

**ATENCIÓ: NOTÍCIA EMBARGADA FINS DIVENDRES 7 D'AGOST A LES 20 h A BARCELONA, ESPANYA (GMT+2).**

**NOTA DE PREMSA**

Barcelona, 7 d'agost de 2015

**L'ESTUDI DELS LLEVATS ENS PERMET  
COMPRENDRE L'EVOLUCIÓ DELS GENOMES**

- **Investigadors del Centre de Regulació Genòmica proposen una nova teoria sobre l'origen del llinatge dels llevats ara fa 100 milions d'anys.**
- **Els científics han estudiat la duplicació del genoma complet que presenten els llevats i han vist que, en realitat, es tracta d'una hibridació entre dues espècies diferents. Una proposta radicalment oposada a les teories que fins ara acceptava la comunitat científica.**
- **La troballa descriu el mecanisme que ha donat lloc a la duplicació del genoma del llevat i ofereix noves perspectives en la interpretació de l'origen i les conseqüències evolutives de duplicacions de genoma sencer que, a banda dels llevats, també es troben en plantes o vertebrats.**

Investigadors del Centre de Regulació Genòmica proposen una nova teoria que explicaria l'origen de la duplicació del genoma a l'inici del llinatge del llevats. Els llevats són un tipus de fongs unicel·lulars que es van originar fa més de 100 milions d'anys. Aquests organismes tenen la capacitat de fermentar hidrats de carboni, una característica que els ha fet força coneguts pel seu ús en la fermentació de begudes i aliments. Alhora, és un dels organismes model més emprats en recerca. Per exemple, el llevat *Saccharomyces cerevisiae* va ser el primer organisme eucariota en ser seqüenciat i és un model clau per a l'estudi de la biologia molecular i cel·lular.

La seqüenciació del genoma del llevat es va dur a terme als anys 90 i ja aleshores els investigadors van observar que el genoma del llevat comprenia més de 50 fragments repetits. Des d'aleshores, la comunitat científica ha acceptat que el genoma del llevat havia patit una duplicació sencera, un fenomen que no es aïllat i que també trobem en altres espècies. Per exemple, sabem que a l'origen dels vertebrats també hi va haver una duplicació del genoma sencer, que els humans hem tingut al llarg de l'evolució fins a dues duplicacions senceres de genoma i que és un fenomen molt comú en espècies vegetals, sobretot si són plantes cultivades.

La científica Marina Marcet-Houben i el cap de grup del CRG i professor d'investigació ICREA Toni Gabaldón han estudiat l'origen de la duplicació del genoma sencer en els llevats per tal d'elucidar un fenomen que podria haver estat clau de cara a l'evolució de les espècies i la seva adaptació. Els seus resultats es publiquen avui a la revista *PLOS Biology* i sorprenentment demostren que en realitat l'aparició de gens duplicats no va ser causada per una simple duplicació del genoma sencer sinó que va ser fruit de la hibridació entre dues espècies diferents. La seva proposta contradiu la teoria més establerta entre la comunitat científica fins a data d'avui i, per tant, ofereix nous punts de vista a un procés clau per comprendre l'evolució dels genomes i de les espècies.

*“Al principi, quan vam veure els resultats del nostre estudi pensàvem que hi havia algun error. Sincerament, quan els resultats no són com esperes i contradiuen el què està establert, el primer que fas és creure que hi ha algun tipus de problema que està afectant els resultats. Una vegada descartats tots els problemes en què podríem pensar, cal interpretar les dades objectivament, sense idees preestablertes i fer un exercici científic de debò. Aleshores vam començar a pensar en les diferents possibilitats que se’ns presentaven i vam treballar en una nova idea”, explica l’investigador principal de l’estudi i cap del grup de Genòmica Comparativa Toni Gabaldón. I afegeix, “És un d’aquells moments màgics de la recerca en què si tens la ment molt oberta et rendeixes a l’evidència de les dades i descartes allò que havies considerat un fet provat per adoptar un paradigma completament nou, per inversemblant que aquest pugui ser inicialment. Després estires el fil i veus que el nou paradigma dona explicació a altres observacions independents. Científicament ha estat un repte i una experiència molt satisfactòria”.*

### **Mirant el passat, per comprendre el present i predir el futur**

Amb l’entrada de la genòmica en els estudis evolutius els científics han pogut comprovar que el fenomen de la duplicació del genoma sencer és comú en diverses espècies. El fet que sigui comú ens fa pensar que és un dels mecanismes clau en l’evolució i l’adaptabilitat de les espècies. Evidentment, duplicar el genoma fa que tinguem més gens i que produïm més proteïnes, cosa que podria permetre una adaptació més gran alhora que oferiria un ventall de proteïnes més ampli amb noves funcions perquè els organismes puguin fer front a diferents condicions.

Ara bé, de cara a obtenir més varietat i aconseguir una millor adaptació, què semblaria millor, duplicar el què ja tens o incorporar-ne de diferent? Vist així sembla clar que la diversitat augmenta si hi incorporem varietat. El problema és que sovint les hibridacions són inviables i els organismes resultants són estèrils i incapaços de passar aquesta nova composició a la descendència.

Per aquest motiu i per l’estructura semblant dels gens repetits, fins ara semblava més plausible la idea de duplicar el genoma. En canvi, el treball de Marcet-Houben i Gabaldón demostra que, en el cas dels llevats, la hibridació va ser el què va causar la duplicació d’alguns gens. Els investigadors han utilitzat metodologia computacional d’última generació i han combinat l’ús de dades genòmiques amb una eina dissenyada pel mateix grup del Dr. Gabaldón que els ha permès estudiar els arbres filogenètics de les famílies de llevats.

Aquesta eina és capaç de reconstruir duplicacions de gens i determinar en quin moment evolutiu van succeir, seria un equivalent computacional al carboni 14 per datar fòssils. Sorprenentment l’edat dels gens duplicats semblava ser molt més gran que la que predia la teoria de la duplicació simple del genoma. En comptes d’haver-se duplicat en el moment en què els llevats van passar a tenir el doble de cromosomes, les dades indicaven que els gens duplicats havien començat a divergir molt abans. Aquest resultat va donar la clau a la possibilitat d’una hibridació entre espècies. En aquest cas, els gens que s’ajunten són diferents i, per tant, la seva divergència precedeix a la duplicació de la dotació cromosòmica que també resulta d’aquest procés.

La hipòtesi de la hibridació té grans implicacions sobre com interpretem l'origen i evolució dels genomes duplicats. En primer lloc, ens explica que no cal invocar canvis massius i ràpids per originar noves funcions a partir de les seqüències duplicades. La hibridació combina, des del primer dia, propietats dels dos llinatges parentals i obre la porta a noves oportunitats ecològiques i evolutives.

La seva proposta es veu reforçada quan comprovem que el nombre de duplicacions de genoma és molt més gran en plantes cultivades. *“Caldria estudiar si les duplicacions de genomes en altres espècies també amaguen hibridacions però, per exemple, en plantes cultivades semblar clar que ens trobaríem davant d'una situació molt similar. Tradicionalment el sistema de cultivar una planta i de millorar-ne la seva producció passar per forçar hibridacions”* comenta Gabaldón.

Mirar el genoma dels eucariotes de fa 100 milions d'anys ens acaba d'obrir una nova porta cap al coneixement del genoma en general i dels mecanismes evolutius que existeixen per guanyar diversitat i adquirir noves funcions. Aquest treball, desafiant i innovador té força implicacions sobre com interpretem les conseqüències funcionals i evolutives de la duplicació dels genomes. Alhora, és una mostra de la importància de la recerca bàsica per la comprensió dels genomes, l'evolució i la diversitat.

**Article de referència:** 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. 7<sup>th</sup> August 2015.

**Per a més informació i entrevistes:**

Centre de Regulació Genòmica (CRG) – Oficina de Premsa - Laia Cendrós  
eCorreu: [laia.cendros@crg.eu](mailto:laia.cendros@crg.eu) Tel. +34 93 316 0237 – Mòbil +34 607 611 798