

## La herencia genética de humanos, gusanos y moscas, clave para el funcionamiento celular

Identifican grupos de genes que se expresan conjuntamente en las tres especies

Estos genes serían imprescindibles para el buen funcionamiento de las células

El estudio de Yale y del Centro de Regulación Genómica se publica en *Nature*



Ampliar foto

Recreación de una estructura de ADN. THINKSTOCK

### Noticias relacionadas

[Crean una tecnología que permitirá hacer modificaciones 'a la carta' del genoma](#)

[Un estudio reduce el genoma humano a 19.000 genes, 1.700 menos de lo que se estimaba](#)

[España pone en marcha la segunda base de datos de genoma del mundo](#)

RTVE.ES

27.08.2014

Una investigación ha identificado **grupos de genes que trabajan juntos tanto en el hombre, el gusano y la mosca** y que serían imprescindibles para el buen funcionamiento de las células en cualquier organismo del reino animal. Se sabe desde hace ya muchos años que el [hombre comparte gran parte de sus genes con otros animales](#), pero es la primera vez que se comparan de forma tan minuciosa especies tan

distantes en la evolución.

El estudio, en el que han participado el [Centro de Regulación Genómica](#) (CRG) de Barcelona y la Universidad de Yale (EE.UU.) y que se publica este jueves en la revista [Nature](#), desvela **genes clave para comprender la biología de las células**

## Atajos de interés

<a href="#">Programación TV</a>	<a href="#">MotoGP 2014</a>
<a href="#">Vuelta a España 2014</a>	<a href="#">Clasificación Fórmula 1</a>
<a href="#">Dora la Exploradora</a>	<a href="#">Lab RTVE.es</a>
<a href="#">Peppa Pig</a>	<a href="#">Virus del ébola</a>

**animales**, una especie de "mapa" que señala cuáles son las regiones más importantes del genoma para trabajos futuros.

Los investigadores han comparado el transcriptoma (todo el ARN -ácido ribonucleico- de una célula) en el gusano *C. elegans*, la mosca *D. melanogaster* y los humanos *H. Sapiens*. El resultado ha sido el descubrimiento de conjuntos de genes que se coexpresan en las tres especies, la mayoría de los cuales están **implicados en el desarrollo embrionario**, según explica en una nota el CRG.

Esto confirmaría la creencia de que todos los animales pasan por un mismo estadio durante el desarrollo (la llamada "hipótesis del rejoy de arena").

### Comparación de bases de datos de genomas

Los genomas acumulan cambios y mutaciones a lo largo de la evolución, que son los que han dado lugar a la gran diversidad de especies y que son los responsables de las diferencias que existen entre cada uno de nosotros. Sin embargo, las **células animales**, sean de la especie que sean, **tienen un funcionamiento básico muy parecido**. Los mecanismos moleculares son los mismos para que una célula funcione correctamente.

Sobre esta premisa, un consorcio internacional ha comparado las secuencias del ARN de las células de estas tres especies animales, usando para ello la [Encyclopedia of DNA Elements](#) (ENCODE), que cuenta con información sobre el genoma humano, y el [Model Organism ENCODE](#) (mod-ENCODE), que incluye los datos sobre la mosca y el gusano.

Los investigadores han realizado **575 experimentos de secuencias de ARN de diferentes tejidos y en diferentes condiciones**.

### "Mapa de las regiones más importantes del genoma"

"Hemos encontrado un conjunto de **genes que están expresados al mismo tiempo en los tres animales implicados en el desarrollo embrionario**. Parecen muy importantes porque son animales muy distantes en la evolución", explica a RTVE.es Sarah Djebali, coautora de este trabajo e investigadora del Centro de Regulación Genómica.

Djebali destaca la importancia de este trabajo porque "es la primera vez que especies tan distantes se comparan de forma tan minuciosa" y porque el trabajo ofrece un "mapa de las regiones más importantes del genoma que **orientará a la comunidad**

**científica** en futuros trabajos de investigación relacionados con el **funcionamiento básico de la célula y, por extensión, con la aparición de enfermedades**", según la nota del CRG.

Esta investigadora insiste en que se trata de una investigación de ciencia básica que podrá ser ahora utilizada por otros investigadores para entender mejor el funcionamiento de las células y su aplicación en el estudio de enfermedades, aunque esta no será inmediata.

El CRG destaca que esta investigación es "un ejemplo más de cómo la bioinformática contribuye de forma crucial en la investigación biomédica ofreciendo, en este caso, directrices sobre qué regiones son las más importantes para comprender la biología de la célula y poder, a la larga, **utilizar esta información para curar enfermedades**".

Los investigadores han observado también que las tres especies (hombre, mosca y gusano) cuentan con una proporción similar de transcripción ya sea de genes que sirven para producir proteínas (codificantes) como de no codificantes.

Comparando el estado del ADN y el ARN, los científicos también han sido capaces de **describir un modelo para predecir cuantitativamente los niveles de expresión de los genes** de la actividad del ADN. "Una especie de modelo universal para medir la actividad de los genes basado en un conjunto de parámetros que sirve independientemente del organismo que se esté estudiando", concluye el Centro de Regulación Genómica.

---

Más sobre: | [Ciencia y tecnología](#) | [Genética](#) | [Investigación biológica](#)