



## Boletín mensual El desarrollo de la cooperación científica entre América Latina y los Institutos Max Planck Junio 2024

### Cooperación con América Latina

**El profesor Chileno Matthias Schreiber integrará prestigioso programa internacional de investigación Mercator.**

Como reconocimiento a su trabajo científico en estrellas binarias y emisión de rayos X, Matthias Schreiber, profesor del Departamento de Física de la Universidad Técnica Federico Santa María, fue nombrado miembro del Programa Mercator.

En conjunto con científicos de los institutos alemanes de Leibniz Institute Potsdam (AIP) y Erlangen Institute for astro-particle physics (ECAP), colaborará durante



Prof. Matthias Schreiber © <https://fisica.usm.cl/>

los próximos tres años en una investigación que busca profundizar el conocimiento teórico y observacional en el campo de las estrellas binarias y los remanentes estelares, especialmente, en lo que respecta a la emisión de rayos X.

Este proyecto de investigación se centra en el análisis de datos recopilados por el satélite eROSITA que realiza un estudio del universo en el rango de rayos X para comprender mejor los procesos astrofísicos en diversas estructuras cósmicas y en particular del campo de las estrellas binarias y los remanentes estelares como enanas blancas, estrellas de neutrones y agujeros negros. El satélite está dirigido por un consorcio de encabezado por el IMP de Física Extraterrestre, el instituto Leibniz de Astrofísica de Potsdam y el Instituto Sternberg de Astronomía en Rusia.

“Cualquier cooperación internacional de este nivel es de gran importancia para la institución, porque contribuye a la formación de capital humano avanzado y también, gracias a ella se establecen relaciones duraderas y puertas a futuras colaboraciones internacionales para estudiantes y profesionales de la astrofísica en nuestra universidad y en el país”, explicó el experto.

### Identifican una molécula que regula la respuesta al estrés

De acuerdo con datos de la Organización Mundial de la Salud, la ansiedad es la afección más común en todo el mundo: en 2019, padecieron este problema más de 300 millones de personas. Y en el primer año de la pandemia, un 25% más. Tanto la ansiedad como la depresión y otros cuadros que pueden deteriorar nuestra calidad de vida son complejos y multicausales, pero en las últimas décadas muchos grupos científicos se concentraron en explorar los más diminutos engranajes del cerebro en busca de moléculas vinculadas con su aparición y que puedan ser blanco de nuevos fármacos. Después de un arduo trabajo de ocho años, un equipo del Instituto de Investigaciones en Biomedicina de Buenos Aires, descubrió un subtipo de ARN que actúa como regulador de la respuesta al stress: llamado circTulp4 y prácticamente desconocido, ahora se sabe que funciona como un promotor de la comunicación entre neuronas.

Los estudios iniciales se realizaron en cultivos neuronales, pero para comprender cuál podría ser la relevancia de este ARN circular sobre la conducta, el

grupo empleó la técnica de edición génica llamada CRISPR-Cas9 para modificar el genoma de un ratón de modo de eliminar la presencia de circTulp4 de su cerebro. Al estudiar la conducta de estos ratones, observaron que la ausencia de circTulp4 aumentó la sensibilidad a los estímulos aversivos o estresantes, lo que sugiere que esta molécula juega un papel inhibitorio sobre los circuitos que controlan la respuesta al estrés.



El equipo del IBioBA. De izq. a der: María Laura Gimeno, Ivana Linenberg, Damián Refojo, Sebastián Giusti, Camila Pannunzio, Mariana Erdocia y Giuliana Di Mauro. © Verónica Tello

“Cuando hablamos de sensibilidad a estímulos aversivos, nos referimos a cuán fácilmente una persona o un organismo puede sentir o percibir eventos o situaciones desagradables, dolorosas o simplemente amenazantes. Hay moléculas que regulan los circuitos cerebrales de sentido para detectar este tipo de señales potencialmente dañinas o peligrosas”, explica Sebastián Giusti, investigador del CONICET en el IBioBA y primer autor del paper. CircTulp4 regula los circuitos que sintonizan la respuesta con la intensidad del estímulo ambiental: “Hay estímulos que se vuelven potencialmente peligrosos, por eso es adaptativo en los animales implementar conductas de respuesta al estrés cuando la intensidad de esos estímulos ha superado determinado umbral; por el contrario, no es adaptativo reaccionar cuando están por debajo de ese umbral”, agrega. Cabe destacar que alteraciones crónicas en estos mecanismos de control de estrés suelen estar presentes o preceder al inicio de enfermedades psiquiátricas como depresión o ansiedad.

Hace más de tres décadas se descubrieron los ARN circulares (circARN), un tipo de ARN no codificante, es decir ARN que no produce proteínas (una de las

funciones principales del ARN en las células), sino que ejercen funciones per se. Sin embargo, su importancia funcional siguió siendo enigmática hasta que recientes avances en las tecnologías de secuenciación arrojaron luz sobre su abundancia y sus posibles funciones.

En el año 2015, el grupo participó de un estudio colaborativo donde se confeccionó el primer catálogo molecular de ARN circulares presentes en distintas áreas cerebrales, en tipos específicos de neuronas e incluso dentro de compartimentos sinápticos. “Fue entonces cuando supimos que esta nueva clase de ARN era muy relevante en el sistema nervioso, pero no sabíamos nada sobre su función”, subraya Damián Refojo, director del IBioBA.

En los años subsiguientes, unos pocos grupos de trabajo describieron algunos efectos de ARN circulares en neuronas, pero para estudiar las funciones sobre conductas complejas era necesario contar con modelos animales, y la obtención de estos modelos implica complejas y costosas técnicas de ingeniería genética. Es por ello que había una carencia importante de trabajos científicos que demuestren si estos ARN circulares podían, en efecto, jugar un rol en comportamientos complejos, como la memoria, el aprendizaje o la conducta emocional.

Intrigado, entonces, por la abundancia de ARN circulares en el sistema nervioso, el equipo de investigación se enfocó en circTulp4 para estudiar su impacto funcional. “Hay muchas evidencias que sugieren que diferentes trastornos mentales tienen su origen en un funcionamiento anómalo de las sinapsis, y circTulp4 no solo es de los ARN circulares más abundantes en el cerebro, sino que además es de los más abundantes en la sinapsis misma”, explica Giusti.

A través de técnicas de ingeniería genética, crearon un modelo de ratón deficiente en circTulp4 que permitió investigar en detalle la importancia real de esta molécula sobre distintos aspectos de la conducta. Para ello, realizaron una extensa evaluación neurológica y comportamental con foco en conductas relacionadas a estrés, ansiedad y depresión. El equipo observó que en principio esta molécula incide en el comportamiento en situaciones estresantes o ansiogénicas. “Nuestros resultados indican que estaríamos en presencia de un nuevo tipo de molécula endógena anti-stress e incluso probablemente ansiolítica”, sostiene Refojo.

A futuro, en el laboratorio se proponen investigar en profundidad los mecanismos moleculares que

subyacen a los efectos celulares y conductuales de circTulp4. "Este es un camino que recién se inicia, para comprender mejor como actúa circTulp4 tenemos que continuar con estudios bioquímicos y moleculares más profundos, y eso es lo que ya comenzamos a hacer. Además, es importante ampliar los estudios hacia nuevos ARN circulares que creemos, según datos preliminares, que pueden ser también relevantes en el funcionamiento del sistema nervioso central", comenta Giusti.

Entender la función de circTulp4 representa un hallazgo importante en el desciframiento de la función de los ARN circulares en el sistema nervioso. "Estos descubrimientos subrayan el amplio potencial de los ARN circulares como actores relevantes no solo de la función neuronal, sino en la regulación de conductas complejas y probablemente también, para la comprensión de trastornos psiquiátricos cuyas bases patológicas aún conocemos pobremente, lo que nos impide tener mejores herramientas terapéuticas. Además, la pandemia del COVID nos ha dejado un legado y una enseñanza trascendentes. El legado, las terapias basadas en la tecnología de ARN, una nueva estrategia terapéutica que llegó para quedarse. La enseñanza: solo quienes manejen estas tecnologías estarán en condiciones de desarrollar nuevas terapias o hacer frente a nuevos desafíos en salud humana o animal", concluye Refojo.

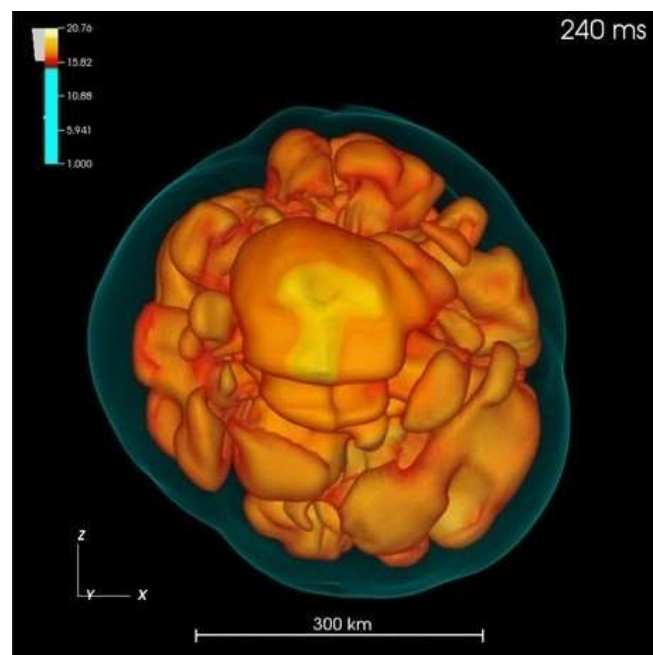
Para llegar a estos resultados, se utilizaron diferentes técnicas de ingeniería genética, electrofisiología, microscopía, estudios conductuales y experimentos moleculares de proteómica y transcriptómica. Esto se logró gracias a la estrecha colaboración con el Laboratorio de Circuitos Neuronales del IBioBA, liderado por Antonia Marin Burgin, con Sebastian Kadener, del Laboratorio de metabolismo del RNA en el Universidad Brandeis de Boston; con Nils Brose, del Instituto Max Planck de Ciencias Multidisciplinarias en Goettingen; con Jan Deussing del Instituto Max Planck de Psiquiatría en Munich y con Wolfgang Wurst y Martin Hrabe de Angelis del Centro Helmholtz en Munich.

*SCIENCE ADVANCES; 24 de mayo de 2024; Volúmen 10, Número 21; DOI: 10.1126/sciadv.adj8769*

## El sistema binario de agujeros negros pone a prueba la teoría de las supernovas

Desde hace décadas, sabemos de la existencia de sistemas estelares binarios en la Vía Láctea, donde una de las estrellas es un agujero negro. "El descubrimiento del agujero negro binario VFTS 243 en nuestra vecina Gran Nube de Magallanes fue extraordinario, y el sistema en sí es notable", dice Alejandro Vigna-Gómez, investigador Mexicano quien era investigador postdoctoral en NBI (que significa?) cuando se anunció la detección de VFTS 243, y ahora tiene su sede en el Instituto Max Planck de Astrofísica en Garching. El sistema binario consiste en una estrella con 25 veces la masa del Sol y un agujero negro compañero de 10 veces la masa del Sol.

Las estrellas que son varias veces más masivas que el Sol terminan sus vidas en explosiones poderosas y luminosas conocidas como supernovas. El colapso del denso núcleo metálico de la estrella masiva libera una gran cantidad de energía, principalmente en neutrinos, mientras que las capas externas de la estrella son



Instantánea de una simulación tridimensional de una supernova basada en un modelo estelar con una masa 11,2 veces mayor que la del Sol.  
© Tamborra et al. 2014

expulsadas al espacio exterior. Este material puede llegar a tener muchas veces la masa del Sol y es expulsado a velocidades de cientos a miles de kilómetros por segundo, lo que lleva a asimetrías a gran

escala de la materia expulsada que también observamos en los restos de las explosiones.

Estas asimetrías y eyecciones de masa afectan directamente al remanente muy denso en el núcleo, la estrella de neutrones recién formada, que experimenta un retroceso (una patada natal) que puede cambiar abruptamente su velocidad. Hay mucha evidencia de estas patadas natales para las estrellas de neutrones, ya que las observamos moviéndose a grandes velocidades a través de la Vía Láctea. Sin embargo, en el caso de los objetos compactos más masivos conocidos, los agujeros negros, estas patadas natales no se comprenden bien. Estos agujeros negros estelares se forman en el colapso de estrellas masivas, en particular cuando la explosión no tiene éxito y la materia que cae colapsa sobre sí misma.

El reciente descubrimiento de estrellas "desaparecidas" sugiere que una gran fracción de las estrellas masivas que colapsan forman agujeros negros sin ninguna explosión, que a diferencia de las supernovas brillantes que no podemos observar. Sin embargo, no está claro cuánta masa pierden estas estrellas durante la formación de agujeros negros, o qué tan grandes son sus patadas natales. Si la estrella masiva colapsa directamente en un agujero negro, no se expulsa materia bariónica, y la energía se pierde predominantemente a través de neutrinos. "VFTS 243 nos ha permitido probar este escenario", dice Vigna-Gómez.

El equipo exploró el escenario de colapso completo del agujero negro binario VFTS 243, donde una estrella diez veces más masiva que el Sol en su etapa final había concluido su ciclo de vida a través de una implosión. Con modelos de última generación de colapso estelar desarrollados en el MPA, calcularon los efectos en la órbita de un sistema estelar binario durante la formación del agujero negro. En el escenario de colapso completo, la enorme energía de enlace gravitacional liberada durante la formación del agujero negro es arrastrada exclusivamente por las partículas débiles, neutras y ligeras conocidas como neutrinos.

"Sondear los procesos físicos que tienen lugar en el interior más profundo de las estrellas en colapso es extremadamente difícil y solo es posible en circunstancias especiales", dice H.-Thomas Janka, teórico de supernovas en el MPA. "El agujero negro observado en el sistema binario VFTS 243 es un caso

muy especial", añade Daniel Kresse, investigador postdoctoral en el grupo de Janka. "Nos permitió concluir, por primera vez, que los neutrinos se emiten casi por igual en todas las direcciones cuando el progenitor masivo colapsó para formar el agujero negro".

*Physical Review Letters*; 9 de mayo de 2024; DOI: 10.1103/PhysRevLett.132.191403

### **En la selva tropical panameña, científicos enfrentaron a primates de cerebro grande contra mamíferos de cerebro más pequeño para averiguar quién era el recolector más inteligente**

Los primates, incluidos los humanos, tienen cerebros más grandes que la mayoría de los otros mamíferos, pero ¿por qué? Los científicos que buscan la respuesta han seguido durante mucho tiempo un rastro que apunta a la dieta, específicamente a la fruta, como la razón por la que los primates desarrollaron cerebros más grandes. Un equipo del Instituto Max Planck de Comportamiento Animal en Konstanz y el Instituto Smithsonian de Investigaciones Tropicales probó esta idea por primera vez, encontrando que la teoría de la dieta de frutas podría estar agotada. La fruta, después de todo, es un recurso valioso pero variable. Impone demandas cognitivas a los animales que deben encontrar árboles frutales y recordar cuándo maduran. Los estudios han respaldado la teoría de la relación entre la dieta y la evolución del cerebro al mostrar correlaciones entre el tamaño del cerebro y la cantidad de fruta en la dieta "pero nunca había sido respaldada experimentalmente", explica el primer autor Ben Hirsch, investigador asociado de STRI.

La barrera ha sido metodológica. Para probar la hipótesis de la dieta de la fruta, los científicos deben medir la eficiencia con la que un animal encuentra la fruta. Dice Hirsch: "Los primates y muchos otros mamíferos viajan largas distancias todos los días en busca de alimento, lo que hace casi imposible replicar sus desafíos de navegación en el mundo real en un laboratorio". El equipo sorteó este problema explotando un fenómeno natural que ocurre en la selva tropical de la isla Barro Colorado en Panamá. Durante tres meses al año, los mamíferos frugívoros se ven obligados a alimentarse de una especie de árbol, *Dipteryx oleifera*. "Dado que los animales se alimentan casi exclusivamente de la fruta de *Dipteryx*, están resolviendo simultáneamente el mismo rompecabezas



de búsqueda de alimento", dice la autora principal Meg Crofoot, directora del MPI-AB y profesora Humboldt en la Universidad de Konstanz. "Esto nos da una herramienta poderosa para comparar su eficiencia de forrajeo".



Mapa de los árboles de *Dipteryx* en la isla Barro Colorado detectados a través de vuelos de drones durante el estudio. © Hirsch et al. Proc B 2024

El equipo cartografió la ubicación de todos los árboles de *Dipteryx* en la isla de Barro Colorado volando drones en verano, cuando los árboles altos estaban coronados con llamativas flores púrpuras. El mapa de los árboles frutales reveló el alcance total del rompecabezas de la fruta al que se enfrentan los animales, pero los científicos aún necesitaban probar la eficiencia con la que los mamíferos con diferentes tamaños cerebrales visitaban estos árboles. Rastrear varios individuos de dos primates de cerebro grande (monos araña y capuchinos de cara blanca) y dos parientes mapaches de cerebro más pequeño (coatíes de nariz blanca y kinkajús). Los sensores GPS revelaron los caminos que los animales tomaron hacia los árboles de *Dipteryx*, mientras que los acelerómetros confirmaron que un animal estaba activo, y potencialmente alimentándose, durante una visita al árbol.

A continuación, los científicos calcularon la eficiencia de la ruta como la cantidad diaria de tiempo que se pasa activo en los árboles de *Dipteryx* dividida por la distancia recorrida. De acuerdo con la hipótesis de la dieta de la fruta, los capuchinos de cerebro grande y los monos araña deberían exhibir una mayor eficiencia de ruta que los coatíes y los kinkajús.

"No encontramos ninguna evidencia de que los animales con cerebros más grandes tomaran decisiones de búsqueda de alimento más inteligentes", dice Crofoot. "Si los cerebros más grandes hacen que los animales sean más inteligentes, entonces esta

inteligencia no se está utilizando para dirigirse de manera más eficiente a los árboles frutales en esta selva tropical".

Entonces, ¿por qué aumentó el tamaño del cerebro en algunas especies? Los autores dicen que al refutar la hipótesis de la dieta de la fruta, su estudio puede cambiar el enfoque a ideas más allá de la eficiencia de la búsqueda de alimento. "Los cerebros más grandes podrían promover una mejor memoria episódica, lo que permite a esas especies programar mejor las visitas a los árboles para maximizar la cantidad de fruta madura encontrada", dice Hirsch. Los autores también sugieren que los cerebros más grandes podrían estar relacionados con el uso de herramientas, la cultura o la complejidad de vivir en un grupo social.

"Nuestro estudio no puede determinar los impulsores exactos de la evolución del cerebro", dice Crofoot, "pero hemos podido utilizar técnicas mínimamente invasivas para probar empíricamente una gran hipótesis sobre la evolución, la cognición y el comportamiento de los animales salvajes".

*Proceedings of the Royal Society B. 29 de mayo de 2024.*  
[DOI:10.1098/rspb.2024.0138](https://doi.org/10.1098/rspb.2024.0138)

---

### Oportunidades de investigación en Institutos Max Planck e IMPRS

---

Resumen de las vacantes doctorales y postdoctorales en Institutos Max Planck y Escuelas Internacionales de Investigación Doctoral Max Planck publicadas durante el mes de mayo.

[Acceder al resumen](#)

---

### Noticias destacadas de Institutos Max Planck

---

**Las nubes cubren el lado nocturno del exoplaneta WASP-43b**

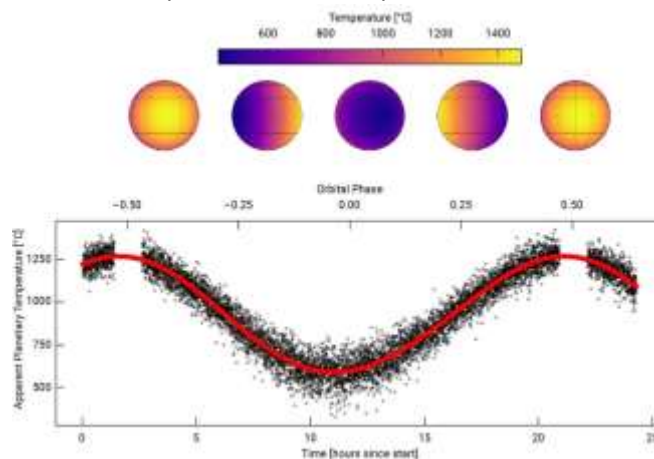
Los Júpiter calientes son exoplanetas gigantes gaseosos extremos que orbitan muy cerca alrededor de sus estrellas anfitrionas, lo que produce varias

propiedades exóticas con respecto a la temperatura, la densidad, la composición, la química y el clima. Con la llegada de telescopios innovadores y sensibles, como el Telescopio Espacial James Webb (JWST), los astrónomos han comenzado a estudiar sus atmósferas con gran detalle. Una colaboración internacional de astrónomos, incluidos científicos del Instituto Max Planck de Astronomía en Heidelberg, observó el Júpiter caliente WASP-43b con el Instrumento de Infrarrojo Medio (MIRI) del JWST para estudiar su clima.

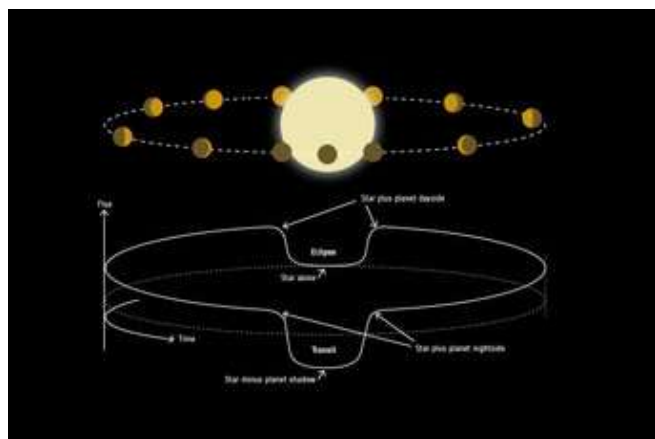
El resultado central es un mapa que describe la distribución de la temperatura global derivada de la luz infrarroja que WASP-43b emite en respuesta a la irradiación de su estrella anfitriona. Al cubrir un rango espectral sensible a materiales calientes, MIRI funciona de manera similar a un termómetro sin contacto utilizado para medir la temperatura corporal, pero a través de grandes distancias, lo que equivale a 280 años luz para WASP-43b. En este mapa, las temperaturas medidas están entre 600 y 1250 grados centígrados. En contraste, usando observaciones

que el planeta necesita para girar alrededor de su eje. En consecuencia, la estrella siempre ilumina y calienta el mismo lado del planeta.

Los vientos llevan el aire al hemisferio opuesto, donde se enfría en la noche eterna. Sin embargo, en WASP-43b, estos vientos son extremadamente violentos, con velocidades de viento que alcanzan casi 9000 km/h, que está más allá de cualquier cosa que veamos en el Sistema Solar. En comparación, incluso los vientos más fuertes de Júpiter no son más que una brisa suave.



Esta imagen ilustra cómo una estrella ilumina y calienta el lado diurno de un planeta bloqueado por las mareas que orbita en rotación limitada. © ESA



El equipo midió la temperatura en toda la superficie del planeta aplicando el método de observación de la curva de fase, con MIRI funcionando como un gigantesco termómetro infrarrojo sin contacto. © Taylor J. Bell (BAERI/NASA) / MPIA

comparables, Júpiter, el gigante gaseoso del Sistema Solar, alcanza los -135 grados.

Aunque similar en tamaño y masa a Júpiter, es un mundo muy diferente. WASP-43b mantiene una órbita excepcionalmente estrecha alrededor de su estrella anfitriona, WASP-43, viajando solo dos diámetros estelares por encima de la superficie de la estrella mientras completa su órbita en solo 19,5 horas. La pequeña separación dio como resultado que el día y el año del planeta se sincronizaran. En otras palabras, girar alrededor de la estrella toma el mismo tiempo

"Con el Hubble, pudimos ver claramente que hay vapor de agua en el lado diurno. Tanto el Hubble como el Spitzer sugirieron que podría haber nubes en el lado nocturno", explicó Taylor Bell. "Pero necesitábamos mediciones más precisas del JWST para comenzar a mapear realmente la temperatura, la cobertura de nubes, los vientos y la composición atmosférica más detallada en todo el planeta". Las observaciones del JWST encontraron que el contraste de temperatura entre el lado diurno y el nocturno es más fuerte de lo que se podría esperar para una atmósfera libre de nubes. Los cálculos del modelo confirman que el lado nocturno del planeta está envuelto en una gruesa capa de nubes en lo alto de la atmósfera, que bloquea gran parte de la radiación infrarroja de abajo. Todavía se desconocen los tipos exactos de nubes. Claramente, no serán nubes de agua como las de la Tierra, y mucho menos las nubes de amoníaco que vemos en Júpiter, ya que el planeta está demasiado caliente para que el agua y el amoníaco se condensen. En cambio, es más probable que las nubes hechas de rocas y minerales estén presentes a estas temperaturas. Por lo tanto, deberíamos esperar nubes hechas de gotas de roca

líquida. Por otro lado, el lado diurno más caluroso de WASP-43b parece estar libre de nubes.

Para sondear la composición atmosférica con más detalle, el equipo produjo espectros, es decir, descompusieron la luz infrarroja recibida en pequeñas secciones de longitud de onda, similares a un arco iris que revela los componentes de color de la luz solar. Este método les permitió identificar las firmas de compuestos químicos individuales que irradian a longitudes de onda específicas. Como resultado, los astrónomos confirmaron mediciones anteriores de vapor de agua, pero ahora en todo el planeta. El Hubble solo pudo estudiar el lado diurno, ya que el lado nocturno era demasiado oscuro para reconocer moléculas allí. El JWST, con su mayor sensibilidad, completa ahora el cuadro.

Además, los Júpiter calientes suelen albergar grandes cantidades de hidrógeno molecular y monóxido de carbono, los cuales no pudieron ser investigados con las observaciones del equipo. Sin embargo, cuando se someten al lado nocturno más frío, el hidrógeno y el monóxido de carbono participan en un conjunto de reacciones que producirían metano y agua. Sin embargo, MIRI no encontró metano. Los astrónomos explican esta sorpresa con las enormes velocidades del viento en WASP-43b. Los compañeros de reacción pasan por el lado nocturno más frío tan rápido que queda poco tiempo para que las reacciones químicas esperadas produzcan cantidades detectables de metano. Cualquier pequeña fracción de metano se mezcla completamente con los otros gases. Rápidamente llega de nuevo al lado diurno, donde se expone al calor destructivo.

"Con el nuevo poder de observación del JWST, WASP-43b se ha presentado con un detalle sin precedentes", dijo Laura Kreidberg, directora del Instituto Max Planck de Astronomía (MPIA) en Heidelberg, Alemania. Es coautora del artículo de investigación subyacente y ha estado explorando el planeta durante una década. "Vemos un mundo complejo e inhóspito, con vientos furiosos, cambios masivos de temperatura y nubes irregulares probablemente hechas de gotas de roca. WASP-43b es un recordatorio de la amplia gama de climas que son posibles en los exoplanetas y las muchas formas en que la Tierra es especial".

*Nature Astronomy* (2024); DOI: [10.1038/s41550-024-02230-x](https://doi.org/10.1038/s41550-024-02230-x)

## Observan a un orangután salvaje aplicando una planta con propiedades medicinales conocidas a una herida

En un estudio, biólogos cognitivos y evolutivos del Instituto Max Planck de Comportamiento Animal de Constanza y de la Universidad Nacional de Indonesia informaron de pruebas de un tratamiento activo de heridas con una planta curativa en un orangután macho salvaje de Sumatra. El estudio, dirigido por Caroline Schuppli e Isabelle Laumer, se llevó a cabo en el sitio de investigación Suaq Balimbing en Indonesia, que es un área protegida de selva tropical que alberga aproximadamente 150 orangutanes de Sumatra en peligro crítico de extinción. "Durante las observaciones diarias de los orangutanes, nos dimos cuenta de que un macho llamado Rakus había sufrido una herida facial, muy probablemente durante una pelea con un macho vecino", dice Isabelle Laumer del Instituto Max Planck de Comportamiento Animal, primera autora del estudio.

Tres días después de la lesión, Rakus arrancó selectivamente las hojas de una liana con el nombre común de Akar Kuning (*Fibraurea tinctoria*), las masticó y luego aplicó repetidamente el jugo resultante con precisión sobre la herida facial durante varios minutos. Como último paso, cubrió completamente la herida con las hojas masticadas.



Herida facial de un macho adulto de Rakus (foto tomada dos días antes de aplicar la malla vegetal a la herida). © Proyecto Armas / Suaq

Explicó Laumer: "Esta y otras especies de liana relacionadas que se pueden encontrar en los bosques tropicales del sudeste asiático son conocidas por sus efectos analgésicos y antipiréticos y se utilizan en la

medicina tradicional para tratar diversas enfermedades, como la malaria. Los análisis de compuestos químicos de plantas muestran la presencia de furanoditerpenoides y alcaloides protoberberina, que se sabe que tienen actividades antibacterianas, antiinflamatorias, antifúngicas, antioxidantes y otras actividades biológicas relevantes para la cicatrización de heridas".

Las observaciones de los días siguientes no mostraron ningún signo de infección de la herida y al cabo de cinco días la herida ya estaba cerrada. "Curiosamente, Rakus también descansó más de lo habitual cuando estuvo herido. El sueño afecta positivamente a la cicatrización de heridas, ya que la liberación de la hormona del crecimiento, la síntesis de proteínas y la división celular aumentan durante el sueño", explica.

"El comportamiento de Rakus parecía ser intencional, ya que trató selectivamente su herida facial en el reborde derecho, y no en otras partes del cuerpo, con el jugo de la planta. El comportamiento también se repitió varias veces, no solo con el jugo de la planta sino también posteriormente con material vegetal más sólido hasta que la herida quedó completamente cubierta. Todo el proceso tomó una cantidad considerable de tiempo", dice Laumer.

"Es posible que el tratamiento de heridas con *Fibraurea tinctoria* por parte de los orangutanes de Suaq surja a través de la innovación individual", dice Caroline Schuppli, autora principal del estudio. "Los orangutanes en el sitio rara vez comen la planta. Sin embargo, los ejemplares pueden tocar accidentalmente sus heridas mientras se alimentan de esta planta y, por lo tanto, aplicar involuntariamente el jugo de la planta a sus heridas. Como la *Fibraurea tinctoria* tiene potentes efectos analgésicos, pueden sentir una liberación inmediata del dolor, lo que hace que repitan el comportamiento varias veces".

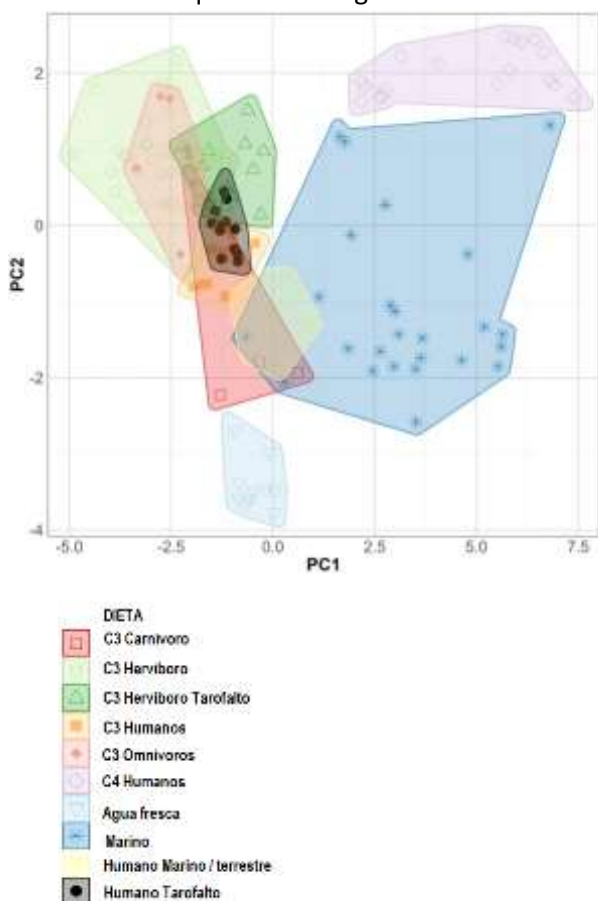
Dado que el comportamiento no se ha observado antes, puede ser que el tratamiento de heridas con *Fibraurea tinctoria* haya estado hasta ahora ausente en el repertorio conductual de la población de orangutanes de Suaq. Como todos los machos adultos de la zona, Rakus no nació en Suaq, y su origen es desconocido. "Los machos de orangután se dispersan desde su área natal durante o después de la pubertad a largas distancias para establecer un nuevo área de distribución en otra área o se mueven entre las áreas de distribución de otros", explica Schuppli. "Por lo

tanto, es posible que el comportamiento sea mostrado por más individuos en su población natal fuera del área de investigación de Suaq".

*Scientific Reports volumen 14, Artículo número 8932; 02 de mayo de 2024; DOI: 10.1038/s41598-024-58988-7*

### Estudio revela la existencia de dietas prehistóricas basadas en alimentos de origen vegetal

Un reciente estudio, publicado en Nature Ecology & Evolution, y realizado por investigadores del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva en Leipzig, ha arrojado nueva información sobre las dietas de los cazadores-recolectores humanos preagrícolas que vivieron hace unos 15,000 años en lo que ahora es Marruecos. Contrario a la creencia popular de que en su dieta predominaban las proteínas animales, el estudio revela que estos antiguos habitantes



Valores de isótopos de carbono en aminoácidos de los humanos y la fauna del Taforalt. © Nature Ecology & Evolution; 29 de abril de 2024; : DOI: 10.1038/s41559-024-02382-z



consumían una cantidad significativa de alimentos a base de plantas.

El equipo liderado por la antropóloga Zineb Moubtahij utilizó sofisticadas técnicas para analizar muestras de dientes y huesos de individuos pertenecientes a la cultura Iberomaurusiana, que habitó la cueva de Taforalt en Marruecos al final del Pleistoceno hace 15,000 años. Los resultados del estudio indican que estos antiguos cazadores-recolectores obtenían una parte sustancial de su dieta de plantas, incluyendo raíces, frutas, tallos, flores y hojas.

Según los investigadores, las proporciones de varios isótopos en los restos humanos brindaron detalles sorprendentemente detallados sobre la naturaleza de los alimentos que consumieron. En particular, encontraron evidencia significativa de un consumo sustancial de plantas, incluyendo la presencia de zinc, un nutriente más comúnmente asociado con fuentes vegetales. Además, el estudio reveló que incluso los bebés en la comunidad Iberomaurusiana fueron destetados con una dieta compuesta principalmente por alimentos vegetales, según lo indicado por los isótopos en los huesos de un bebé que murió entre los seis y los 12 meses de edad.

Estos hallazgos desafían la noción previamente aceptada de que los cazadores-recolectores prehistóricos dependían principalmente de la carne y los productos animales para su alimentación. En cambio, sugieren que las dietas variaban significativamente de cultura a cultura y de lugar a lugar, con algunas comunidades dependiendo en gran medida de los recursos vegetales para sobrevivir.

*Nature Ecology & Evolution; 29 de abril de 2024; : DOI: 10.1038/s41559-024-02382-z*

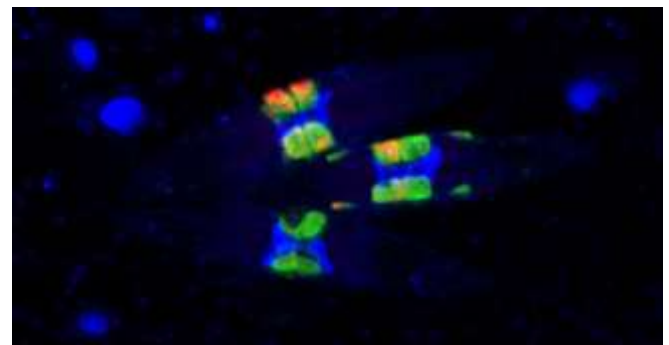
### La bacteria rizobiana ayuda a la diatomea a unirse al nitrógeno

El nitrógeno es un componente esencial de todos los organismos vivos. También es el elemento clave que controla el crecimiento de los cultivos en tierra, así como las plantas oceánicas microscópicas que producen la mitad del oxígeno de nuestro planeta. El gas nitrógeno atmosférico es la mayor reserva de nitrógeno, pero las plantas no pueden transformarlo en una forma utilizable. Pero las legumbres han adquirido socios bacterianos rizobianos que "fijan" el nitrógeno atmosférico en amonio. Esta asociación convierte a las legumbres en una de las fuentes más

importantes de proteínas en la producción de alimentos.

Científicos del Instituto Max Planck de Microbiología Marina en Bremen, descubrieron que los rizobios también pueden formar asociaciones similares con pequeñas plantas marinas llamadas diatomeas, un descubrimiento que resuelve un misterio marino de larga data y que tiene aplicaciones agrícolas potencialmente de gran alcance.

Durante muchos años se asumió que la mayor parte de la fijación de nitrógeno en los océanos era llevada a cabo por organismos fotosintéticos llamados cianobacterias. Sin embargo, en vastas regiones del océano no hay suficientes cianobacterias para explicar la fijación de nitrógeno medida. Por lo tanto, se desató una controversia, con muchos científicos planteando la hipótesis de que los microorganismos no cianobacterianos deben ser responsables de la fijación de nitrógeno "faltante". "Durante años, hemos estado encontrando fragmentos de genes que codifican la enzima nitrogenasa fijadora de nitrógeno, que parecían pertenecer a un fijador de nitrógeno no cianobacteriano en particular", explicó Marcel Kuypers, autor principal del estudio. "Pero no podíamos averiguar con precisión quién era el enigmático organismo y, por lo tanto, no teníamos idea de si era importante para la fijación de nitrógeno".



Un grupo de diatomeas con sus simbiontes marcados con fluorescencia.  
© MPI f. Microbiología Marina/ Mertcan Esti

En 2020, los científicos viajaron desde Bremen hasta el Atlántico Norte tropical para unirse a una expedición en la que participaron dos buques de investigación alemanes. Recolectaron cientos de litros de agua de mar de la región, en la que tiene lugar una gran parte de la fijación global de nitrógeno marino, con la esperanza de identificar y cuantificar la importancia del misterioso fijador de nitrógeno. Les tomó los siguientes tres años finalmente descifrar su genoma. "Fue un

trabajo detectivesco largo y minucioso", dice Bernhard Tschitschko, primer autor del estudio y experto en bioinformática, "pero al final, el genoma resolvió muchos misterios". El primero fue la identidad del organismo: "Si bien sabíamos que el gen de la nitrogenasa se originó a partir de una bacteria relacionada con *Vibrio*, inesperadamente, el propio organismo estaba estrechamente relacionado con los rizobios que viven en simbiosis con las leguminosas", explica Tschitschko. Junto con su genoma sorprendentemente pequeño, esto planteó la posibilidad de que los rizobios marinos pudieran ser un simbiote.

Estimulados por estos descubrimientos, los autores desarrollaron una sonda genética que podría usarse para etiquetar fluorescentemente a los rizobios. Una vez que lo aplicaron a las muestras originales de agua de mar recogidas en el Atlántico Norte, sus sospechas de que se trataba de un simbiote se confirmaron rápidamente. "Estábamos encontrando conjuntos de cuatro rizobios, siempre ubicados en el mismo lugar dentro de las diatomeas", dice Kuypers, "Fue muy emocionante ya que esta es la primera simbiosis conocida entre una diatomea y un fijador de nitrógeno no cianobacteriano".

Los científicos llamaron al simbiote recién descubierto *Candidatus Tectiglobus diatomicola*. Una vez que finalmente descubrieron la identidad del fijador de nitrógeno desaparecido, centraron su atención en averiguar cómo la bacteria y la diatomea viven en asociación. Usando una tecnología llamada nanoSIMS, pudieron demostrar que los rizobios intercambian nitrógeno fijo con la diatomea a cambio de carbono. Y pone mucho esfuerzo en ello: "Para apoyar el crecimiento de la diatomea, la bacteria fija 100 veces más nitrógeno del que necesita para sí misma", explica Wiebke Mohr, uno de los científicos del artículo.

A continuación, el equipo volvió a los océanos para descubrir qué tan extendida podría estar la nueva simbiosis en el medio ambiente. Resultó que la asociación recién descubierta se encuentra en todos los océanos del mundo, especialmente en regiones donde los fijadores de nitrógeno cianobacterianos son raros. Por lo tanto, es probable que estos diminutos organismos desempeñen un papel importante en la fijación total del nitrógeno oceánico y desempeñen un papel crucial en el mantenimiento de la productividad

marina y la absorción oceánica mundial de dióxido de carbono.

*Nature*; 9 de mayo de 2024; DOI: [10.1038/s41586-024-07495-w](https://doi.org/10.1038/s41586-024-07495-w)

### Los lenguajes difieren en la forma en que dividen el cuerpo en partes y las nombran

El estudio de la variación en los vocabularios de las partes del cuerpo en diversos idiomas ha atraído la atención de los investigadores en lingüística, antropología y psicología durante muchos años. De manera similar a los principios desarrollados para el dominio semántico del color, se han identificado tendencias universales y se han contrastado con variaciones específicas de la cultura. La aparición de nuevos métodos en el análisis de redes ha hecho posible realizar comparaciones a gran escala de vocabulario en dominios semánticos específicos para estudiar estructuras universales y culturales.

En el Departamento de Evolución Lingüística y Cultural del Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva de Leipzig y en la Cátedra de Lingüística Computacional Multilingüe de la Universidad de Passau, los investigadores están desarrollando bases de datos de información sobre las lenguas del mundo y métodos computacionales para comparar estas lenguas. Para este estudio, utilizaron una de estas bases de datos, Lexibank, una gran colección de listas de palabras de los idiomas del mundo, para comparar el vocabulario de las partes del cuerpo en 1.028 idiomas. Utilizando un enfoque computacional, extrajeron las palabras de 36 partes del cuerpo en todos estos idiomas y analizaron las relaciones entre las palabras en un análisis de redes. "Nos llevó varios años reunir los datos en la colección de Lexibank", dice Johann-Mattis List de la Universidad de Passau, quien anteriormente trabajó como científico principal en el Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva en Leipzig, "ahora podemos comenzar a analizar los datos de varias maneras".

"Aunque nuestros cuerpos siguen diseños similares, los lenguajes difieren en la forma en que dividen el cuerpo en partes y las nombran", dice Annika Tjuka, investigadora postdoctoral en el Instituto Max Planck de Antropología Evolutiva, quien inició y dirigió el estudio. "En inglés, tenemos una palabra para brazo y otra para mano, pero el wolof, un idioma hablado en Senegal en África Occidental, usa una palabra, *loxo*, para referirse a ambas partes del cuerpo.

Los resultados del estudio muestran que una parte del cuerpo que es adyacente a otra es más probable que tenga el mismo nombre. Una de las razones de este patrón es que lenguajes como el wolof se centran y enfatizan las características funcionales que conectan dos partes. Los hablantes reconocen que lanzamos una pelota con la mano y el brazo, o que caminamos con la pierna y el pie. Idiomas como el inglés, por otro lado, se centran en señales visuales como la muñeca o el tobillo para separar las partes.

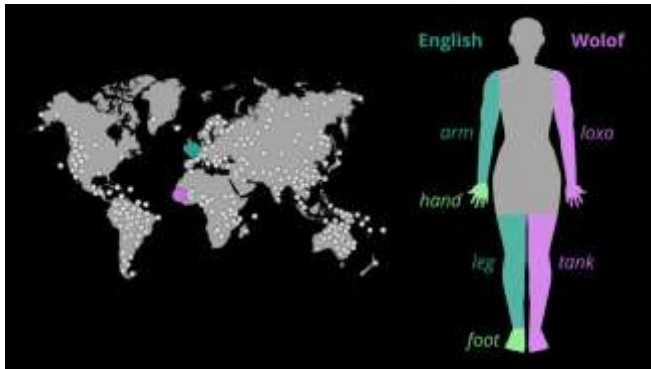


Ilustración de la muestra lingüística del estudio y de las palabras para brazo/mano y pierna/pie en inglés y wolof.  
© Annika Tjuka/MPI-EVA

Los vocabularios de las partes del cuerpo varían de un idioma a otro. Sin embargo, dentro de esta diversidad surgen tendencias generales. "Para comprender los factores que dan forma a la diversidad lingüística, necesitamos más datos. Necesitamos documentar las lenguas que se hablan en áreas lingüísticamente diversas. Y necesitamos recopilar datos sobre el contexto sociológico en el que se hablan las lenguas", dice Tjuka

*Scientific Reports*, 07 mayo 2024; DOI: 10.1038/s41598-024-61140-0

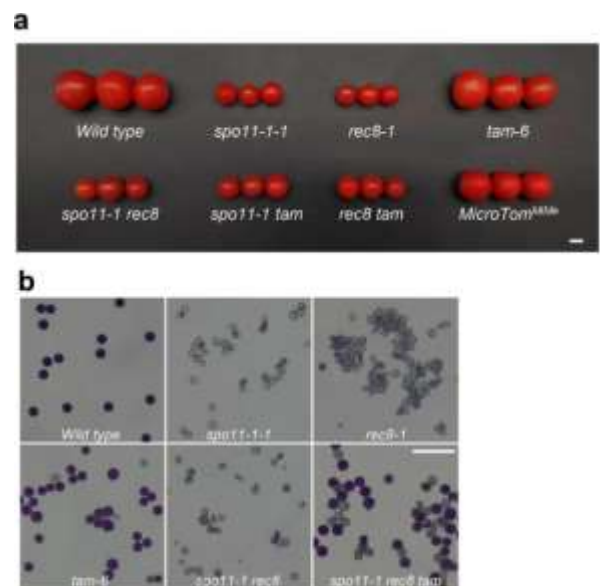
### Investigadores cultivan plantas de tomate que contienen el material genético completo de ambas plantas progenitoras

Las semillas híbridas, que combinan dos líneas parentales diferentes con rasgos favorables específicos, son populares en la agricultura, ya que dan lugar a cultivos robustos con mayor productividad, y han sido utilizadas por los agricultores durante más de cien años. El aumento del rendimiento de los híbridos se conoce generalmente como vigor híbrido o heterosis, y se ha observado en muchas especies diferentes de plantas (y animales). Sin embargo, el efecto heterosis ya no persiste en las generaciones

posteriores de estos híbridos debido a la segregación de la información genética. Por lo tanto, es necesario producir nuevas semillas híbridas cada año, un esfuerzo costoso y laborioso que no funciona bien para todos los cultivos. Por este motivo, los investigadores analizan cómo pueden transferirse los rasgos beneficiosos, codificados en los genes de las plantas híbridas, a la siguiente generación.

Por lo general, nuestro material genético se reorganiza durante la meiosis, una división celular crucial que ocurre en todos los organismos que se reproducen sexualmente. Esta reorganización, debida a la segregación aleatoria de cromosomas y a la recombinación meiótica, es importante para generar configuraciones genéticas novedosas y beneficiosas en las poblaciones naturales y durante la reproducción. Sin embargo, cuando se trata de fitomejoramiento, una vez que tienes una gran combinación, quieres conservarla y no perderla reorganizando los genes nuevamente. Tener un sistema que evite la meiosis y dé como resultado células sexuales (óvulo y espermatozoide) que sean genéticamente idénticas a las de los padres podría tener varias aplicaciones.

En este estudio, Charles Underwood del Instituto Max



a. Descripción general de la forma de la fruta de los mutantes de tipo salvaje / b. resultados de tinción de Alexander de polen de tipo salvaje.  
© Nature Genetics; DOI: 10.1038/s41588-024-01750-6

Planck para la Investigación de Fitomejoramiento en Colonia y su equipo establecieron un sistema en el que reemplazan la meiosis por mitosis, una división celular simple, en la planta de cultivo de hortalizas más

popular, el tomate cultivado. En el llamado sistema MiMe (Mitosis en lugar de Meiosis), la división celular imita una mitosis, evitando así la recombinación y segregación genética, y produce células sexuales que son clones exactos de la planta madre. El concepto del sistema MiMe ha sido establecido previamente por Raphael Mercier, director del Instituto Max Planck para la Investigación de Mejoramiento Vegetal, en Arabidopsis y arroz. Un aspecto innovador del nuevo estudio es que, por primera vez, los investigadores aprovecharon las células sexuales clonales para diseñar descendencia a través de un proceso que llaman "diseño del genoma poliploide".

Por lo general, las células sexuales tienen un conjunto de cromosomas reducido a la mitad (en los humanos, 46 cromosomas se reducen a 23; en el tomate, 24 cromosomas se reducen a 12), mientras que las células sexuales MiMe son clonales y, por lo tanto, esta reducción a la mitad del conjunto de cromosomas no ocurre. Underwood y su equipo realizaron cruces que significaron que el óvulo clonal de una planta de tomate MiMe fue fertilizado por un espermatozoide clonal de otra planta de tomate MiMe. Las plantas de tomate resultantes contenían el repertorio genético completo de ambos progenitores y, por lo tanto, se componen de 48 cromosomas. Por lo tanto, todas las características favorables de ambos progenitores híbridos se consolidan, por diseño, en una nueva planta de tomate. Debido a la estrecha relación genética entre los tomates y las patatas, el equipo de Underwood cree que el sistema descrito en este estudio puede adaptarse fácilmente para su uso en la patata, la quinta planta de cultivo más valiosa del mundo, y potencialmente en otras especies de cultivos.

En vista del aumento de las cifras de población y los cambios climáticos, el desarrollo de variedades de alto rendimiento, sostenibles y estables es crucial para asegurar el suministro mundial de alimentos a largo plazo. Por lo tanto, es fundamental cultivar plantas que presenten una mayor resistencia a las enfermedades y tolerancia al estrés. Los enfoques innovadores de las tecnologías de reproducción vegetal son esenciales.

El sistema MiMe y su aplicación en la ingeniería del genoma poliploide podrían ser una vía prometedora para abordar los desafíos agrícolas actuales. "Estamos muy entusiasmados con la posibilidad de utilizar células sexuales clonales para llevar a cabo el diseño del genoma poliploide. Estamos convencidos de que esto permitirá a los mejoradores eliminar la heterosis

adicional (la heterosis progresiva que se encuentra en los poliploides) de manera controlada", dice Charles Underwood. "El sistema MiMe de tomate que hemos establecido también podría usarse como un componente de la producción de semillas clonales, apomixis sintética, en el futuro. Esto podría reducir enormemente el coste de producción de semillas híbridas", añade Yazhong Wang.

*Nature Genetics*, 13 de mayo de 2024; DOI: 10.1038/s41588-024-01750-6

### Simbiosis de termitas en transición

Los intestinos de muchas especies de termitas, que se alimentan de la descomposición de componentes de madera difíciles de digerir, están repletos de numerosos microbios, los llamados flagelados. Estos, a su vez, están colonizados por bacterias. Los endosimbiontes bacterianos viven en o sobre los flagelados eucariotas y les suministran nutrientes en el intestino de las termitas. Un equipo dirigido por Andreas Brune, científico del IMP de Microbiología Terrestre en Marburgo, busca comprender los detalles de la cohabitación y del rendimiento metabólico de las bacterias. Esto se debe a que la importante contribución de los microbios de las termitas al balance



*Porotermes adamsoni*: una de las especies de termitas más originales que prosperan exclusivamente en madera con la ayuda de microorganismos simbióticos en su tracto digestivo. © Universidad Checa de Ciencias de la Vida/Jan Šobotník

global de metano. Además, la capacidad de los simbiotes microbianos para convertir los componentes de la madera en bloques de construcción potencialmente valiosos también ha atraído el interés de los investigadores durante años.



En su último estudio, el equipo de Andreas Brune investigó cómo se produjo la asociación entre flagelados y bacterias y cómo el rendimiento metabólico de las bacterias se correlaciona con este desarrollo evolutivo. Este enfoque normalmente está limitado por el hecho de que ya no hay parientes cercanos que vivan de forma independiente fuera de las células huésped. En este caso, los investigadores tuvieron suerte: un grupo de bacterias llamado Endomicrobia contiene tanto formas de vida libre como endosimbiontes de los flagelados.

Los investigadores analizaron la información genética de cepas bacterianas asociadas a diferentes termitas mediante la secuenciación del metagenoma. "Cuando observamos los resultados, nos dimos cuenta de que las bacterias endomicrobianas que habitaban en los flagelados habían perdido muchos genes con el tiempo", explica Undine Mies, estudiante de doctorado del grupo. Sin embargo, esta pérdida fue compensada por la adquisición de nuevas funciones a través de la transferencia de genes de otras bacterias intestinales.

"Al recibir genes de otras bacterias en su entorno, las bacterias fueron más capaces de cambiar su metabolismo para utilizar otros suministros de energía, como los fosfatos de azúcar", dice Undine Mies. "Este resultado enfatiza la importancia de esta transferencia horizontal de genes para la coevolución de los organismos". Los datos también muestran cómo, en el curso de esta evolución, hubo un cambio en el metabolismo energético de la glucosa a los fosfatos de azúcar y, finalmente, una pérdida completa de la capacidad de descomponer el azúcar.

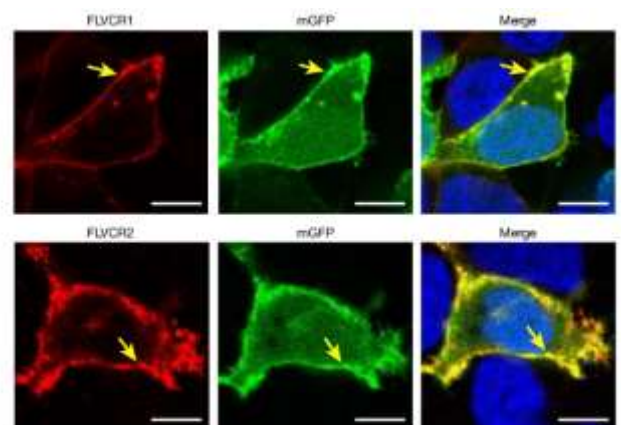
En cambio, las bacterias adquirieron un mecanismo de transporte para la absorción de compuestos ricos en energía (antiportadores de ATP/ADP) del entorno huésped, como es típico de las bacterias parásitas. "La pérdida de casi todas las capacidades biosintéticas en algunos linajes endomicrobianos y la adquisición del transportador indican que la relación originalmente mutuamente beneficiosa entre las bacterias y los flagelados que habitan en el intestino puede estar en declive", explica Andreas Brune. "En un siguiente paso, ahora queremos investigar hasta qué punto las tareas originales de los simbiontes endomicrobianos están siendo reemplazadas por otros simbiontes secundarios. Esto contribuirá a la comprensión general de cómo la naturaleza evita los callejones sin salida en la evolución de las simbiosis".

## Rastreo de enfermedades hereditarias raras

Aproximadamente entre el 6 y el 8% de la población mundial padece una enfermedad rara. Eso es alrededor de 500 millones de personas, a pesar de que cada una de las más de 7000 enfermedades diferentes solo afecta a alrededor de una de cada 2000 personas. Dado que estas enfermedades son tan raras, el conocimiento médico y científico sobre ellas es limitado. Hay pocos expertos en todo el mundo y falta conciencia social.

Un equipo internacional de investigadores dirigido por Schara Safarian, jefe de grupo de proyecto en el Instituto Max Planck de Biofísica en Frankfurt, jefe de grupo independiente en el Instituto Fraunhofer de Medicina Traslacional y Farmacología ITMP, y el Instituto de Farmacología Clínica de la Universidad Goethe de Frankfurt, ha investigado la estructura y la función celular de dos proteínas (FLVCR1 y FLVCR2), que desempeñan un papel causal en una serie de enfermedades hereditarias raras.

Las disfunciones de FLVCR1 y FLVCR2 debidas a mutaciones genéticas causan enfermedades raras, algunas de las cuales provocan graves trastornos visuales, de movilidad y sensoriales, como la ataxia de la columna posterior con retinosis pigmentaria, el síndrome de Fowler o las neuropatías sensoriales y



Las imágenes confocales muestran que FLVCR1 y FLVCR2 se localizan en la membrana plasmática (flechas). Se utilizó como marcador la GFP de membrana plasmática (mGFP). Cada experimento se realizó al menos tres veces de forma independiente. Se muestran imágenes representativas.

© Nature; DOI: 10.1038/s41586-024-07444-7

autónomas. Esto último puede, por ejemplo, conducir a una pérdida completa de la sensación de dolor. "En muchas enfermedades, incluidas las raras, las estructuras celulares de nuestro cuerpo están alteradas y esto conduce a un mal funcionamiento en los procesos bioquímicos", dice Schara Safarian. "Para entender el desarrollo de estas enfermedades y desarrollar terapias, necesitamos saber cómo se estructuran estas proteínas a nivel molecular y qué funciones realizan en las células sanas".

Los científicos descubrieron que las proteínas FLVCR 1 y FLVCR2 transportan las moléculas colina y etanolamina a través de las membranas de nuestras células. "La colina y la etanolamina son esenciales para importantes funciones corporales. Apoyan el crecimiento, la regeneración y la estabilidad de nuestras células, por ejemplo, en los músculos, los órganos internos y el cerebro", explica Safarian. "Además, la colina está involucrada en el metabolismo de las grasas y la desintoxicación por parte del hígado. Nuestro cuerpo también lo necesita para producir el neurotransmisor acetilcolina, que es crucial para nuestro sistema nervioso y es necesario para nuestro cerebro para controlar los órganos. Por lo tanto, se puede imaginar que el mal funcionamiento de las proteínas FLVCR puede causar graves trastornos neurológicos y musculares".

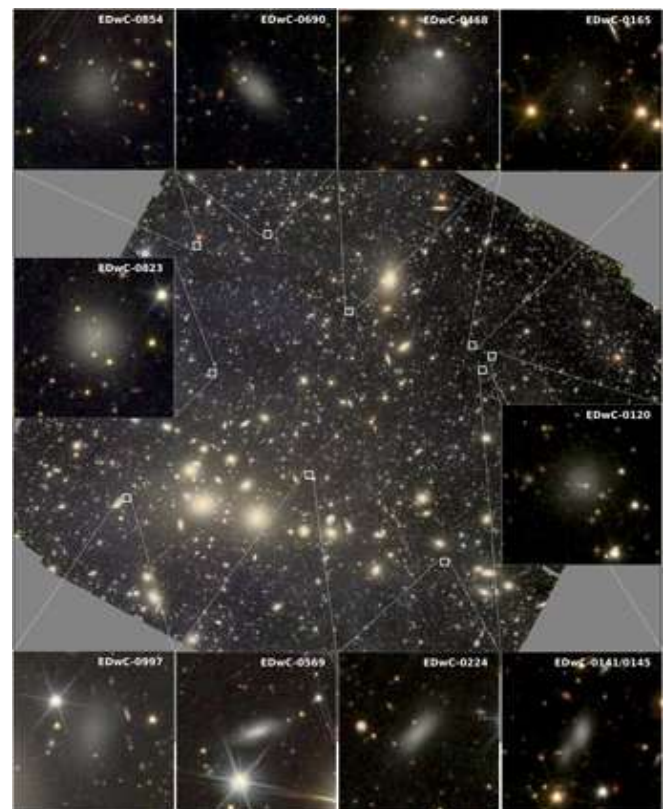
Los investigadores utilizaron métodos microscópicos, bioquímicos y asistidos por computadora para investigar las proteínas FLVCR. "Congelamos las proteínas y luego las observamos bajo un microscopio electrónico", explica Di Wu, investigador del Instituto Max Planck de Biofísica y coautor del estudio. "Un haz de electrones penetra en la muestra congelada y la interacción de los electrones con el material crea una imagen". Los investigadores toman muchas imágenes individuales y las procesan y las combinan computacionalmente para obtener estructuras 3D de proteínas de alta resolución. Las simulaciones por ordenador confirmaron y visualizaron cómo las proteínas FLVCR interactúan con la etanolamina y la colina, y cambian dinámicamente su estructura para permitir el transporte de nutrientes.

*Nature*, 22 de mayo de 2024; DOI: [10.1038/s41586-024-07444-7](https://doi.org/10.1038/s41586-024-07444-7)

## Nuevos datos científicos del Telescopio Espacial Euclid revelan el misterio del débil resplandor en el cúmulo de galaxias de Perseo

El cúmulo de galaxias de Perseo es un objetivo de observación muy importante ya que es una de las estructuras más grandes del universo a una distancia de solo 240 millones de años luz. A modo de comparación: nuestra Vía Láctea y la vecina galaxia de Andrómeda están bastante cerca la una de la otra, a 2,5 millones de años luz. Con su alta masa total de 650 billones de masas solares, la gravedad del cúmulo de Perseo une a miles de galaxias.

Por primera vez, un equipo dirigido por el Instituto Max Planck de Física Extraterrestre en Garching logró analizar la luz difusa que brilla a través del cúmulo de galaxias de Perseo hasta los bordes. "La alta sensibilidad en longitudes de onda ópticas e infrarrojas



Algunas galaxias enanas sobreviven a las fuertes fuerzas de marea en el cúmulo de galaxias de Perseo, que se muestran aquí como acercamientos. En total, los investigadores de Euclid encontraron 1.100 galaxias enanas, muchas de las cuales son mucho más débiles que nunca antes vistas en el cúmulo de Perseo.

© Consorcio Euclid, LMU, MPE

cercanas en un enorme campo de visión nos permite capturar la luz tenue extendida en el cúmulo de Perseo", dice Matthias Kluge, autor principal del estudio. "Esta luz es más de 100.000 veces más débil en el infrarrojo que el cielo nocturno más oscuro de la Tierra. Sin embargo, debido a su gran volumen, representa alrededor del 20% de la luminosidad de todo el cúmulo".

Además, el equipo utilizó las excelentes capacidades de imagen de luz visible de Euclid, comparables a las del Telescopio Espacial Hubble, para detectar 50.000 cúmulos globulares de vuelo libre, que son colecciones esféricas y muy densamente empaquetadas de decenas de miles a millones de estrellas. La luz difusa de los espacios entre el cúmulo de galaxias de Perseo se distribuye de manera similar a los cúmulos globulares de estrellas dentro del cúmulo de galaxias. Por lo tanto, las estrellas de estos cúmulos globulares parecen ser el origen de la luz. También se sabe mucho sobre las estrellas de los cúmulos estelares: son viejas (y, por lo tanto, pobres en metales). Los cúmulos globulares en los que residen estas estrellas se originan en las regiones exteriores pobres en metales de los cúmulos masivos de galaxias y probablemente fueron desviados por las fuerzas de marea de las galaxias.

A medida que aumenta la distancia desde el centro del cúmulo, la proporción de galaxias enanas también aumenta. "Euclides se encuentra en el segundo punto de Lagrange, muy lejos de la atmósfera terrestre. Gracias al fondo oscuro de la imagen, la excelente resolución de imagen y el gran campo de visión, pudimos detectar 1100 galaxias enanas, incluidos cientos con una luminosidad mucho más débil que nunca en el cúmulo de galaxias de Perseo", dice Raphael Zöller del Instituto Max Planck de Física Extraterrestre y la Universidad Ludwig-Maximilians de Múnich. Los cúmulos globulares de baja metalicidad son un componente dominante de tales galaxias enanas, por lo que podría haber luz difusa adicional proveniente de tales cúmulos globulares, cuyas galaxias enanas de origen han sido completamente destrozadas por las fuerzas de marea y, por lo tanto, arrojadas al espacio intergaláctico.

*Revista Nature; 10 de abril de 2024; DOI: 10.1038/s41586-024-07287-2*

## Un grupo de trabajo global de investigadores investiga el universo de las emociones

Para mejorar la comprensión científica de cómo nuestros sentimientos, emociones y estados de ánimo se relacionan e influyen en el comportamiento humano, lo que en la comunidad científica se conoce como "neurociencia afectiva", un grupo de trabajo interdisciplinario de 173 científicos de 23 países ha desarrollado un concepto sistemático que abarca la enorme diversidad de fenómenos afectivos.

Para resolver este desafío, el Proyecto Afectoma Humano fue lanzado en 2016 por Neuroqualia, una organización sin fines de lucro con sede en Canadá. Utilizando un enfoque de lingüística computacional, primero se buscaron datos de más de 4,5 millones de libros para identificar más de 3.600 palabras en inglés que describen sensaciones, emociones y estados de ánimo. Doce equipos de investigadores revisaron gran parte de lo que se sabe actualmente sobre los sentimientos, las emociones y los estados de ánimo desde una perspectiva neurocientífica. También revisaron los términos lingüísticos comúnmente utilizados para describir estas experiencias y desarrollaron un modelo que incorpora estas experiencias en un único marco unificado. El artículo



Neurobiología de stress interpersonal.  
© Neuroscience and Biobehavioral Reviews; DOI:  
10.1016/j.neubiorev.2023.105450

final se ha publicado en Neuroscience & Biobehavioral Reviews (Schiller et al. 2024).

El grupo de trabajo de Matthias Schroeter, líder del grupo "Neuropsiquiatría Cognitiva" del IMP de Ciencias Cognitivas y Cerebrales Humanas en Leipzig, desempeñó un papel clave en tres subproyectos, para los que los investigadores produjeron metaanálisis sistemáticos que utilizaron big data para identificar las regiones cerebrales asociadas con diferentes



emociones. El primer proyecto se centró en los sentimientos anticipatorios, que se orientan hacia acontecimientos futuros, como el optimismo, la esperanza, el pesimismo y la preocupación. El segundo proyecto examinó los sentimientos autorreferenciales, es decir, aquellos sentimientos que se relacionan con nosotros mismos, los fundamentos afectivos de nuestro "yo" (conciencia de sí mismo). Por último, el tercer proyecto se dedicó a los fundamentos de los sentimientos sociales, que son un requisito previo para una comunicación exitosa con otras personas y seres vivos.

"Este ambicioso proyecto internacional es el primer intento de desarrollar un concepto integral de neurociencia afectiva. Además de la caracterización precisa de los sentimientos, las emociones y los estados de ánimo y sus regiones cerebrales, los resultados tienen consecuencias de gran alcance. Contribuyen a nuestra comprensión de lo que nos hace humanos", dice Schroeter. "Estos hallazgos también sientan las bases para que comprendamos y tratemos mejor enfermedades como la esquizofrenia, los trastornos de ansiedad, la depresión y la demencia". Como neuropsiquiatra, Matthias Schroeter ya está aplicando estos conceptos en su trabajo en la Clínica de Neurología Cognitiva del Centro Médico de la Universidad de Leipzig. "Muchas enfermedades del cerebro se caracterizan por cambios en esta área, con consecuencias decisivas para el diagnóstico y la

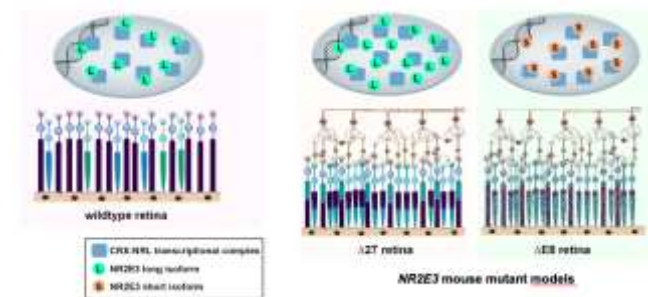
*Neuroscience and Biobehavioral Reviews* 158 (2024) 105450;  
DOI: 10.1016/j.neubiorev.2023.105450

### Identifican cómo las mutaciones genéticas causan dos tipos de ceguera hereditaria

La retina humana es un tejido neural con dos tipos de células fotorreceptoras, bastones y conos. Existen mutaciones en el gen NR2E3 que afectan gravemente a estas neuronas responsables de la percepción visual, y provocan dos tipos diferentes de ceguera hereditaria, aunque hasta ahora se desconocía su mecanismo de acción.

"La función del gen NR2E3 en el desarrollo de la retina humana es actuar sobre la diferenciación de los precursores de las células fotorreceptoras y establecer su destino: hacia los conos, responsables de la visión diurna y de los colores, así como de la agudeza visual, o hacia los bastones, que son responsables de la visión en blanco y negro y con poca luz, y son responsables de

la visión periférica.", explica Marfany, investigadora de la Universidad de Barcelona y miembro del Centro de Investigación Biomédica en Red de Enfermedades Raras (CIBERER) y del Instituto de Investigación Sant Joan de Déu (IRSJD).



Modelos de ratones mutantes NR2E3.  
© Neurobiology of Disease, DOI:  
10.1016/j.nbd.2024.106463

Las mutaciones en este gen provocan dos tipos de ceguera hereditaria: la retinosis pigmentaria, causada por la muerte progresiva de los bastones, y el síndrome del cono S, que se produce por un error en el desarrollo y diferenciación de los bastones, por lo que hay un exceso de conos disfuncionales. "Cuando la retina no funciona correctamente, como cuando no hay una proporción correcta de fotorreceptores, o no funcionan o no se conectan correctamente, se suele activar un proceso de muerte programada de estas neuronas altamente especializadas, que termina desembocando en la ceguera", señala Marfany.

Para estudiar el papel específico del gen NR2E3 en la disfunción de los fotorreceptores, el equipo - compuesto por investigadores de la Facultad de Biología y del Instituto de Biomedicina de la Universidad de Barcelona, del IMP de Biomedicina Molecular en Munster y del Imperial College de Londres - generaron dos modelos de ratón para la edición de genes, uno para cada enfermedad, y analizaron la diferencia en la expresión génica y los tipos de células de la retina mediante la secuenciación de ARN de una sola célula (scRNA-seq). Esta técnica abre una ventana a lo que realmente está sucediendo en la retina de los pacientes. Además, se trata de un trabajo pionero, ya que todavía no hay mucho trabajo en la secuenciación de ARN de células individuales de la retina porque es un tejido neuronal muy difícil obtener material de calidad suficiente para llevar a cabo un análisis tan complejo.



El resultado más importante es que hay mucha diversidad dentro de cada grupo de fotorreceptores. Los conos y los bastones no son dos grupos homogéneos y claramente diferenciados de células fotorreceptoras, sino que dentro de cada grupo hay muchas subpoblaciones, que muestran una especialización funcional o un grado de diferenciación claramente distinguible por la expresión de genes específicos.

En este contexto, la mutación del gen NR2E3 hace que el grupo de los conos presente una diferenciación defectuosa, con la existencia de fotorreceptores híbridos a medio camino entre conos y bastones, la mayoría de los cuales acaban muriendo. Además, el estudio también indica que hay un grupo de conos que pierden su identidad y se convierten en bastones y viceversa, bastones que se convierten en conos. "Esta diferenciación a mitad de camino y la pérdida de identidad de las células fotorreceptoras conduce a la disfunción de la retina y, en última instancia, resulta en ceguera en los pacientes. Es importante recordar que los humanos somos animales visuales, y la pérdida de visión es realmente incapacitante", señala la investigadora Marfany.

*Neurobiology of Disease; Volumen 194, Mayo 2024; DOI: 10.1016/j.nbd.2024.106463*

### **Células zombis en el mar: los virus mantienen a raya a las bacterias marinas más comunes**

Los microbios marinos controlan el flujo de materia y energía esenciales para la vida en los océanos. Entre ellos, el grupo bacteriano SAR11 representa alrededor de un tercio de todas las bacterias que se encuentran en las aguas oceánicas superficiales. Un estudio realizado por investigadores del Instituto Max Planck de Microbiología Marina en Bremen, Alemania, revela ahora que, a veces, casi el 20% de las células SAR11 están infectadas por virus, lo que reduce significativamente el número total de células.

Las aguas oceánicas que rodean la isla alemana de Helgoland proporcionan un escenario ideal para estudiar las floraciones de algas primaverales, un foco de investigación en el Instituto Max Planck de Microbiología Marina desde 2009. En un estudio anterior, los científicos observaron que un grupo de bacterias llamado SAR11 crecía particularmente rápido durante estas floraciones. Sin embargo, a pesar de sus altas tasas de crecimiento, la abundancia de SAR11

disminuyó aproximadamente un 90% en cinco días. Esto sugería que las células eran rápidamente diezgadas por depredadores y/o infecciones virales.

"Queríamos averiguar si el bajo número de SAR11 era causado por fagos, es decir, virus que infectan específicamente a bacterias", explica Jan Brüwer, que realizó el estudio como parte de su tesis doctoral.

Los fagos infectan a las bacterias introduciendo su material genético en ellas. Una vez allí, se replica y utiliza los ribosomas bacterianos para producir las proteínas que necesita. Investigadores de Bremen utilizaron una tecnología que les permitió "seguir" el material genético del fago dentro de la célula. "Podemos teñir los genes específicos de los fagos y luego verlos bajo el microscopio. Dado que también podemos teñir el material genético del SAR11, podemos detectar simultáneamente células SAR11 infectadas con fagos", explica Jan Brüwer.

"Vimos que las bacterias SAR11 están siendo atacadas masivamente por fagos", dice Jan Brüwer. "Durante los períodos de crecimiento rápido, como los asociados con las floraciones de algas de primavera, casi el 20% de las células estaban infectadas, lo que explica el bajo número de células. Por lo tanto, los fagos son el eslabón perdido que explica este misterio".

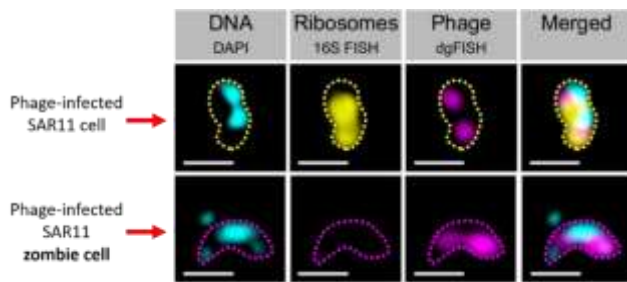
Para sorpresa de los científicos, las imágenes revelaron aún más. "Descubrimos que algunas de las células SAR11 infectadas con fagos ya no contenían ribosomas. Es probable que estas células se encuentren en un estado de transición entre la vida y la muerte, por lo que las llamamos células 'zombis'", explica Brüwer.

Las células zombis representan un fenómeno novedoso observado no solo en cultivos puros de SAR11, sino también en muestras recogidas en Helgoland. Además, el análisis de muestras del Atlántico, el Océano Austral y el Océano Pacífico reveló la presencia de células zombis, lo que indica que este fenómeno ocurre en todo el mundo.

"En nuestro estudio, las células zombis constituyen hasta el 10% de todas las células del mar. La presencia global de células zombis amplía nuestra comprensión del ciclo de infección viral", enfatiza Brüwer. "Sospechamos que en las células zombis, los ácidos nucleicos contenidos en los ribosomas se

descomponen y reciclan para producir ADN de nuevos fagos".

Brüwer y sus colegas plantean la hipótesis de que no solo las bacterias SAR11, sino también otras bacterias, pueden convertirse en zombis. Por lo tanto, quieren investigar más a fondo la distribución de las células zombis y su papel en el ciclo de infección viral.



Comparación de una célula SAR11 viva e infectada con una célula zombi infectada: el azul indica ADN bacteriano, el amarillo muestra ribosomas y el púrpura resalta los genes de los fagos. La célula viva (imágenes superiores) muestra los tres colores, mientras que la célula zombi (imágenes inferiores) carece de la señal amarilla del ribosoma. La última columna de imágenes de la derecha fusiona estos colores, distinguiendo claramente los dos tipos de células. © Jan Brüwer/Instituto Max Planck de Microbiología Marina.

"Este nuevo hallazgo demuestra que la población de SAR11, a pesar de dividirse tan rápido, está masivamente controlada y regulada por los fagos", subraya Brüwer. "El SAR11 es muy importante para los ciclos biogeoquímicos globales, incluido el ciclo del carbono, por lo que su papel en el océano debe redefinirse. Nuestro trabajo destaca el papel de los fagos en el ecosistema marino y la importancia de las interacciones microbianas en el océano".

*Nature Communications*; 02 de mayo de 2024; DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-024-48172-w>

### Investigadores desentrañan el habla de los grupos de suricatos y demuestran que utilizan dos tipos distintos de interacciones para mantenerse en contacto

Las suricatas utilizan dos tipos diferentes de interacciones vocales para mantenerse en contacto con sus compañeros de grupo. A veces, la llamada simplemente transmite información, mientras que otras veces los suricatos participan en un intercambio de llamadas con sus vecinos, como presentan

investigadores del Centro para el Estudio Avanzado del Comportamiento Colectivo de la Universidad de Konstanz y el Instituto Max Planck de Comportamiento Animal.

Las suricatas son animales que viven en grupo y que están en movimiento durante casi todo el día. Mientras caminan o corren, hacen una serie continua de ruidos. Los investigadores ahora han decodificado cómo las suricatas salvajes usan dos de los sonidos que hacen. "El primer sonido, una 'llamada cercana', es como un intercambio de llamada y respuesta entre los animales", como describe el investigador postdoctoral Vlad Demartsev, del Cluster of Excellence Collective Behaviour. "Cuando llama una suricata, es probable que un vecino responda", añade. "Mientras que la segunda llamada, llamada 'nota corta', anuncia 'estoy aquí', pero no necesariamente obtiene una respuesta



Reunión secreta © Vlad Demartsev

directa de los socios de comunicación". Las llamadas cercanas son un intercambio entre socios de comunicación y las notas cortas se parecen más a una transmisión o un anuncio dirigido a todo el grupo.

Vlad Demartsev y Ariana Strandburg-Peshkin, del Instituto Max Planck de Comportamiento Animal en Konstanz y la Universidad de Konstanz respectivamente, junto con colaboradores de la Universidad de Zúrich, colocaron collares en suricatas en varios grupos en el Centro de Investigación de Kalahari en Sudáfrica. Los collares registraron datos de audio continuos y las posiciones GPS se muestrearon cada segundo. Usando estos collares, los investigadores obtuvieron una grabación sincronizada y pudieron ver qué animal producía qué sonido, en qué momento y dónde.

Posteriormente, los ecologistas del comportamiento prepararon una línea de tiempo vocal para todo el grupo y analizaron los datos. "Vimos que cuando se da una llamada cercana, hay una probabilidad muy alta de que en menos de medio segundo responda un vecino cercano. Pero cuando tenemos una nota corta, no tenemos este patrón. Todos llaman casi al mismo tiempo y no hay estructura", dice Vlad Demartsev. "En última instancia, las llamadas no son solo eventos aislados, sino un flujo continuo de comunicación entre los miembros del grupo. Por lo tanto, observar la estructura temporal de las interacciones puede ayudarnos a comprender mejor cómo se utilizan las llamadas y cuál es su función", añade Ari Strandburg-Peshkin.

Permanecer en grupo es crucial para las suricatas y utilizan múltiples mecanismos que evolucionaron para evitar separarse. "Cuando las suricatas están solas, hay una mayor probabilidad de depredación o acoso por parte de otros grupos. Por lo tanto, en general, las suricatas se esfuerzan mucho por permanecer juntas", dice Vlad Demartsev.

*Philosophical Transactions of the Royal Society B*; número 379: 20230188; 20 de mayo de 2024 <https://doi.org/10.1098/rstb.2023.0188>.

### Reconstruyen el genoma de especies extintas de aves no voladoras

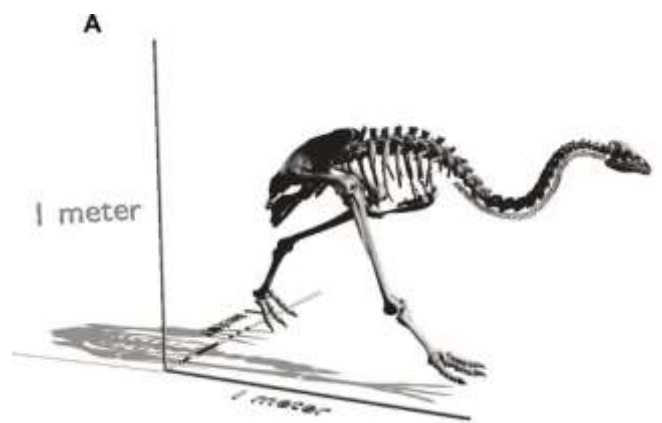
Un equipo de biólogos evolutivos la Universidad de Harvard, el Instituto Max Planck de Inteligencia Biológica en Martinsried, la Universidad de Carolina del Este, la Universidad de Osaka y la Universidad de Toronto, ha reconstruido el genoma de una especie extinta de ave no voladora conocida como "el pequeño moa de arbusto".

El grupo secuenció el ADN recuperado de un hueso fosilizado encontrado en la Isla Sur de Nueva Zelanda.

El pequeño moa de arbusto fue una vez una de las aves más grandes del mundo: aproximadamente del tamaño de un pavo moderno, se extinguió poco después de la llegada de los colonos humanos a Nueva Zelanda. Antes de eso, estas aves vagaron por las islas boscosas de Nueva Zelanda durante millones de años. Eran únicos debido a la falta total de alas. La

secuenciación parcial previa ha demostrado que tenían los genes necesarios para desarrollar alas, pero con el tiempo, habían mutado a medida que las aves se convertían lentamente en habitantes terrestres no voladores.

El fósil utilizado por el equipo de investigación procedía de un ave que formaba parte de lo que se cree que son nueve especies extintas de *Anomalopteryx didiformis*. El equipo describe sus resultados como la recuperación de un genoma mitocondrial completo de un genoma nuclear de moa masculino. Después de la secuenciación, los investigadores descubrieron que las aves habían sido capaces de ver en el espectro ultravioleta, una capacidad que les habría ayudado a capturar presas escondidas. También tenían lo que el



Representación en 3D de un pequeño esqueleto de moa de arbusto.  
© Science Advances; DOI: 10.1126/sciadv.adj6823

grupo describe como una sensibilidad a los alimentos amargos, un rasgo común en las aves modernas. Los datos también mostraron que la población probable de las aves había llegado a ser de 240.000 ejemplares y que las aves divergieron de sus parientes más cercanos hace aproximadamente 70 millones de años.

El equipo de investigación sugiere que, además de proporcionar nueva información sobre el pequeño moa de arbusto, sus resultados también deberían funcionar como un nuevo recurso para otros equipos que trabajan para comprender mejor la evolución de las aves.

*Science Advances*; 23 de mayo de 2024; DOI: 10.1126/sciadv.adj6823

### El ritmo del movimiento colectivo de los animales

Los animales que se mueven en sincronía son los ejemplos más conspicuos de comportamiento colectivo en la naturaleza. Sin embargo, muchos colectivos naturales no se sincronizan en el espacio, sino en el tiempo: las luciérnagas sincronizan sus destellos, las neuronas sincronizan su disparo y los humanos en las salas de conciertos sincronizan el ritmo de las palmas.

La intersección de estos dos era el foco de interés de Guy Amichay – primer autor del trabajo - y el equipo de científicos del Clúster de Excelencia Comportamiento Colectivo de la Universidad de Konstanz y del Instituto Max Planck de Comportamiento Animal en la misma ciudad que condujeron el estudio. Tenían curiosidad por ver qué sincronía rítmica podría existir en el movimiento animal. "Hay más ritmo en el movimiento de los animales de lo que cabría esperar", dice Amichay, que ahora es investigador postdoctoral en la Universidad Northwestern, Estados Unidos. "En el mundo real, la mayoría de los peces no nadan a velocidades fijas, sino que oscilan".

Utilizando parejas de peces cebra como sistema de estudio, Amichay analizó su natación para describir el patrón preciso de movimiento. Descubrió que los peces, aunque se movían juntos, no nadaban al mismo tiempo. Más bien, se alternaban de tal manera que uno



Pez cebra adulto nadando con congéneres  
© Christian Ziegler / Instituto Max Planck de Comportamiento Animal

se movía y luego el otro se movía, "como dos piernas caminando", dice. A continuación, el equipo analizó cómo se las arreglaban los peces para alternarse. Generaron un modelo computacional con una simple regla general: duplicar el retraso de su vecino.

El siguiente paso fue probar este modelo computacionalmente, o in silico. Ponían a un agente a batir con combates de movimiento fijo, como un metrónomo. El otro agente respondió a la primera implementando la regla rítmica del "doble de retardo". Pero en esta interacción unidireccional, los agentes no se movieron en el patrón de alternancia que se observa en los peces reales. Sin embargo, cuando ambos agentes respondieron entre sí, reprodujeron el patrón natural de alternancia. "Este fue el primer indicio de que la reciprocidad era crucial", dice Amichay.

Pero la reproducción del comportamiento natural en una computadora no fue donde terminó el estudio. El equipo recurrió a la realidad virtual para confirmar que el principio que descubrieron también funcionaría en peces reales. "La realidad virtual es una herramienta revolucionaria en los estudios del comportamiento animal porque nos permite eludir la maldición de la causalidad", dice Iain Couzin, vocero del Clúster de Excelencia Comportamiento Colectivo de la Universidad de Konstanz y director del IMP de Comportamiento Animal.

En la naturaleza, muchos rasgos están relacionados, por lo que es extremadamente difícil identificar la causa del comportamiento de un animal. Pero usando la realidad virtual, Couzin dice que es posible "perturbar con precisión el sistema" para probar el efecto de un rasgo particular en el comportamiento de un animal.

Un solo pez se colocó en un entorno virtual con un avatar de pez. En algunas pruebas, el avatar estaba configurado para nadar como un metrónomo, ignorando el comportamiento de los peces reales. En estas pruebas, el pez real no nadó en el patrón natural de alternancia con el avatar. Pero cuando el avatar se configuró para responder al pez real, en una relación recíproca bidireccional, recuperaron su comportamiento natural de alternancia.

"Es fascinante ver que la reciprocidad está impulsando este comportamiento de tomar turnos en los peces que nadan", dice la coautora Máté Nagy, quien dirige el Grupo de Investigación de Comportamiento Colectivo MTA-ELTE en la Academia Húngara de Ciencias, "porque no siempre es el caso en los osciladores biológicos". Las luciérnagas, por ejemplo, se sincronizarán incluso en interacciones unidireccionales. "Pero para los humanos, la



reciprocidad entra en juego en casi todo lo que hacemos en pareja, ya sea la danza, el deporte o la conversación", dice Nagy.

El equipo también proporcionó evidencia de que los peces que se acoplaron en el momento de los movimientos tenían vínculos sociales más fuertes. "En otras palabras, si tú y yo estamos emparejados, estamos más en sintonía el uno con el otro", dice Nagy.

*Nature Communications, Número 15; 22 de mayo de 2024.*  
DOI: [10.1038/s41467-024-48458-z](https://doi.org/10.1038/s41467-024-48458-z)

---

## Institutos Max Planck

---

Como cada mes, les acercamos una presentación de tres Institutos Max Planck.

### **Instituto Max Planck de Física Gravitacional, Potsdam**

Desde su fundación en 1995, el Instituto Max Planck de Física Gravitacional (Instituto Albert Einstein, AEI) en Potsdam se ha consolidado como un centro de investigación internacional líder. Su programa de investigación cubre todo el espectro de la física gravitacional: desde las dimensiones gigantes del Universo hasta las diminutas escalas de las cuerdas. El AEI es el único instituto en el mundo que reúne todos estos campos de investigación clave. Los científicos investigan los fundamentos matemáticos de la teoría del espacio-tiempo y la gravitación de Einstein. Otros trabajan hacia la unificación de las dos teorías fundamentales de la física - la relatividad general y la mecánica cuántica- en una teoría de la gravedad cuántica. Otros científicos investigan las ondas gravitacionales, las estrellas de neutrones, los agujeros negros, el problema de los dos cuerpos en la relatividad general y las soluciones analíticas y numéricas de las ecuaciones de Einstein. De este modo, contribuyen a una nueva era de la astronomía, que comenzó el 14 de septiembre de 2015 con la primera detección directa de ondas gravitacionales en la Tierra por parte de LIGO.

El Instituto Max Planck de Física Gravitacional cuenta con una Escuela Internacional de Investigación Max Planck (IMPRS):

[IMPRS en Astronomía de Ondas Gravitacionales](#)  
[Más información sobre el Instituto](#)

### **Instituto Max Planck de Biología Celular Molecular y Genética, Dresde**

¿Cómo forman las células los tejidos? ¿Cómo forman los tejidos órganos y organismos? Los biólogos celulares y del desarrollo del Instituto Max Planck de Biología Celular Molecular y Genética dedican su investigación a descubrir cómo funciona la división celular y la diferenciación celular, qué estructuras se pueden encontrar en los orgánulos celulares y cómo las células intercambian información y materiales. Los procesos físicos juegan un papel importante aquí; procesos que, por ejemplo, influyen en el movimiento de los motores moleculares, como la actina y la miosina. Organismos modelo como la mosca de la fruta, el pez cebra, el gusano redondo o el ratón, pero también organoides (tejidos u órganos miniaturizados y simplificados cultivados en laboratorio) ayudan a los más de 20 grupos de investigación a encontrar respuestas a las preguntas más básicas de la vida. El instituto también desarrolla enfoques tecnológicos innovadores necesarios para trabajar en la frontera del conocimiento. Físicos, matemáticos e informáticos crean modelos teóricos, llevando así nuestro trabajo al campo de la biología de sistemas. A menudo, los resultados de esta investigación básica también proporcionan pistas para el diagnóstico y la terapia de enfermedades como la diabetes, el cáncer, la enfermedad de Alzheimer o la degeneración de la retina.

El Instituto Max Planck de Biología Celular Molecular y Genética cuenta con una Escuela Internacional de Investigación Max Planck (IMPRS):

[IMPRS para Biología Celular, del Desarrollo y de Sistemas](#)  
[Más información sobre el Instituto](#)

### **Instituto Max Planck de Psiquiatría, Munich**

El Instituto Max Planck de Psiquiatría, que se centra principalmente en la investigación de la depresión y los trastornos de ansiedad, es uno de los principales institutos del mundo en este campo. Aquí, la investigación básica está estrechamente relacionada con la investigación clínica: el Instituto incorpora un hospital de 120 camas, numerosos departamentos ambulatorios especializados y tres unidades de día. Dentro de estas instalaciones, las modernas ramas de

investigación de la genética y la proteómica se combinan con las técnicas de análisis clínico de imágenes y la medición de la función cerebral. El objetivo es identificar biomarcadores de trastornos psiquiátricos y neurológicos con el fin de comprender mejor las bases moleculares de estas enfermedades. El conocimiento obtenido se destina al desarrollo de nuevas terapias y fármacos para la medicina personalizada del mañana.

El Instituto Max Planck de Psiquiatría cuenta con una Escuela Internacional de Investigación Max Planck (IMPRS):

[IMPRS para Psiquiatría Traslacional](#)  
[Más información sobre el Instituto](#)