

Madrid, martes 21 de mayo de 2024

Un estudio del CSIC unifica la teoría de la genética con la ecología

- Un equipo de investigación demuestra que, al igual que ocurre en genética, existen reglas matemáticas que rigen el comportamiento de los ecosistemas
- Los resultados, publicados en la revista 'Cell', abren la puerta a numerosas aplicaciones en biotecnología



Las interacciones entre especies en los ecosistemas pueden estudiarse con modelos estadísticos. / Pexels

Las comunidades microbianas desempeñan funciones fundamentales tanto en entornos naturales como biotecnológicos. Para conocer cómo afecta la inclusión de un organismo a la comunidad no basta con saber si este desempeñará o no una función determinada,

es necesario identificar de forma cuantitativa y precisa las interacciones óptimas entre los organismos y su entorno. Un trabajo liderado por el Instituto de Biología Funcional y Genómica ([IBFG-CSIC-USAL](#)), centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad de Salamanca (USAL), ha demostrado que estas interacciones entre especies pueden estudiarse utilizando el mismo tipo de modelos estadísticos que han servido para entender y predecir interacciones entre genes. Los resultados, publicados en la revista [Cell](#), abren la puerta a numerosas aplicaciones en biotecnología.

“Las múltiples funciones de las comunidades microbianas surgen de una compleja red de interacciones entre los organismos y su entorno. Esto dificulta nuestra capacidad para predecir y aprovechar el potencial de los microorganismos para aplicaciones biotecnológicas”, señala **Juan Diaz-Colunga**, primer autor del artículo e investigador del IBFG-CSIC-USAL. Por ello, el equipo de investigación formó cientos de ecosistemas microbianos artificiales con el fin de explicar la relación entre las especies que forman un ecosistema y sus propiedades.

En el trabajo se han empleado modelos predictivos que reflejan los patrones de “epistasis global” (circunstancia por la que la expresión de un gen se modifica debido a la expresión de otros genes) de los que se tiene constancia en genética. Estos modelos, trasladados a los ecosistemas, permiten la interpretación cuantitativa de la función ecológica en términos de interacciones por pares entre los miembros de la comunidad.

“Podríamos decir que el “juego” entre genes y el “juego” entre especies tiene las mismas reglas, al menos desde un punto de vista matemático. Si gracias a estos modelos somos capaces de hacer ingeniería genética, también deberíamos ser capaces de hacer ingeniería ecológica: diseñar comunidades completas que realicen eficientemente tareas importantes en biotecnología”, apunta Diaz-Colunga.

El hallazgo tiene implicaciones prácticas muy importantes, como destaca **Álvaro Sánchez**, también autor del estudio y científico del IBFG-CSIC-USAL: “Nuestros resultados abren una vía inexplorada para predecir cuantitativamente la función de los consorcios microbianos a partir de su composición. Esto allana el camino para predecir la función biológica a muchas escalas, desde genes y organismos hasta ecosistemas”.

Juan Diaz-Colunga, Abigail Skwara, Jean C. C. Vila, Djordje Bajic, Alvaro Sanchez. **Global epistasis and the emergence of function in microbial consortia**. *Cell*. DOI: [10.1016/j.cell.2024.04.016](#)

CSIC Comunicación

comunicacion@csic.es