

NOTA DE PRENSA

Barcelona, 11 de diciembre de 2014

EL ANÁLISIS GENÓMICO, CLAVE PARA COMPRENDER LA EVOLUCIÓN DE LOS PÁJAROS

- **Un consorcio internacional con participación de científicos del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona presenta, por primera vez, el árbol filogenético de las aves modernas basándose en datos de secuenciación genómica.**
- **El estudio resuelve algunas de las incógnitas que rodean la evolución de las aves. Por ejemplo: define en detalle el árbol familiar de las aves, explica la evolución de su genoma, detalla el papel y la aparición del canto en las diferentes familias, identifica cuándo perdieron los dientes, estudia la relación entre los genomas de las aves y otros reptiles como los cocodrilos, presenta el origen de los cromosomas sexuales de los pájaros y propone un nuevo método para el estudio filogenético basado en datos secuenciación genómica masiva.**
- **Los resultados se publican simultáneamente en 8 artículos en un número especial de la revista *Science* el próximo viernes 12 de diciembre y en 15 artículos más en otras revistas científicas de prestigio.**

Hace 66 millones de años los dinosaurios, tal y como los conocemos, se extinguieron pero algunos reptiles y aves sobrevivieron a esta extinción masiva. Las aves que sobrevivieron, sufrieron una rápida evolución y una gran diversificación. Hasta ahora, explicar el árbol familiar de las aves modernas, no ha sido nada fácil para los científicos y un tema bastante controvertido. Gracias a la investigación de un consorcio internacional con participación de investigadores del Centro de Regulación Genómica en Barcelona, ahora tenemos nuevas pistas sobre cómo fue esta evolución y nueva información sobre otros aspectos de las aves.

El consorcio internacional para el estudio de la genómica de las aves, liderado por Guoije Zhang del National Genbank BGI en China y la Universidad de Copenhague; Enrich D. Jarvis de la Duke University y el Howard Hughes Medical Institute en Estados Unidos; y M. Thomas P. Gilbert del Museo de Historia Natural de Dinamarca; ha estado trabajando durante cuatro años en la secuenciación masiva de los genomas de 48 especies de aves y los genomas de otros animales como los cocodrilos. En este proyecto han participado más de 200 científicos de 80 instituciones repartidas en 20 países. En España, el investigador Toni Gabaldón, jefe del grupo de Genómica Comparativa en el Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona y profesor de investigación ICREA, ha participado en el análisis de los genomas y la propuesta del nuevo árbol familiar de las aves así como en el análisis de los genomas de los cocodrilos y su relación con las aves.

Las especies estudiadas han sido, entre otros, cuervos, patos, halcones, periquitos, grúas, ibis, pájaros carpinteros y águilas, en representación de las principales familias de aves modernas. Los primeros resultados de este estudio se publican simultáneamente en 8 artículos en la revista *Science* y en 15 artículos más en otras revistas científicas como *Genome Biology* o *GigaScience*. Todo el paquete de artículos se encuentra disponible en <http://www.eurekalert.org/jrnls/sci>.

La genómica, una herramienta clave para establecer nuevos árboles familiares y explicar la evolución

Los estudios filogenéticos disponibles hasta ahora sobre la evolución de las aves modernas se habían realizado estudiando conjuntos de genes concretos que se relacionaban con características anatómicas o de comportamiento en las aves. Ahora, los resultados presentados por el *Avian Phylogenomics Consortium*, comparan el genoma entero de todas las especies, lo que les ha permitido reconstruir el árbol filogenético de las aves con mucho más detalle incluyendo información sobre las relaciones de parentesco entre grupos y el momento en que se separaron.

Los científicos han descubierto que para poder ser minucioso e incluir todas las tendencias en la evolución de las especies deben tener en cuenta, incluso, las regiones del ADN que no codifican para fabricar proteínas.

Además, el hecho de comparar los genomas enteros, les ha permitido dibujar un mapa de la evolución del genoma de las aves. Así, los investigadores han observado que las aves tienen pocas repeticiones de ADN y que ya desde el inicio de su aparición perdieron cientos de genes que compartirían con los humanos ancestralmente. En concreto, los genes que los pájaros han perdido son clave para los humanos y están implicados en funciones importantes como la reproducción, la formación del esqueleto o los pulmones. Evidentemente, las aves controlan estos aspectos desde otra aproximación que explicaría por qué tienen un esqueleto más ligero, un sistema respiratorio tan particular, una gran variedad de especialidades en la dieta y muchos otros rasgos característicos diferentes a los mamíferos.

Pájaros y demás parientes

En este estudio, además de secuenciar los genomas de 48 especies de aves, también se han secuenciado y estudiado los genomas de los reptiles actuales más cercanos a las aves: los cocodrilos. Los científicos esperaban poder encontrar los puntos de conexión entre ellos y aportar datos sobre la diversificación de los arcosaurios (grupo que incluiría los cocodrilos, los dinosaurios y las aves).

"La secuenciación de tres especies diferentes de cocodrilos nos sirve para contextualizar el trabajo del estudio genómico de las aves que ahora presentamos. Los datos que hemos estudiado nos demuestran que los cocodrilos han evolucionado relativamente poco y que, por tanto, son un reflejo bastante fiable de sus antepasados", explica Toni Gabaldón, profesor investigador ICREA en el CRG y uno de los coautores del papel publicado en Science sobre los genomas de cocodrilos. "Asimismo, el hecho de compararlo con los genomas de las aves nos ha permitido reconstruir parcialmente el que sería el genoma del ancestro común de los arcosaurios, y por tanto, una herramienta muy valiosa para el estudio del origen los

cocodrilos, las aves y los dinosaurios", añade el Dr. Gabaldón. "La diversificación rápida de las aves en muchos grupos visiblemente diferentes contrasta con la estabilidad e inmovilidad de los cocodrilos que se han mantenido prácticamente iguales después de muchos años de evolución. Esto nos muestra cuán relativa es la velocidad evolutiva en grupos diferentes y de cómo la oportunidad de diversificación para ocupar nuevos nichos ecológicos genera diversidad morfológica y especiación muy rápidamente", concluye el investigador.

Cantar, hablar, pensar

Los principales artículos de este estudio indican que el aprendizaje vocal, es decir, la capacidad para emitir sonidos, modificar el tono y reproducir un sonido por imitación, evolucionó de forma independiente como mínimo, en dos ocasiones. En general, se ha descubierto que los circuitos cerebrales para el aprendizaje musical y vocal en aves y en humanos son similares, pero se ha llegado a ellos por vías diferentes en la evolución.

Algunos de los trabajos publicados en el marco de este proyecto destacan que la mayoría de los genes relacionados con el aprendizaje vocal, están implicados en la formación de conexiones neuronales.

Y, ¿cuándo perdieron los dientes?

En uno de los trabajos publicados en *Science* los científicos han comparado los pájaros actuales con especies de vertebrados y han constatado que los pájaros presentaban mutaciones en grupos de genes que codifican para el esmalte y la dentina. Cinco de estos genes relacionados con la formación de dientes se habrían inhabilitado hace más de 100 millones de años, en algún antepasado de las aves modernas.

Detrás del telón

Este trabajo ha sido todo un reto a diferentes niveles. Se han analizado muestras de tejido congelado y recolectado en los últimos 30 años, provenientes de museos y otras instituciones. Se ha separado el ADN en la Universidad de Duke y en la Universidad de Copenhague. La mayoría de la secuenciación genómica y los primeros análisis se han llevado a cabo en el BGI de China y el estudio filogenómico de estos datos se ha compartido entre más de 80 instituciones en el mundo.

Los datos que se han generado estarán disponibles para la comunidad científica para que en el futuro, otros científicos puedan estudiar las bases genéticas de las características de las aves.

Artículos de referencia:

- Jarvis ED, et al. “Whole-genome analyses resolve early branches un tree of life of modern birds”. *Science* 12 Dec 2014. Doi: 10.1126/science.1253451
- Green RE, et al. “Three crocodylian genomes reveal ancestral patterns of evolution among archosaurs”, *Science*, 12 Dec 2014. Doi: 10.1126/science.1254449
- Resto de artículos en *Science*, disponibles aquí: <http://www.eurekalert.org/jrnls/sci> (para acceder, es necesario darse de alta como usuario de EurekAlert).

Para más información y entrevistas:

Centro de Regulación Genómica (CRG) – Oficina de prensa – Laia Cendrós
Tel. +34 93 316 02 37 – Móvil: +34 607 611 798 – Email: laia.cendros@crg.eu