Yepiz Plascencia, investigadora de la Coordinación de Tecnología de Alimentos de Origen Animal del CIAD, sede Hermosillo.