

ATENCIÓN: NOTICIA EMBARGADA HASTA EL VIERNES 7 DE AGOSTO A LAS 20 h EN BARCELONA, ESPAÑA (GMT+2).

NOTA DE PRENSA

Barcelona, 7 de agosto de 2015

EL ESTUDIO DE LAS LEVADURAS NOS PERMITE COMPRENDER LA EVOLUCIÓN DE LOS GENOMAS

- **Investigadores del Centro de Regulación Genómica proponen una nueva teoría sobre el origen del linaje de las levaduras hace 100 millones de años.**
- **Los científicos han estudiado la duplicación del genoma completo que presentan las levaduras y han visto que, en realidad, se trata de una hibridación entre dos especies diferentes. Una propuesta radicalmente opuesta a las teorías que hasta ahora aceptaba la comunidad científica.**
- **El hallazgo describe el mecanismo que ha dado lugar a la duplicación del genoma de la levadura y ofrece nuevas perspectivas en la interpretación del origen y las consecuencias evolutivas de duplicaciones de genoma entero que, además de en las levaduras, también se encuentran en plantas o vertebrados.**

Investigadores del Centro de Regulación Genómica proponen una nueva teoría que explicaría el origen de la duplicación del genoma al inicio del linaje de las levaduras. Las levaduras son un tipo de hongos unicelulares que se originaron hace más de 100 millones de años. Estos organismos tienen la capacidad de fermentar hidratos de carbono, una característica que los ha dado a conocer por su extenso uso en la fermentación de bebidas y alimentos. Asimismo, es uno de los organismos modelo más empleados en investigación. Por ejemplo, la levadura *Saccharomyces cerevisiae* fue el primer organismo eucariota en ser secuenciado y es un modelo clave para el estudio de la biología molecular y celular.

La secuenciación del genoma de la levadura se llevó a cabo en los años 90 y ya entonces los investigadores observaron que el genoma de la levadura comprendía más de 50 fragmentos repetidos. Desde entonces, la comunidad científica ha aceptado que el genoma de la levadura había sufrido una duplicación entera, un fenómeno que no es aislado y que también encontramos en otras especies. Por ejemplo, sabemos que en el origen de los vertebrados también hubo una duplicación del genoma entero, que los humanos hemos tenido a lo largo de la evolución hasta dos duplicaciones enteras de genoma y que es un fenómeno muy común en especies vegetales, sobre todo si son plantas cultivadas.

La científica Marina Marcet-Houben y el jefe de grupo del CRG y profesor de investigación ICREA Toni Gabaldón han estudiado el origen de la duplicación del genoma entero en las levaduras para elucidar un fenómeno que podría haber sido clave de cara a la evolución de las especies y su adaptación. Sus resultados se

publican hoy en la revista *PLOS Biology* y sorprendentemente demuestran que en realidad la aparición de genes duplicados no fue causada por una simple duplicación del genoma entero sino que fue fruto de la hibridación entre dos especies diferentes. Su propuesta contradice la teoría más establecida entre la comunidad científica hasta la fecha de hoy y, por tanto, ofrece nuevos puntos de vista a un proceso clave para comprender la evolución de los genomas y de las especies.

"Al principio, cuando vimos los resultados de nuestro estudio pensábamos que había algún error. Sinceramente, cuando los resultados no son como esperas y contradicen lo que está establecido, lo primero que haces es creer que hay algún tipo de problema que está afectando a los resultados. Una vez descartados todos los problemas en los que puedes pensar, hay que interpretar los datos objetivamente, sin ideas preestablecidas y hacer un ejercicio científico de verdad. Entonces empezamos a pensar en las diferentes posibilidades que se nos presentaban y trabajamos en una nueva idea", explica el investigador principal del estudio y jefe del grupo de Genómica Comparativa Toni Gabaldón. Y añade, *"Es uno de esos momentos mágicos de la investigación en que si tienes la mente muy abierta, te rindes a la evidencia de los datos y descartas lo que habías considerado un hecho probado para adoptar un paradigma completamente nuevo, por inverosímil que éste pueda ser inicialmente. Después tiras del hilo y ves que el nuevo paradigma da explicación a otras observaciones independientes. Científicamente ha sido un reto y una experiencia muy satisfactoria"*.

Mirando el pasado, para comprender el presente y predecir el futuro

Con la entrada de la genómica en los estudios evolutivos los científicos han podido comprobar que el fenómeno de la duplicación del genoma entero es común en varias especies. El hecho de que sea común nos hace pensar que es uno de los mecanismos clave en la evolución y la adaptabilidad de las especies. Evidentemente, duplicar el genoma hace que tengamos más genes y que produzcamos más proteínas, lo que permitiría una adaptación más grande a la vez que ofrecería un abanico de proteínas más amplio con nuevas funciones para que los organismos puedan hacer frente a diferentes condiciones.

Ahora bien, de cara a obtener más variedad y conseguir una mejor adaptación, que parece ser mejor, ¿duplicar lo que ya tienes o incorporar algo diferente? Visto así parece claro que la diversidad aumenta si incorporamos variedad. El problema es que a menudo las hibridaciones son inviables y los organismos resultantes son estériles e incapaces de pasar esta nueva información genética a la descendencia.

Por este motivo y por la estructura similar de los genes repetidos, hasta ahora parecía más plausible la idea de duplicar el genoma. En cambio, el trabajo de Marcet-Houben y Gabaldón demuestra que, en el caso de las levaduras, la hibridación fue lo que causó la duplicación de algunos genes. Los investigadores han utilizado metodología computacional de última generación y han combinado el uso de datos genómicos con una herramienta diseñada por el mismo grupo del Dr. Gabaldón que les ha permitido estudiar los árboles filogenéticos de las familias de levaduras.

Esta herramienta es capaz de reconstruir duplicaciones de genes y determinar en qué momento evolutivo sucedieron, sería un equivalente computacional al carbono 14 para datar fósiles. Sorprendentemente la edad de los genes duplicados parecía ser mucho mayor que la que predice la teoría de la duplicación simple del genoma. En lugar de haberse duplicado en el momento en que las levaduras pasaron a tener el doble de cromosomas, los datos indicaban que los genes duplicados habían empezado a divergir mucho antes. Este resultado abrió la posibilidad de una hibridación entre especies. En este caso, los genes que se juntan son diferentes y, por tanto, su divergencia precede a la duplicación de la dotación cromosómica que también resulta de este proceso.

La hipótesis de la hibridación tiene grandes implicaciones sobre cómo interpretamos el origen y evolución de los genomas duplicados. En primer lugar, nos cuenta que no es necesario invocar cambios masivos y rápidos para originar nuevas funciones a partir de las secuencias duplicadas. La hibridación combina, desde el primer día, propiedades de los dos linajes parentales y abre la puerta a nuevas oportunidades ecológicas y evolutivas.

Su propuesta se ve reforzada cuando comprobamos que el número de duplicaciones de genoma es mucho mayor en plantas cultivadas. *"Habría que estudiar si las duplicaciones de genomas en otras especies también esconden hibridaciones pero, por ejemplo, en plantas cultivadas parece claro que estaríamos ante una situación muy similar. Tradicionalmente el hecho de cultivar una planta y mejorar su producción pasaba por forzar hibridaciones"* comenta Gabaldón.

Mirar el genoma de los eucariotas de hace 100 millones de años nos acaba de abrir una nueva puerta hacia el conocimiento del genoma en general y de los mecanismos evolutivos que existen para ganar diversidad y adquirir nuevas funciones. Este trabajo, desafiante e innovador tiene grandes implicaciones sobre cómo interpretamos las consecuencias funcionales y evolutivas de la duplicación de los genomas. Asimismo, es una muestra de la importancia de la investigación básica para la comprensión de los genomas, la evolución y la diversidad.

Artículo de referencia: Marina Marcet-Houben and Toni Gabaldón "Beyond the whole genome duplication: phylogenetic evidence for an ancient inter-species hybridization in the baker's yeast lineage" PLOS Biology. 7th August 2015.

Para más información y entrevistas:

Centro de Regulación Genómica (CRG) – Oficina de Prensa - Laia Cendrós
eCorreo: laia.cendros@crg.eu Tel. +34 93 316 0237 – Movil +34 607 611 798