

## Los ingenieros químicos del bosque: cómo las ciencias ómicas descifran el tesoro oculto de los hongos

Sharel Pamela Díaz-Pérez<sup>1\*</sup> y Gerardo Vázquez-Marrufo<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo

\* Dirección para correspondencia: [sharel.diaz@umich.mx](mailto:sharel.diaz@umich.mx)

Los hongos están en todas partes: habitan en el suelo, en el agua y en numerosos ambientes naturales y urbanos. Muchas especies fúngicas forman extensas redes de micelio constituidas por hifas, estructuras celulares filamentosas, mientras que otras, como las levaduras, son unicelulares. Solemos asociar a los hongos con las especies que producen cuerpos fructíferos visibles durante la época de lluvias en bosques, árboles y jardines, que, en su gran mayoría, pertenecen al grupo de los basidiomicetos. Aunque los fundamentos fisiológicos y las herramientas de estudio que se abordarán aquí son aplicables a todos los grupos del reino Fungi, centraremos el enfoque y los ejemplos en los basidiomicetos, ya que es un grupo que incluye a muchas de las setas más familiares, algunas con el característico sombrero y láminas, como el champiñón. Sus cuerpos fructíferos, formados por hifas especializadas, producen basidiosporas, esporas sexuales que permiten al hongo dispersarse, colonizar nuevas áreas e iniciar un nuevo ciclo reproductivo (Orban *et al.*, 2021). Estos organismos desempeñan funciones ecológicas muy diversas: algunos son saprófitos que descomponen la materia orgánica muerta,

mientras que otros establecen relaciones mutualistas o patogénicas con plantas, animales y otros microorganismos (He *et al.*, 2022).

Para completar su ciclo de vida y cumplir sus funciones ecológicas, los basidiomicetos producen enzimas y moléculas orgánicas con actividad biológica. Por ejemplo, las especies saprófitas liberan enzimas que degradan moléculas complejas de la materia vegetal y generan compuestos sencillos que las hifas pueden aprovechar como alimento.

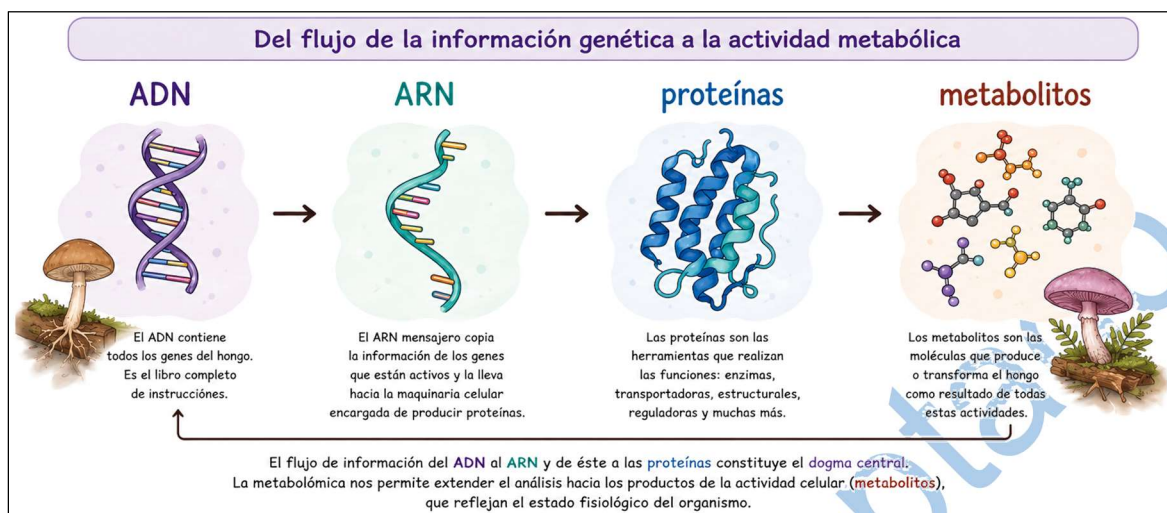
Otros hongos sintetizan sustancias que les ayudan a competir por nutrientes y espacio, a establecer relaciones mutualistas con plantas, a inhibir microorganismos rivales o a superar las defensas de un huésped para infectarlo (Haq *et al.*, 2025). Conocer estas enzimas y moléculas orgánicas permite comprender la biología básica de los hongos y el funcionamiento de los ecosistemas, pero también revela un valioso conjunto de herramientas para el bienestar humano y el cuidado ambiental.

El estudio de las capacidades metabólicas de los hongos permite identificar candidatos, mecanismos y condiciones con potencial para desarrollar alimentos, biocombustibles y medicamentos, así como procesos para transformar residuos o eliminar contaminantes. Estas posibilidades requieren una validación experimental para demostrar su eficacia y seguridad. Por ello, explorar la diversidad fúngica y su respuesta a las señales del ambiente puede conducir al descubrimiento de compuestos y procesos biotecnológicos más sostenibles.

## El proceso hacia el descubrimiento

¿Cómo podemos saber qué ocurre en las hifas de los hongos? ¿Cómo descubrimos qué moléculas producen y qué instrucciones utilizan para fabricarlas? Para responder a estas preguntas, necesitamos herramientas capaces de llevar nuestra mirada a la intimidad de la célula fúngica. Durante mucho tiempo, estos procesos se estudiaron paso a paso: una proteína o una molécula a la vez. Hoy, las ciencias ómicas permiten analizar de manera integral y masiva los distintos componentes biológicos de un organismo. En los hongos, las más utilizadas son la genómica, la transcriptómica, la proteómica y la metabolómica. El sufijo "-ómica" proviene de la raíz inglesa "-omics" y evoca la totalidad de algo: no un gen, sino todo un genoma; no una proteína, sino todas las que se sintetizan (Haq *et al.*, 2025; Xie *et al.*, 2025).

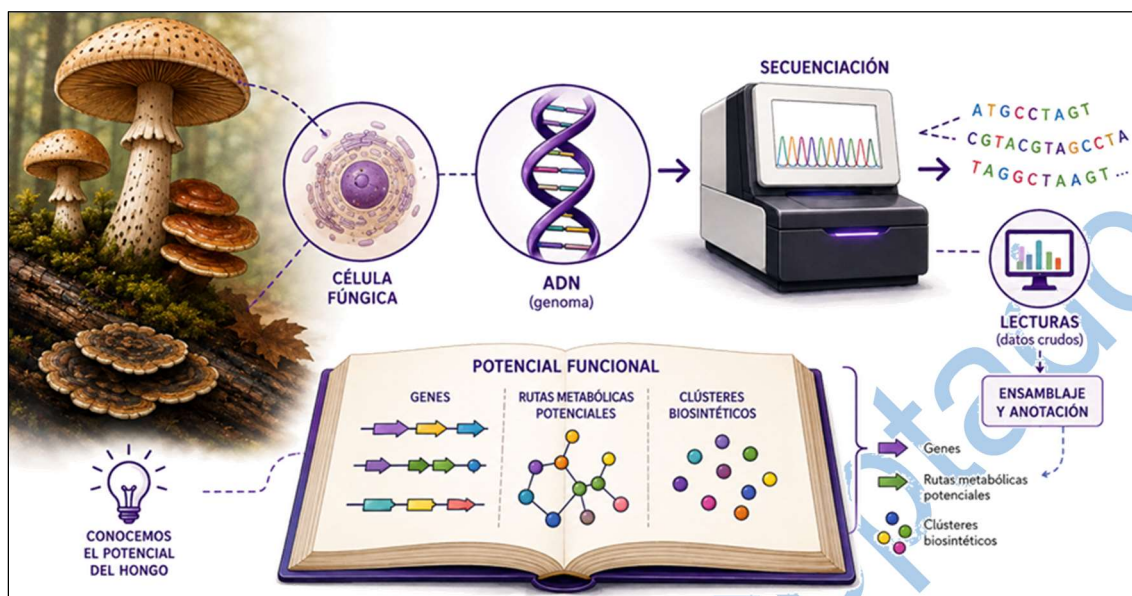
Aunque los términos parezcan complejos, la idea es sencilla: podemos seguir los distintos niveles del flujo de la información biológica, desde el ADN hacia el ARN y las proteínas, y extender la mirada hasta los metabolitos, pequeñas moléculas orgánicas que reflejan buena parte de la actividad bioquímica celular (Figura 1). Esta representación es una guía útil, pero no una cadena rígida: cada nivel está sujeto a regulación y a la influencia del ambiente, y un cambio en uno de ellos no implica necesariamente un cambio equivalente en los demás. Cada ómica explora un nivel diferente; al reunir las, podemos reconstruir una imagen mucho más completa de lo que ocurre en el hongo (He *et al.*, 2025). Nuestro viaje comienza con el ADN, que contiene buena parte de las instrucciones necesarias para la vida.



**Figura 1.** Del flujo de la información genética a la actividad metabólica. Las ciencias ómicas permiten estudiar de manera integral diferentes niveles de organización molecular, desde el ADN y el ARN hasta las proteínas y los metabolitos. Elaboración propia con apoyo de ChatGPT (OpenAI) y Canva.

## Genómica: la biblioteca completa

Podemos imaginar el ADN como una enorme biblioteca cuyos libros albergan los genes: fragmentos de información que contribuyen a determinar cómo se construye, funciona y responde un organismo a los estímulos del entorno. Para conocer las posibilidades funcionales de un hongo, el lugar lógico para buscar es su ADN. Las tecnologías modernas permiten extraerlo del tejido fúngico, obtener su secuencia de nucleótidos y, mediante herramientas bioinformáticas, reconstruir y anotar el genoma para predecir algunas de sus funciones (Figura 2). El reto consiste en recorrer un texto escrito con solo cuatro letras —A, T, C y G—, localizar sus genes y descifrar la información que contienen (Narh Mensah *et al.*, 2023).



**Figura 2.** De la secuenciación del ADN a la exploración del potencial funcional de un hongo. El análisis del genoma permite identificar genes, rutas metabólicas y clústeres biosintéticos que revelan algunas de las capacidades que el organismo podría desarrollar. Elaboración propia con apoyo de ChatGPT (OpenAI) y Canva.

De esta forma pueden identificarse genes relacionados con la síntesis de enzimas que degradan la materia orgánica, con la respuesta a factores ambientales o con la producción de metabolitos especializados. En muchas rutas de biosíntesis de metabolitos especializados, los genes implicados se encuentran agrupados como obreros en una línea de ensamblaje. A estas agrupaciones de genes se les denomina “clústeres de genes biosintéticos” (BGCs, por sus siglas en inglés). Encontrar un BGC es como descubrir una receta molecular potencial: una pista sobre el compuesto que el hongo podría producir (Xie *et al.*, 2025).

La genómica revela capacidades que aún no se han observado en el laboratorio. Un hongo puede poseer los genes necesarios para sintetizar una

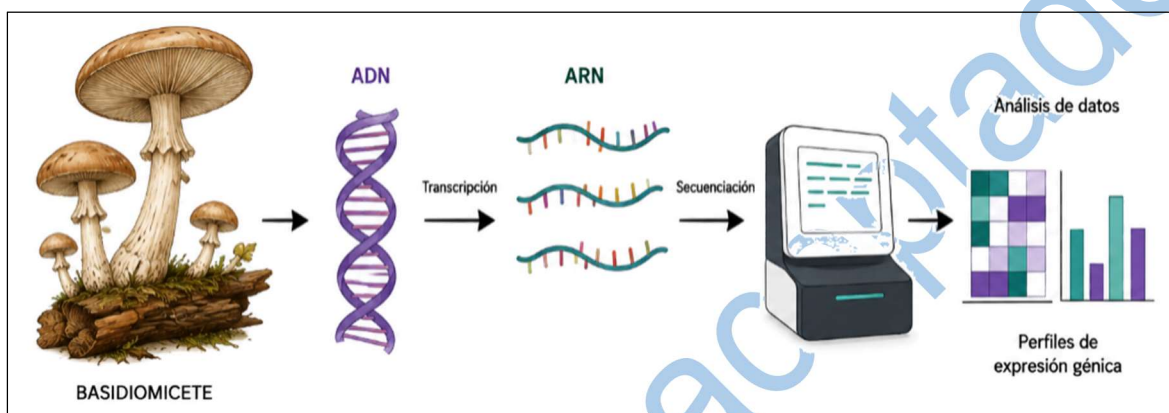
molécula de interés, pero aún debemos averiguar en qué condiciones comenzará a expresarse cada uno de ellos. Por ello, el genoma no solo ofrece pistas sobre lo que hace un hongo, sino también sobre lo que podría llegar a hacer (Haq *et al.*, 2025).

## **Transcriptómica: los libros abiertos y las páginas que se están leyendo**

Si el genoma es la biblioteca completa, la transcriptómica muestra qué libros están abiertos y qué páginas se leen en un momento determinado. Poseer una instrucción no significa necesariamente utilizarla: el hongo activa o silencia distintas regiones del ADN según sus necesidades y las condiciones del entorno.

La transcriptómica estudia qué genes se expresan en un momento y en una condición específicos. Para ello, se analiza el ARN mensajero, la molécula que transporta la información del ADN hasta la maquinaria celular encargada de producir proteínas. No examina uno o dos mensajes aislados, sino el conjunto de ARN mensajeros que la célula genera bajo una condición de interés (Xie *et al.*, 2025). Esta analogía tiene un límite importante: que un gen particular genere un transcrito de ARN mensajero no implica necesariamente que la cantidad o la actividad de la proteína correspondiente aumente en la misma proporción. Tal distinción es especialmente importante en los hongos, ya que las hifas pueden modificar su actividad con rapidez ante cambios en el entorno, como la concentración y el tipo de nutrientes, la temperatura, el pH, el estrés o la presencia de otros microorganismos. En los basidiomicetos, los perfiles de expresión permiten

investigar qué genes participan en la formación del cuerpo fructífero o en la interacción con el ambiente (Figura 3). Al comparar diferentes condiciones de cultivo, los científicos identifican qué genes aumentan o disminuyen su actividad (Haq *et al.*, 2025).



**Figura 3.** Obtención de datos transcriptómicos y de perfiles de expresión génica en el estudio de los hongos. Elaboración propia con apoyo de ChatGPT (OpenAI) y Canva.

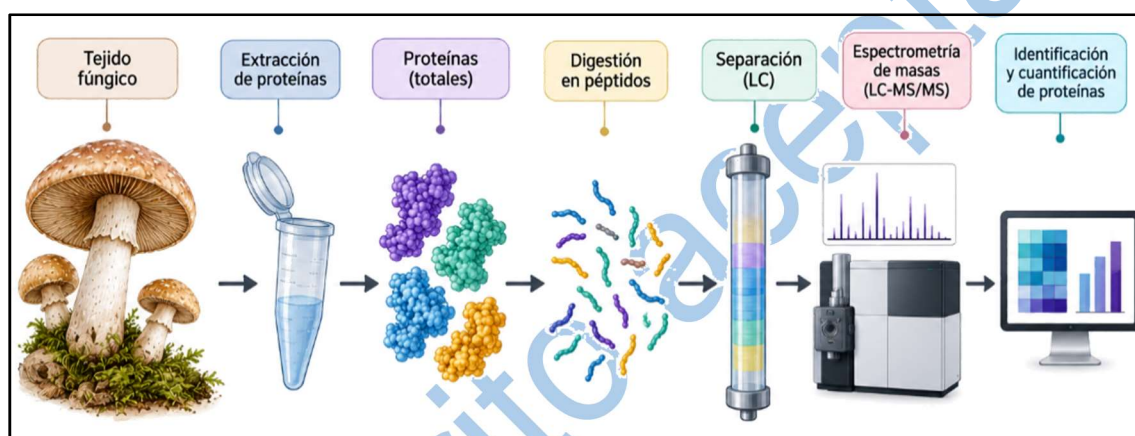
El transcriptoma ayuda a explorar la biosíntesis de metabolitos especializados. Algunos genes detectados en el genoma permanecen “apagados” en ciertas condiciones; modificar el medio de cultivo, la fuente de carbono o la temperatura, o incluso cultivar el hongo junto con otro microorganismo, puede activarlos. La transcriptómica indica qué instrucciones utiliza el hongo en cada circunstancia y permite relacionarlas con procesos biológicos específicos (Haq *et al.*, 2025; He *et al.*, 2025).

## **Proteómica: cuando las instrucciones se convierten en acción**

Si la genómica representa la biblioteca y la transcriptómica muestra las páginas que se leen, la proteómica permite observar una buena parte de la maquinaria y de las herramientas moleculares disponibles en una condición determinada. Esta disciplina estudia el conjunto de proteínas producidas por un hongo en un momento y una condición específicos. Las proteínas proporcionan estructura, transportan moléculas, regulan procesos celulares o actúan como enzimas que catalizan reacciones químicas. Sin embargo, detectar una proteína no implica que esté activa y funcional: su actividad puede depender de modificaciones en su estructura y secuencia de aminoácidos, de la presencia y concentración del sustrato o de las moléculas con las que interactúa, de su localización celular y de otras formas de regulación. De este modo, la proteómica aporta una capa de evidencia que complementa, pero no sustituye, a las demás ómicas y nos muestra, al menos, que la herramienta bioquímica ya está disponible para ponerla a trabajar cuando las circunstancias sean favorables (Xie *et al.*, 2025).

En los basidiomicetos, las enzimas utilizadas para el crecimiento en un sustrato particular o frente a un competidor resultan especialmente interesantes. Varios de ellos crecen sobre materiales vegetales complejos, como la lignocelulosa, gracias a que pueden liberar lacasas, peroxidasas, celulasas y otras enzimas capaces de participar en la degradación de polímeros complejos y recalcitrantes de la pared celular vegetal, como la lignina, la celulosa y la hemicelulosa. Esta

capacidad convierte a los basidiomicetos en especialistas en el reciclaje de materia orgánica en los ambientes naturales y, al mismo tiempo, en una fuente de enzimas de interés biotecnológico (De Figueiredo *et al.*, 2021). Para identificarlas, las proteínas se aíslan de los tejidos fúngicos, se fragmentan y se analizan con equipos de alta precisión, como la cromatografía líquida acoplada a espectrometría de masas (Figura 4).

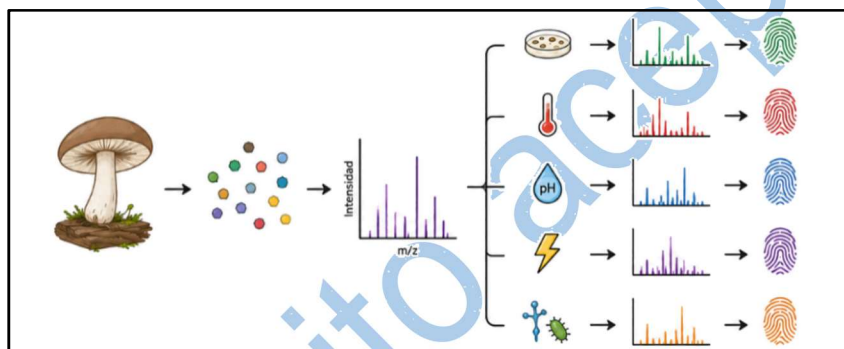


**Figura 4.** Diagrama de identificación y cuantificación de proteínas mediante la proteómica. Elaboración propia con apoyo de ChatGPT (OpenAI) y Canva.

## Metabolómica: descubriendo la huella química de los hongos

La metabolómica estudia el conjunto de pequeñas moléculas orgánicas presentes en un sistema biológico bajo condiciones determinadas, es decir, el metaboloma. Este perfil funciona como una huella química sumamente dinámica, pues cambia con la temperatura, el pH, los nutrientes o la presencia de un microorganismo rival (Figura 5). Dependiendo del diseño experimental desarrollado para su análisis,

puede incluir metabolitos intracelulares y extracelulares, así como moléculas procedentes del medio o generadas durante la interacción con otros organismos. Los basidiomicetos producen una notable diversidad de metabolitos especializados, entre ellos terpenoides, policétidos, compuestos fenólicos y esteroides. Algunas de estas moléculas poseen actividad biológica de interés para la biotecnología, la industria alimentaria y el desarrollo de productos farmacéuticos (Hag et al., 2025; He et al., 2025).



**Figura 5.** El carácter dinámico del metaboloma fúngico. Los cambios en las condiciones del entorno modifican la actividad metabólica del hongo y generan huellas químicas distintas. Elaboración propia con apoyo de BioRender.

Para explorar esta compleja red de moléculas, se emplean técnicas como la cromatografía acoplada a espectrometría de masas y la resonancia magnética nuclear. Estas herramientas permiten detectar y comparar numerosos compuestos presentes en extractos del micelio, de cuerpos fructíferos o del medio de cultivo, aunque la cobertura y la identificación dependen de la plataforma analítica y del diseño experimental. Algunos metabolitos aumentan o disminuyen su concentración al variar las condiciones del entorno y otros solo aparecen en circunstancias

específicas. Así, la metabolómica ofrece una aproximación muy cercana al estado fisiológico del hongo y a su interacción con el ambiente (Haq *et al.*, 2025).

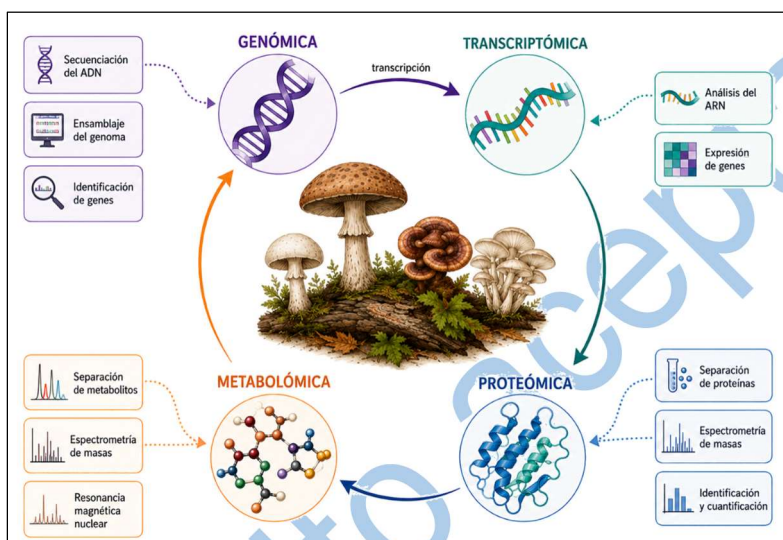
## El trabajo en equipo de las ciencias ómicas

El verdadero poder de estas herramientas se manifiesta cuando sus resultados dejan de observarse de forma aislada. Un estudio multiómico combina de forma sistemática múltiples capas de información para obtener una visión más completa de lo que ocurre en un organismo, en este caso, en la hifa fúngica (Figura 6) (De Figueiredo *et al.*, 2021; He *et al.*, 2025).

En los basidiomicetos, esta integración permite relacionar diferentes niveles de la actividad celular sin asumir que exista una correspondencia automática entre ellos. Por ejemplo, la genómica puede revelar un clúster de genes biosintéticos; la transcriptómica puede mostrar si algunos de esos genes se expresan bajo ciertas condiciones; la proteómica puede detectar las enzimas relacionadas; y la metabolómica puede identificar moléculas compatibles con la ruta propuesta. La coincidencia de estas evidencias fortalece una hipótesis funcional, pero la relación causal y la función biológica deben comprobarse mediante experimentos específicos para cada pregunta científica particular (De Figueiredo *et al.*, 2021; Haq *et al.*, 2025; He *et al.*, 2025).

Los datos aportados por cada ciencia ómica dejan de ser fotografías independientes y pasan a convertirse en distintas perspectivas de una misma

película. Integrarlas permite formular hipótesis más sólidas que las obtenidas a partir de una sola capa de información y acercarnos a una pregunta más amplia: ¿cómo y en qué condiciones un hongo transforma la información contenida en su ADN en características fisiológicas y moléculas que le permiten responder a su entorno?



**Figura 6.** Integración multiómica. La combinación de la genómica, transcriptómica, proteómica y metabolómica permite conectar diferentes niveles de información y comprender cómo el potencial genético de un hongo se relaciona con su actividad celular y con las moléculas que produce. Elaboración propia con apoyo de ChatGPT (OpenAI) y Canva.

## ¿Para qué queremos descifrar los secretos del funcionamiento de la hifa?

Descifrar lo que ocurre dentro de una célula fúngica responde, en primer lugar, a la curiosidad científica, y eso ya sería una razón suficiente para hacerlo. No obstante, el conocimiento del funcionamiento de la hifa también ayuda a comprender el papel de los hongos en la naturaleza y a explorar de manera responsable sus capacidades. En los basidiomicetos, conocer las enzimas y las rutas que intervienen

en la descomposición de la materia orgánica puede contribuir a identificar candidatos y mecanismos para transformar residuos agrícolas, forestales y otros materiales ricos en lignocelulosa, con posibles aplicaciones biomédicas, energéticas y agrícolas que requieren validación posterior (De Figueiredo *et al.*, 2021). Las ciencias ómicas también permiten explorar cómo responde un hongo ante diferentes nutrientes, temperaturas, sustratos o condiciones ambientales. Con esta información, pueden identificarse condiciones asociadas a la producción de determinadas enzimas o metabolitos y diseñarse experimentos para evaluar procesos biotecnológicos potencialmente más eficientes y amigables con el medio ambiente (Haq *et al.*, 2025; He *et al.*, 2025).

## Un universo todavía por descubrir

A simple vista, un hongo basidiomiceto puede parecer un organismo sencillo: una seta que emerge del suelo o de un tronco y desaparece después de algunos días. Sin embargo, tras esa estructura visible existe una compleja red de hifas que responde a señales ambientales, porta información genética específica, genera mensajes de ARN y sintetiza proteínas y metabolitos que actúan para crecer de manera eficiente y adaptarse a su entorno.

Las ciencias ómicas nos permiten explorar ese mundo: leer genomas completos, conocer qué genes están activos, identificar proteínas y detectar numerosos metabolitos. Pero la capacidad de detección depende de la plataforma

analítica y no todas las señales pueden identificarse de manera inequívoca. Cuanto más descubrimos, también surgen nuevas preguntas.

La próxima vez que observes una seta emergiendo de un tronco tras la lluvia, imagina el universo invisible que late bajo su sombrero, conformado por miles de genes, mensajes de ARN, proteínas activas y metabolitos que participan en una conversación perpetua y silenciosa entre el hongo y el bosque (Haq *et al.*, 2025; Xie *et al.*, 2025). Gracias a las ciencias ómicas, contamos con las herramientas adecuadas para escuchar, traducir y maravillarnos con las historias que los hongos tienen para contarnos.

## Referencias

De Figueiredo FL, de Oliveira ACP, Terrasan CRF *et al.* (2021). Multi-omics analysis provides insights into lignocellulosic biomass degradation by *Laetiporus sulphureus* ATCC 52600. *Biotechnology for Biofuels* 14:96.

Haq IU, Ijaz S and Ali H (eds.) (2025). *Fungal omics: methods and applications*. CRC Press.

He MQ, Zhao RL, Liu DM *et al.* (2022). Species diversity of Basidiomycota. *Fungal Diversity* 114(1):281–325.

He T, Yuan X, Xiao L *et al.* (2025). Multi-omics analysis of *Taiwanofungus gaoligongensis*: effects of different cultivation methods on secondary metabolites. *Frontiers in Microbiology* 16:1620693.

Narh Mensah DL, Wingfield BD and Coetzee MPA (2023). A practical approach to genome assembly and annotation of Basidiomycota using the example of *Armillaria*. *BioTechniques* 75(3):115–128.

Orban A, Weber A, Herzog R *et al.* (2021). Transcriptome of different fruiting stages in the cultivated mushroom *Cyclocybe aegerita* suggests a complex regulation of fruiting and reveals enzymes putatively involved in fungal oxylipin biosynthesis. *BMC Genomics* 22:324.

Xie M, Wang J, Wang F *et al.* (2025). A review of genomic, transcriptomic, and proteomic applications in edible fungi biology: current status and future directions. *Journal of Fungi* 11(6):422.

Manuscrito aceptado