



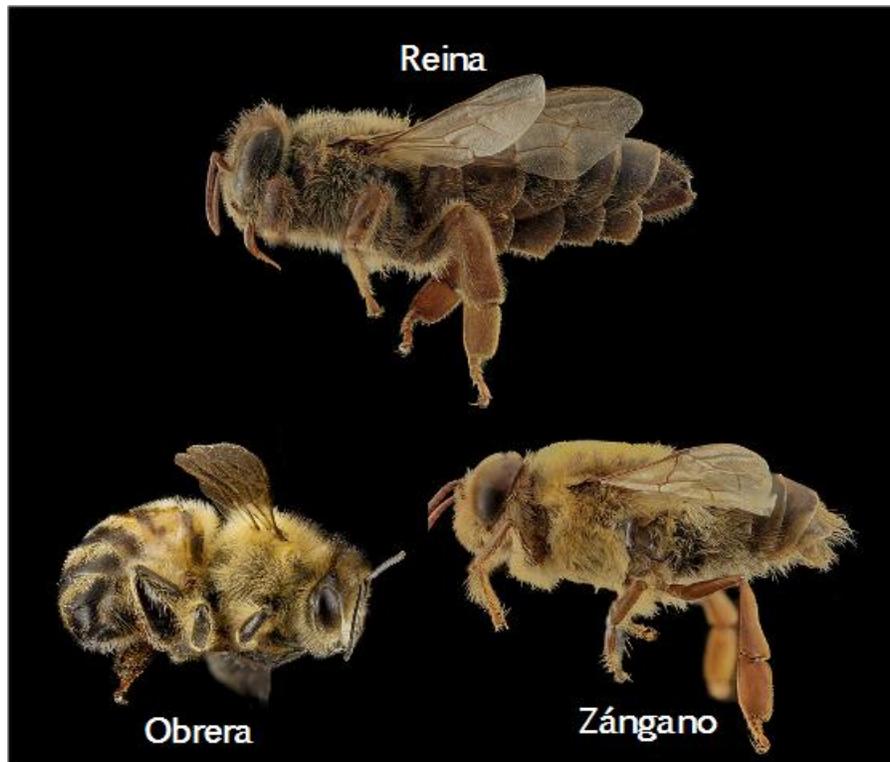
De abejas reinas y obreras: Más allá de la identidad genética

Jazmín Zarco Iturbe

Imagina que eres un pequeño huevo de abeja mielera. Tienes miles de hermanos genéticamente idénticos, o sea que tú y ellos tienen en sus células una cadena de ADN compuesta por la misma secuencia de nucleótidos. A cada uno se le asigna una celda a manera de cuna. La mayoría tienen cunas iguales pero hay por ahí algunas larvas que duermen en una del doble de tamaño. Durante los primeros tres días a todas las larvas se las alimenta con jalea real: comida de la buena. Pero después les cambian la dieta por una compuesta de polen y néctar, a todas menos a las pocas que tuvieron la fortuna de crecer en la celda grande. Para cuando salen de las celdas hay diferencias evidentes entre las que se alimentaron con jalea real todo el tiempo y las que no. Se han transformado en castas distintas: de idéntico no tienen más que el genoma.

En Biología llamamos casta a un grupo de individuos que se especializa en realizar una tarea específica. En el caso de las abejas esta especialización comienza por la reproducción, ya que no todas las castas pueden reproducirse. Mientras las obreras son estériles, las reinas ponen unos dos mil huevos al día. También los zánganos son fértiles y todos son machos.

Obreras y reinas son diferentes en otros aspectos. Por ejemplo, en la longevidad, una reina puede llegar a vivir dos o tres años mientras que una obrera vive tan sólo unas semanas; en tamaño, las reinas son enormes en comparación con las obreras y se desarrollan mucho más rápido; y por último, en comportamiento, las obreras son más inteligentes: pueden comunicarse entre ellas, tienen memoria espacio temporal, pueden recordar en qué momento del día las flores son más abundantes y también dónde y a qué distancia del panal se encuentran las flores.



Tres castas distintas a partir de genomas idénticos

Fotografías del [USGS Bee Inventory and Monitoring Lab](#) (CC BY 2.0)

Una sola reina

Cuando una nueva reina sale de su celda ya está completamente desarrollada, aunque todavía no alcanza el tamaño de una reina fecundada. Lo primero que hace es buscar otras reinas vírgenes en el panal, pero si todavía no ha salido de su celda las mata ahí dentro, y si encuentra a alguna que ya haya salido lucha a muerte con ella. La sobreviviente deja el panal y realiza vuelos “nupciales”. Vuela kilómetros a una zona en donde encuentre cientos de zánganos reunidos a esperarla. Ahí, en pleno vuelo, se aparea con una docena de ellos que mueren poco después, pues la eyaculación explosiva les destroza los genitales. No se sabe exactamente por qué los machos tienen que morir tras copular, pero también aquellos que no lo hayan hecho tendrán una vida corta. Como fecundar a la reina es su única función, la población no desperdicia sus recursos en la manutención de los zánganos cuando ya no son necesarios. Antes de la llegada del invierno los que quedan son expulsados del panal y mueren.

Una vez fecundada, la reina regresa al panal y al poco tiempo comienza a poner huevos. No abandonará la colmena a menos que en el año siguiente surja nueva reina, en este caso la reina vieja se irá a formar una nueva colmena acompañada de miles de obreras.



Abeja reina saliendo de su celda

Fotografía de [Marco Moretti](#)

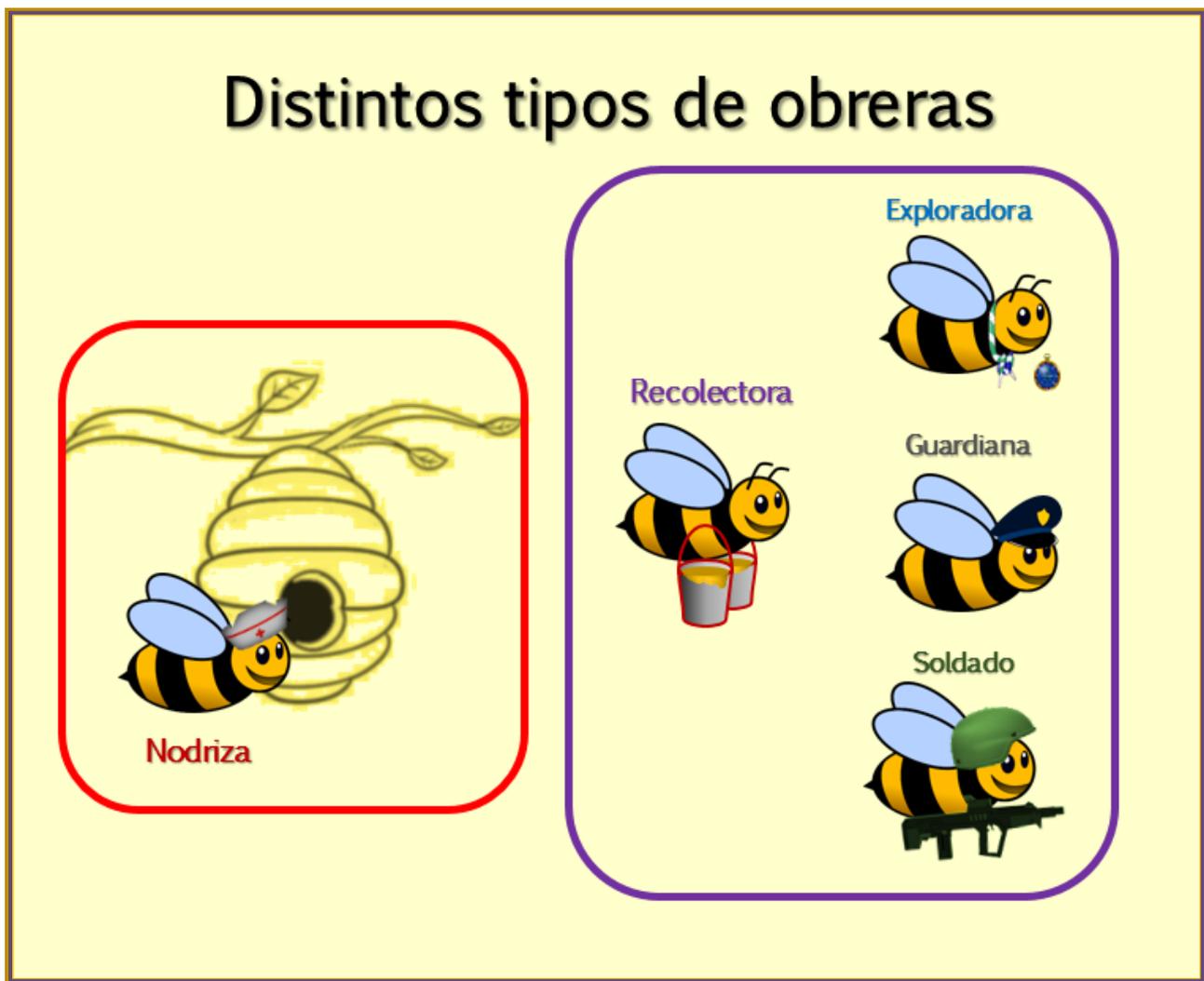
Obreras superespecializadas

Las obreras se encargan de realizar todas las tareas necesarias para asegurar la sobrevivencia y el crecimiento de la colmena, pero no todas hacen de todo, se dividen el trabajo. Cuando son jóvenes, durante sus primeras dos o tres semanas como adultas no salen del panal y se dedican a realizar tareas “hogareñas”. Durante esa etapa pertenecen a la subcasta de las nodrizas. Sus actividades incluyen la de ser niñeras y alimentar a las pequeñas larvas; ser enfermeras y atender a la reina; construir y limpiar las celdas del panal y guardar y procesar la comida. Cuando son más grandes pueden ir a trabajar fuera del panal. Su principal tarea en el exterior es recolectar néctar y polen, por lo que en esa etapa pertenecen a la subcasta de las recolectoras.

Una pequeña fracción de las recolectoras actúa como exploradora yendo a buscar nuevas fuentes de alimento incluso cuando ya han encontrado regiones llenas de flores, aseguran así que siempre haya comida. El resto de las recolectoras depende de la información que las exploradoras les proporcionan mediante una danza peculiar. También hay otro pequeño grupo entre las recolectoras que mejora

el desempeño de otras abejas produciendo una señal vibratoria. Otros grupos se dedican a recolectar o sólo polen o sólo néctar.

Las abejas también tienen que defenderse de los intrusos. Las guardianas vigilan la entrada del panal y cuando encuentran un intruso liberan una feromona que sirve como alarma. Las primeras en responder son las soldado, las más viejas de todas, esto tiene sentido porque para una abeja picar suele ser suicida. El aguijón es un ovopositor modificado con forma de arpón o anzuelo; si el intruso es un mamífero, al picarlo se queda atorado y se desprende, lo cual provoca la muerte de la abeja.



Genomas idénticos, castas distintas

¿Pero cómo es posible que siendo genéticamente idénticas pertenezcan a castas diferentes? Lo que sucede con las abejas es parecido a lo que pasa en el desarrollo embrionario de cualquier animal, pero a distinta escala. Todas sus células tienen prácticamente el mismo genoma, todas parten de un mismo cigoto que en cierto momento dio origen a la amplia variedad de tejidos que lo conforman.

Algo así pasa con las abejas pero lo interesante en su caso es que todas las diferencias entre castas se dan a partir de una señal ambiental bien definida: ser alimentado con jalea real. Cómo sucede esto es una pregunta que los científicos se han planteado por décadas.

Sorpresas en el genoma

Una pista para resolver este enigma está en la epigenética, el estudio de los eventos moleculares que activan o inactivan partes del genoma en momentos específicos regulando su expresión y dirigiendo el desarrollo sin cambiar la secuencia de ADN. Uno de los mecanismos de regulación epigenética más importantes es la metilación. Ésta consiste en la unión de un metilo —grupo químico formado por un átomo de carbono y tres de hidrógeno— a ciertos puntos de la secuencia genética. Esta unión cambia la conformación genética de las moléculas modificando en ellas el prendido y apagado de sus genes. Las enzimas encargadas de unir los metilos al ADN se llaman metiltransferasas o DNMT. Las hay de tres tipos: la DNMT3 encargada de la metilación *de novo*, o sea de poner metilos en lugares donde antes no los había; la DNMT1 que es de mantenimiento y pone metilos sólo donde ya los había; y la DNMT2 que no se considera una *verdadera* metiltransferasa pues está involucrada en la metilación del ARN de transferencia.

Cuando en octubre del 2006 se publicó en la revista *Nature* el genoma de *Apis mellifera*, la abeja de la miel, nos encontramos con que tenía un sistema completo y funcional de metilación del ADN, o sea que tenía las tres DNMT. En esos

tiempos sólo se habían secuenciado otros dos genomas de insectos, el de la mosca de la fruta, *Drosophila melanogaster*, y el del mosquito que transmite la malaria, *Anopheles gambiae*, ambos pertenecientes al orden de los dípteros. Ninguno de ellos tiene metiltransferasas, y por eso fue toda una sorpresa encontrarse con que la abeja sí las tiene. En el 2014 están ya disponibles los genomas de alrededor de 30 insectos, entre ellos los de insectos sociales como avispas, hormigas y termitas; gracias a eso sabemos que es excepcional que la mosca y el mosquito no presenten un sistema de metilación del ADN.

Tras el descubrimiento de las metiltransferasas dentro del genoma de la abeja, parecía evidente que el siguiente paso era investigar si ellas podían proporcionar las claves para explicar el surgimiento de castas distintas a partir de un genoma idéntico. En el 2008 se reportó, esta vez en la revista *Science*, que efectivamente la metilación del ADN jugaba un papel en el control nutricional del estado reproductivo de las abejas. Lo que Kucharski y sus colegas hicieron fue silenciar una de las metiltransferasas, la DNMT3, en las larvas, y entonces los adultos que surgieron mostraban características de reinas (tamaño mayor y ovarios más grandes) y también un patrón de metilación parecido al de las reinas normales.

Un par de años después, el mismo grupo de investigación comparó los patrones de metilación en el genoma del cerebro de reinas ya fecundadas y de dos semanas y media de edad con los patrones de las obreras recolectoras de ocho días de edad. Más de 550 genes mostraron diferencias en la metilación: los cerebros de una casta estaban metilados y los de la otra no. Estos resultados podrían contribuir a explicar las profundas diferencias en los comportamientos entre obreras y reinas.

Posteriormente, en 2012, un grupo distinto de investigadores publicó en *Nature Neuroscience*, los resultados de otro estudio muy interesante. En él se realizó un muestreo de las abejas cuatro horas después de salir de la celda y compararon los patrones de metilación en su cerebro. En contraste con el estudio anterior, y pese a

las diferencias en la morfología como el tamaño del cuerpo, no encontraron diferencias en la metilación en reinas y obreras al momento de eclosionar. Tras este resultado negativo, decidieron comparar la metilación de los cerebros entre subcastas de obreras. Tomaron a nodrizas y a recolectoras de la misma edad y hallaron que unos 150 genes estaban metilados de manera distinta.

Después hicieron lo siguiente (ver figura 1): mientras las recolectoras estaban fuera del panal, sacaron a todas las obreras nodrizas (a). Cuando las recolectoras regresaron y se encontraron con la casa vacía, tuvieron que volver a repartirse las labores. Así, la mitad se reconvirtió a la subcasta nodriza y se quedó en casa para limpiar y cuidar larvas, y la otra mitad permaneció recolectora (b). Esta reconversión de las recolectoras hacia nodrizas (nodrizas “reconvertidas”), permitió a los investigadores identificar el origen de los cambios en la metilación de los cerebros en las dos subcastas. Los cambios que compartían las nodrizas “reconvertidas” y las recolectoras, pero no las nodrizas “originales”, fueron causados por el desarrollo del sistema nervioso, la maduración y la experiencia de ser recolectoras. Mientras que los cambios presentes en las nodrizas “originales” y en las “reconvertidas”, pero no en las recolectoras, estaban ligados al comportamiento.

Compararon entonces los genes que estaban diferencialmente metilados en las transiciones de nodriza a recolectora y de recolectora a nodriza “reconvertida”, y encontraron 45 genes que se traslapaban, lo que quiere decir que su estado es reversible (c). En resumen, lo que mostraron fue que para el caso de las abejas la metilación reversible del ADN corresponde a un comportamiento también reversible.

¿Y esto qué importa?

La lección que podemos aprender de todas estas investigaciones es que la identidad no radica solamente en el genoma. En las abejas como en cualquier otro animal, el ser humano incluido, la identidad es una cosa compleja que se construye a partir de factores diversos que incluyen no sólo a los genes, sino a la alimentación, los

comportamientos y el espacio en el que se crece.

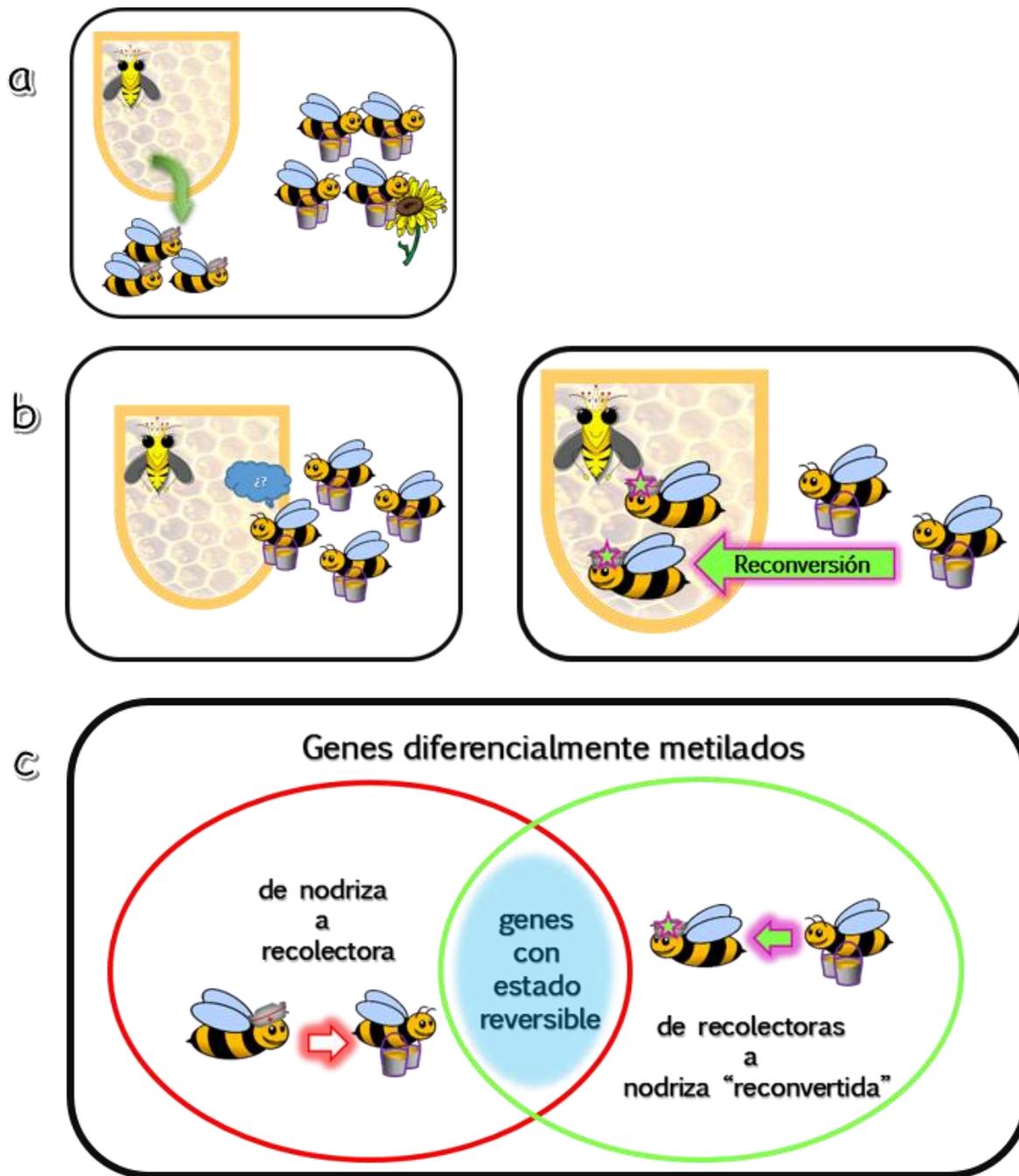


Figura 1. (a) Mientras las recolectoras están fuera del panal, sacan a todas las obreras nodrizas. (b) La mitad de las recolectoras se “reconvierte” en nodrizas y la otra mitad permanece como recolectora. (c) Se comparan los cambios en los patrones de metilación tras la transición original (de nodriza a recolectora) con los de la “reconversión” de recolectora a nodriza. Los genes en la intersección son genes epigenéticamente reversibles que corresponden a un comportamiento también reversible.

Bibliografía

1. Chittka, Alexandra y Lars Chittka, "Epigenetics of Royalty", *PLoS Biology*, vol. 8, núm. 11, noviembre 2010.
2. Herb, Brian R, et al., "Reversible switching between epigenetic states in honeybee behavioral subcastes", *Nature Neuroscience*, vol. 15, septiembre 2012, pp. 1371-1373.
3. Kucharski, R., et al., "Nutritional Control of Reproductive Status in Honeybees via DNA Methylation", *Science*, vol. 319, marzo 2008, pp. 1827-1830.
4. The Honeybee Genome Sequencing Consortium, et al., "Insights into social insects from the genome of the honeybee *Apis mellifera*", *Nature*, vol. 443, octubre 2006, pp. 931-949.
5. Zayed, Amro y Gene E. Robinson, "Understanding the Relationship Between Brain Gene Expression and Social Behavior: Lessons from the Honey Bee", *Annual Review of Genetics*, vol. 46, diciembre 2012, pp. 591-615.

Para saber más

1. <http://www.cienciorama.unam.mx/index.php#!titulo/291/?epigenetica--el-laberinto-alrededor-de-los-genes>
2. Guerrero, Verónica, "Epigenética, la esencia del cambio", ¿Cómo ves?, núm. 133, diciembre 2009, <http://www.comoves.unam.mx/numeros/articulo/133/epigenetica-la-esencia-del-cambio>
3. [Genetic Science Learning Center. Epigenetics. Learn.Genetics.](#)
4. [Epigenoma NoE](#)