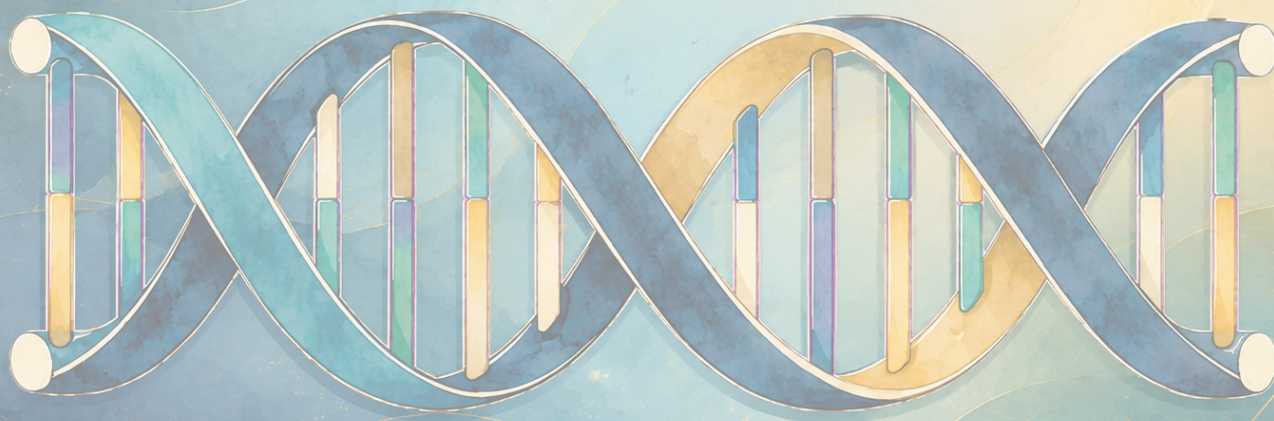




The CLEAN PAPER

WHAT THE PAPER SAYS · WHAT IT DOESN'T · WHY IT MATTERS

Una nueva familia de sistemas guiados por ARN que apuntan al ADN: distinta de CRISPR y todavía no una herramienta de edición genética

Al explorar genomas microbianos, investigadores encontraron TIGR-Tas, una familia antes desconocida de sistemas guiados por ARN que cortan ADN: usa una guía de dos partes y no necesita una pista de aterrizaje PAM, a diferencia de CRISPR. Mostraron que una versión puede programarse para editar células humanas, pero solo con baja eficiencia, y rastrearon los vínculos evolutivos profundos de la familia con otras máquinas guiadas por ARN. Es una expansión real de lo que sabemos sobre la biología guiada por ARN y un posible punto de partida para herramientas futuras: un descubrimiento de ciencia básica y una prueba de concepto, no un editor genético maduro ni una terapia.

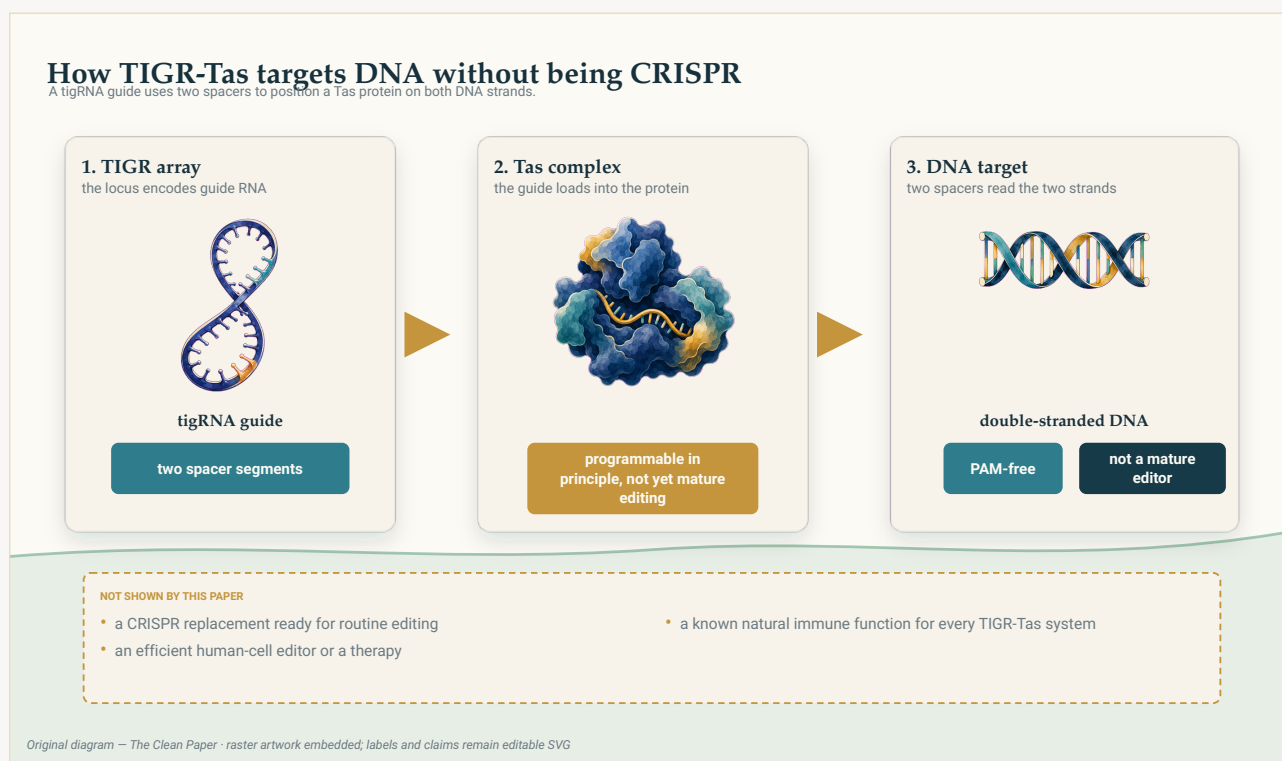
Written by Lucio Vaglio · Cross-checked by Laura Nesso · Edited by Michele Renda · Figures by Laura Nesso and Nova Vela · AI-assisted, human-reviewed

Paper: *TIGR-Tas: A Family of Modular RNA-Guided DNA-Targeting Systems in Prokaryotes and Their Viruses*, Guilhem Faure, Makoto Saito, Max E. Wilkinson et al.; Feng Zhang (corresponding author), *Science* 388, 6746, eadv9789 (2025) · DOI: 10.1126/science.adv9789

Una nueva rama en el árbol de las máquinas guiadas por ARN

De vez en cuando llega un artículo de biología con un titular que nunca pidió. El de este fue “un nuevo CRISPR”. El trabajo que hay detrás es más interesante que eso y, como suele pasar, más modesto.

Empecemos por lo que hizo famoso a CRISPR: un *sistema guiado por ARN*. El truco es que la proteína no tiene que estar cableada de forma fija para reconocer un único objetivo. En su lugar lleva un fragmento corto de ARN, una guía, y va allí donde coincide la secuencia de esa guía. Cambia la guía, cambia el objetivo. Esa programabilidad es la razón por la que CRISPR se convirtió en una herramienta. Pero CRISPR no es el único sistema guiado por ARN en la naturaleza, y la pregunta de este artículo es la paciente: ¿cuántos *otros* tipos hay ahí fuera, y qué pueden enseñarnos?



TIGR-Tas usa una guía de dos espaciadores para leer hebras opuestas del ADN. Es una arquitectura nueva, no un editor genético listo para usar.

Original diagram — The Clean Paper CC BY 4.0

Para buscarlos, los autores no buscaron secuencias génicas coincidentes: esas cambian demasiado a lo largo del tiempo evolutivo como para revelar parientes lejanos. Buscaron *formas*. A partir de la parte de la proteína Cas9 de CRISPR que sujeta su ARN guía, rastrearon bases de datos de estructuras proteicas predichas en busca de cualquier cosa construida del mismo modo. Esa pista llevó, pasando por un “gen saltarín” bacteriano y por una maquinaria que las células ordinarias usan para modificar químicamente su propio ARN, a algo realmente nuevo.

Qué hicieron los autores

La búsqueda estructural reveló una familia de proteínas que antes no se había reconocido, codificada sobre todo en bacteriófagos (virus que infectan bacterias), en virus de arqueas y en bacterias parásitas diminutas. Cada una está junto a un tramo distintivo de ADN: una larga matriz repetida que los autores llamaron **matriz TIGR** (por Tandem Interspaced Guide RNA). A las proteínas las llamaron **Tas** (asociadas a TIGR). Algunas proteínas Tas son solo la parte desnuda que sujeta ARN; otras llevan acoplada una herramienta para cortar ADN, uno de dos tipos de tijeras moleculares (llamadas RuvC o HNH).

Tras encontrar la familia en la base de datos, la llevaron al laboratorio: expresaron los sistemas en *E. coli* y secuenciaron los ARN pequeños que producían, dedujeron las reglas por las que esos ARN encuentran un objetivo de ADN, probaron si las versiones cortadoras cortaban de verdad, intentaron programar una para editar células humanas y, por último, congelaron un complejo funcional y obtuvieron imágenes de su estructura a resolución casi atómica.

Qué encontraron

La guía viene en dos piezas. La matriz TIGR se procesa en ARN cortos de unas 36 letras, cada uno con *dos* segmentos de direccionamiento separados. Un segmento lee una hebra del ADN objetivo; el otro lee la hebra opuesta. Los dos trabajan en tándem para fijar un sitio. Es una desviación mecánica real respecto de CRISPR, cuya guía coincide con una sola hebra en un tramo continuo.

Y no necesita una “pista de aterrizaje”. Muchas nucleasas CRISPR solo pueden cortar junto a un motivo de ADN corto y específico (un “PAM”) situado al lado del objetivo, una restricción que limita dónde pueden apuntar. Los sistemas TIGR no mostraron tal requisito: dependían solo de la secuencia objetivo. Un sistema que no necesita PAM puede, en principio, dirigirse a más lugares.

Las versiones cortadoras cortan, y con precisión. Guiadas por el pequeño ARN, las proteínas Tas portadoras de RuvC y HNH produjeron roturas limpias y específicas de secuencia en el ADN, y no hicieron nada sin la guía.

Una versión pudo programarse para editar células humanas, apenas. Trasladada a células humanas en cultivo y dirigida contra seis genes distintos, una proteína Tas sí produjo ediciones, lo que confirma que el sistema también es programable en nuestras células. Pero la eficiencia fue baja: en el mejor caso, unos pocos puntos porcentuales de las células. En comparación, las herramientas CRISPR optimizadas actuales editan de forma rutinaria una gran fracción de las células en las que se introducen. Esto demuestra que *puede* funcionar, no que funcione *bien* como herramienta.

La estructura explicó el mecanismo y apuntó a sus orígenes. El complejo obtenido por imagen es un par de proteínas con simetría especular que abraza el ARN guía con forma de ocho, con el ADN objetivo doblado en un giro brusco. De forma llamativa, esa arquitectura se parece mucho a una máquina presente en parientes de nuestras propias células: el “snoRNP” de caja C/D, que guía ediciones químicas en ARN en lugar de cortar ADN.

Su función natural no está clara. Cuando los autores expresaron un sistema en *E. coli*, no defendió frente a virus o plásmidos invasores, el trabajo cotidiano de CRISPR. En cambio, fue purgando gradualmente un plásmido dirigido a lo largo de muchas generaciones, lo que sugiere que su papel real podría estar en una competencia lenta entre piezas móviles de ADN, no en una defensa inmunitaria de primera línea. Pero era un entorno prestado y artificial, y la respuesta honesta es que nadie sabe todavía qué hacen estos sistemas en la naturaleza.

Qué significa probablemente

Dos cosas, sostenidas con niveles distintos de confianza.

La sólida: el mundo conocido de los sistemas guiados por ARN es más grande y más variado que CRISPR y sus primos encontrados recientemente. TIGR-Tas es una rama genuinamente distinta, con su propia forma de reconocer ADN, en dos partes y sin PAM. Eso es una adición real al mapa.

La más profunda y especulativa: como la maquinaria TIGR está construida de forma parecida al snoRNP que edita ARN en células como las nuestras, y también a un “gen saltarín” conocido, podría señalar un vínculo evolutivo entre sistemas guiados por ARN que modifican *ARN* y sistemas guiados por ARN que apuntan a *ADN*: una posible pieza faltante en la historia de cómo surgieron las guías de ARN programables a lo largo de la vida.

Lo que esto *no* demuestra

- **No es una herramienta de edición genética lista para usar.** La edición en células humanas se demostró, pero fue débil: unos pocos puntos porcentuales en el mejor caso. Eso prueba programabilidad, no un editor maduro, y está muy lejos de cualquier uso clínico.
- **No es “CRISPR 2.0”.** Medido hoy como herramienta, CRISPR-Cas9 edita muchísimo más. TIGR-Tas es una nueva *arquitectura* en fase de prueba de concepto, no una versión mejor de un producto existente.
- Su **papel biológico es desconocido.** No actuó como sistema inmunitario antiviral en la única prueba de esa idea; no queda establecido que sea “un nuevo sistema inmunitario bacteriano”.
- Gran parte del **mecanismo básico sigue abierta**, incluido cómo se corta el ARN guía hasta su longitud final y qué atacan realmente estos sistemas en la naturaleza (la mayoría vive en microbios que apenas podemos cultivar).
- **No hay nada terapéutico aquí.** Esto es descubrimiento y caracterización en microbios y cultivo celular: ninguna enfermedad, ningún tratamiento, ningún paciente.

¿Qué solidez tienen las pruebas?

El descubrimiento en sí está sobre terreno firme y es inusualmente completo: se apoya en minería estructural a gran escala, luego en confirmación de laboratorio de cómo se produce el ARN y cómo encuentra y corta ADN, después en una estructura casi atómica del complejo en acción, más la prueba en células humanas. La afirmación “esta es una familia nueva y distinta de sistemas guiados por ARN que apuntan al ADN” está bien respaldada desde varias direcciones a la vez.

Lo que está *temprano* es todo lo relativo a la utilidad: la edición funciona, pero apenas, y toda la optimización que convirtió CRISPR de curiosidad en herramienta, para TIGR, sigue por delante. Y lo que es *inferencial* es el resto de la historia: el papel natural es una conjetura razonable a partir de un experimento artificial, y el vínculo evolutivo, aunque elegante, es un argumento desde una estructura compartida, no una historia cerrada. El artículo es cuidadoso sobre qué es cada cosa.

Por qué importa

Varias ampliaciones anteriores del catálogo guiado por ARN terminaron dando frutos. Los sistemas detrás de las herramientas actuales —Cas9, Cas12, Cas13 y, más recientemente, las proteínas más pequeñas IscB/OMEGA y los Fanzor eucariotas— fueron, al principio, simplemente biología recién descrita. Ninguno llegó como herramienta terminada. Un sistema con una guía de dos partes y sin requisito PAM es un punto de partida genuinamente distinto, y la capacidad de apuntar sin PAM es exactamente el tipo de flexibilidad que aprecian quienes construyen herramientas.

Pero el resultado más silencioso quizá importe más que la perspectiva instrumental. Al vincular un sistema que corta ADN con la maquinaria snoRNP que edita ARN y con un gen saltarín, el trabajo bosqueja un posible hilo que conecta sistemas guiados por ARN muy distintos a lo largo del árbol de la vida. Es la clase de hallazgo que reorganiza cómo un campo entiende de dónde vinieron sus herramientas, lo que a largo plazo vale más que otro titular sobre tijeras.

En pocas palabras

Al buscar *formas* de proteínas en lugar de secuencias, los investigadores descubrieron TIGR-Tas: una familia antes desconocida de sistemas guiados por ARN que apuntan al ADN, encontrada sobre todo en virus bacterianos y bacterias parásitas. Su ARN guía es inusual: unas 36 letras con dos segmentos de direccionamiento separados que leen hebras opuestas del ADN y, a diferencia de CRISPR, no necesita un motivo “PAM” adyacente. Los miembros que cortan ADN cortan con precisión, uno pudo programarse para editar células humanas (aunque solo con una eficiencia de unos pocos puntos porcentuales) y una estructura casi atómica reveló un complejo construido como la maquinaria snoRNP que edita ARN en nuestras propias células, lo que sugiere un vínculo evolutivo profundo entre sistemas guiados por ARN que modifican ARN y sistemas que apuntan al ADN. Es una expansión real de la biología guiada por ARN y un posible nuevo chasis para herramientas futuras:

un descubrimiento de ciencia básica y una prueba de concepto, **no** un editor genético maduro, no “CRISPR 2.0” y no una terapia. Su función natural en la naturaleza sigue siendo desconocida.

Sin rodeos

Lo que muestra el artículo: una familia nueva y distinta de sistemas guiados por ARN que apuntan al ADN (TIGR-Tas) en procariotas y sus virus, encontrada por minería estructural; un ARN guía de dos segmentos, sin PAM (~36 nt), que apunta en tándem a ambas hebras de ADN; corte preciso de ADN guiado por ARN por los miembros con nucleasa; edición programable en células humanas con baja eficiencia (hasta unos pocos puntos porcentuales); una estructura crio-EM casi atómica; y vínculos estructurales/evolutivos con snoRNP de caja C/D y transposones IS110.

Lo que es plausible pero no está demostrado: el papel biológico natural de estos sistemas (un papel no defensivo en la competencia entre elementos móviles, sugerido por un experimento artificial); el puente evolutivo propuesto entre sistemas guiados por ARN que modifican ARN y sistemas que apuntan al ADN (un argumento estructural).

Lo que no muestra: una herramienta de edición genética madura o de alta eficiencia; superioridad frente a CRISPR como herramienta; una función natural confirmada; cómo madura el ARN guía; ninguna aplicación terapéutica.

Limitaciones principales: la eficiencia de edición en células humanas es baja (solo prueba de concepto); la mayoría de los sistemas vive en metagenomas difíciles de estudiar, por lo que sus objetivos naturales son en gran parte desconocidos; las afirmaciones sobre papel biológico y origen evolutivo son inferenciales; la caracterización se hizo en microbios y cultivo celular, no en ningún contexto de enfermedad.

¿Cuánta confianza debería tener un lector general? Alta en que esta es una familia nueva y genuinamente distinta de sistemas guiados por ARN que apuntan al ADN, con un mecanismo novedoso de dos partes y sin PAM, y en que los hallazgos estructurales y evolutivos son reales. Alta en que **no** es una herramienta de edición genética lista para usar, no “CRISPR 2.0” y no una terapia. Baja sobre su papel natural y sobre hasta dónde llegará como herramienta. La postura adecuada: entusiasmo genuino por nueva biología y por un posible eslabón evolutivo perdido, y paciencia con las aplicaciones, que están apenas al principio.

Fuentes

Science 388, eadv9789 (2025)

<https://doi.org/10.1126/science.adv9789>

PubMed Central (PMC12045711)

<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC12045711/>