Sanitas
Revista arbitrada de ciencias de la salud
Vol. 5(especial4), 211-216, 2026
https://doi.org/10.62574/wbj3rp64

Obeliscos, nuevas entidades de ARN similares a viroides en el microbioma humano: revisión sistemática

Obelisks, new viroid-like RNA entities in the human microbiome: a systematic review

Lisseth Abigail Chango-Martínez
lissethcm59@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0003-2349-1375

Oscar Patricio Brito-Hernández
oscarbh19@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0007-2093-5566

Gerardo Emilio Medina-Ramírez
ua.gerardomr59@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0000-0002-4782-7924

RESUMEN

Objetivo: sintetizar la evidencia sobre las características, la distribución y el posible significado biomédico de los obeliscos, elementos de ARN similares a viroides identificados en el microbioma humano. **Método**: revisión sistemática según PRISMA 2020 de estudios de metatranscriptómica, revisiones y artículos de referencia sobre viroides y microbioma indexados en PubMed y SciELO entre 1971 y 2024. **Resultados**: los obeliscos son ARN circulares de alrededor de 1000 nucleótidos, con estructura secundaria en forma de bastón y una nueva superfamilia de proteínas denominadas oblinas. Se detectaron en cerca del 7 % de los metatranscriptomas fecales y en la mitad de los orales analizados, y algunos persistieron más de 300 días en el mismo individuo. Se identificó a Streptococcus sanguinis como hospedador de uno de ellos. Su función y su efecto sobre la salud humana se desconocen. **Conclusión**: los obeliscos amplían el conocimiento del microbioma, pero su relevancia clínica requiere investigación.

Descriptores: microbiota; ARN circular; viroides. (Fuente, DeCS).

ABSTRACT

Objective: To synthesise the evidence on the characteristics, distribution and possible biomedical significance of obelisks, viroid-like RNA elements identified in the human microbiome. **Method**: Systematic review according to PRISMA 2020 of metatranscriptomic studies, reviews and landmark articles on viroids and the microbiome indexed in PubMed and SciELO between 1971 and 2024. **Results**: Obelisks are circular RNAs of about 1000 nucleotides, with a rod-like secondary structure and a novel protein superfamily called oblins. They were detected in about 7% of stool metatranscriptomes and half of the oral ones analysed, and some persisted for more than 300 days in the same individual. Streptococcus sanguinis was identified as the host of one of them. Their function and effect on human health are unknown. **Conclusion**: Obelisks expand knowledge of the microbiome, but their clinical relevance requires further research.

Descriptors: microbiota; RNA, circular; viroids. (Source, DeCS).

Recibido: 15/08/2026. Revisado: 21/08/2026. Aprobado: 21/09/2026. Publicado: 01/10/2026.
Original breve

INTRODUCCIÓN

Aunque el Proyecto del Microbioma Humano describió hace más de una década la enorme diversidad de bacterias que habitan el cuerpo (1), buena parte de los elementos genéticos que las acompañan sigue siendo desconocida. Shkoporov y Hill se refirieron a los bacteriófagos intestinales como lo «desconocido conocido» del microbioma, por su abundancia y su escasa caracterización (2).

En ese sentido, la biología de los elementos de ARN más simples comenzó con los viroides. Diener describió en 1971 un ARN de bajo peso molecular capaz de replicarse y causar enfermedad en plantas sin necesidad de cápside (3), y Flores et al. caracterizaron después su estructura circular y sus interacciones con el hospedador (4). Durante décadas se pensó que estos elementos se limitaban casi por completo al reino vegetal. Ahora bien, el análisis masivo de secuencias ha cambiado esa visión. Por ello, el objetivo de esta revisión fue sintetizar la evidencia sobre las características, la distribución y el posible significado biomédico de los obeliscos, elementos de ARN similares a viroides identificados en el microbioma humano.

MÉTODO

Desde un enfoque cualitativo, se realizó una revisión sistemática siguiendo la declaración PRISMA 2020 (5). La pregunta de investigación fue: ¿qué se sabe sobre la estructura, la distribución, los hospedadores y la posible relevancia clínica de los obeliscos del microbioma humano?

En cuanto a la búsqueda, se consultaron PubMed y SciELO con combinaciones de los términos obelisks, viroid-like RNA, oblins, circular RNA, human microbiome, metatranscriptomics y hammerhead ribozyme, y sus equivalentes en español. Se

incluyeron estudios originales, revisiones y artículos de referencia publicados en inglés o español. Se excluyeron notas de prensa, páginas institucionales y documentos sin revisión por pares. Dada la escasa literatura específica, se incorporaron estudios de contexto sobre viroides, elementos circulares de ARN y microbioma. La síntesis fue cualitativa.

RESULTADOS

Descubrimiento y características

A grandes rasgos, el estudio de Zheludev et al., publicado en Cell, describió los obeliscos como una nueva clase de elementos de ARN identificados en datos de metatranscriptómica del microbioma humano (6). Sus rasgos comunes son un genoma de ARN aparentemente circular de alrededor de 1000 nucleótidos, una estructura secundaria en forma de bastón que abarca todo el genoma y marcos de lectura que codifican una nueva superfamilia de proteínas, a las que denominaron oblinas, sin semejanza con proteínas conocidas (6,7). Algunos obeliscos presentan también motivos de ribozima de cabeza de martillo, un rasgo compartido con ciertos viroides y elementos circulares de ARN (6,8).

Distribución en el microbioma

En cuanto a su distribución, los autores identificaron decenas de miles de obeliscos distintos en bases de datos públicas, y en muestras humanas los detectaron en cerca del 7 % de los metatranscriptomas fecales y en alrededor de la mitad de los orales analizados (6). En la cohorte longitudinal del Proyecto Integrativo del Microbioma Humano (9,10), algunos obeliscos persistieron en un mismo individuo durante más de 300 días, lo que sugiere una colonización estable (6). Estos resultados se suman a otros trabajos de minería de datos que han revelado una enorme diversidad de ARN circulares similares a viroides (11) y de virus de ARN que infectan bacterias (12).

Hospedadores y estructura proteica

Respecto a su hospedador, los investigadores identificaron a la bacteria oral Streptococcus sanguinis como portadora de uno de estos elementos, lo que confirmó que al menos algunos obeliscos residen en bacterias (6). Las estructuras de las oblinas se predijeron mediante herramientas de inteligencia artificial como AlphaFold (13), aunque su función biológica sigue sin conocerse.

DISCUSIÓN

De entrada, la evidencia revisada indica que los obeliscos constituyen una clase nueva de elementos de ARN, distinta de los viroides de plantas y del virus de la hepatitis delta (6,14), que habita en el microbioma humano de forma frecuente y persistente. La verdad es que su descubrimiento recuerda que, pese a décadas de secuenciación, todavía quedan componentes biológicos por identificar en nuestro propio cuerpo.

Ahora bien, conviene evitar las conclusiones prematuras. No existe, hasta el momento, evidencia de que los obeliscos causen enfermedad humana ni de que tengan efectos beneficiosos; su influencia sobre las bacterias que los albergan, y a través de ellas sobre la salud, es una pregunta abierta (6,7). Del mismo modo, su clasificación dentro de la virosfera es objeto de debate, porque comparten rasgos con los viroides, los satélites y los virus sin encajar plenamente en ninguna categoría (15). Para la medicina, su interés futuro podría estar en su uso como marcadores del microbioma o en su posible papel en la ecología bacteriana.

Entre las limitaciones, la literatura específica sobre obeliscos es muy reciente y escasa, procede en gran parte de un único grupo de investigación y se basa en análisis computacionales que requieren confirmación experimental.

CONCLUSIÓN

Los obeliscos son elementos de ARN circular de alrededor de 1000 nucleótidos, con estructura en forma de bastón y una superfamilia de proteínas propia, las oblinas, que colonizan con frecuencia el microbioma oral e intestinal humano y pueden persistir durante meses. Al menos uno de ellos reside en Streptococcus sanguinis. Su función y su impacto sobre la salud humana se desconocen. En consecuencia, se requieren estudios experimentales y clínicos que aclaren su biología y su posible relevancia médica.

FINANCIAMIENTO

No monetario.

CONFLICTO DE INTERÉS

No existe conflicto de interés con personas o instituciones ligadas a la investigación.

AGRADECIMIENTOS

A UNIANDES.

REFERENCIAS

1. Human Microbiome Project Consortium. Structure, function and diversity of the healthy human microbiome. Nature. 2012;486(7402):207-14.
2. Shkoporov AN, Hill C. Bacteriophages of the human gut: the "known unknown" of the microbiome. Cell Host Microbe. 2019;25(2):195-209.
3. Diener TO. Potato spindle tuber "virus". IV. A replicating, low molecular weight RNA. Virology. 1971;45(2):411-28.
4. Flores R, Hernández C, Martínez de Alba AE, Daròs JA, Di Serio F. Viroids and viroid-host interactions. Annu Rev Phytopathol. 2005;43:117-39.
5. Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, Boutron I, Hoffmann TC, Mulrow CD, et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. BMJ. 2021;372:n71.
6. Zheludev IN, Edgar RC, Lopez-Galiano MJ, de la Peña M, Babaian A, Bhatt AS, et al. Viroid-like colonists of human microbiomes. Cell. 2024;187(23):6521-36.
7. Soriano V, Moreno-Torres V, Corral O. Obelisks: newly discovered virus-like particles. AIDS Rev. 2024;26(1):49-50.
8. de la Peña M, Cervera A. Circular RNAs with hammerhead ribozymes encoded in eukaryotic genomes: the enemy at home. RNA Biol. 2017;14(8):985-91.

9. Integrative HMP (iHMP) Research Network Consortium. The Integrative Human Microbiome Project. Nature. 2019;569(7758):641-8.
10. Lloyd-Price J, Arze C, Ananthakrishnan AN, Schirmer M, Avila-Pacheco J, Poon TW, et al. Multi-omics of the gut microbial ecosystem in inflammatory bowel diseases. Nature. 2019;569(7758):655-62.
11. Lee BD, Neri U, Roux S, Wolf YI, Camargo AP, Krupovic M, et al. Mining metatranscriptomes reveals a vast world of viroid-like circular RNAs. Cell. 2023;186(3):646-61.
12. Neri U, Wolf YI, Roux S, Camargo AP, Lee B, Kazlauskas D, et al. Expansion of the global RNA virome reveals diverse clades of bacteriophages. Cell. 2022;185(21):4023-37.
13. Jumper J, Evans R, Pritzel A, Green T, Figurnov M, Ronneberger O, et al. Highly accurate protein structure prediction with AlphaFold. Nature. 2021;596(7873):583-9.
14. Taylor JM. Infection by hepatitis delta virus. Viruses. 2020;12(6):648.
15. Koonin EV, Dolja VV, Krupovic M, Kuhn JH. Viruses defined by the position of the virosphere within the replicator space. Microbiol Mol Biol Rev. 2021;85(4):e0019320.

Derechos de autor: 2026. Por los autores. Este artículo es de acceso abierto y distribuido según los términos y condiciones de la licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional (CC BY-NC-SA 4.0)
https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/