

Madrid, viernes 03 de febrero de 2012

La asociación entre genes se remonta a hace 600 millones de años

- **Una investigación del CSIC ha detectado regiones reguladoras de un gen inmersas en un gen adyacente**
- **La mayoría de los organismos bilaterales actuales presentan esta relación genética originada en su ancestro común**
- **Estos animales se caracterizan por tener un lado derecho y uno izquierdo, como los humanos y las moscas, entre otros**

La mayor parte de los organismos bilaterales existentes en la actualidad presentan una misma pareja de genes adyacentes en su genoma, según ha descubierto una investigación liderada por el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC). Estos genes exhiben una asociación entre ellos, ya que algunas regiones reguladoras de uno se encuentran en parte del ADN no codificante (intrones) del otro.

Todos los organismos que poseen esta asociación proceden de un mismo ancestro común, lo que sitúa su origen hace 600 millones de años, cuando surgieron las especies bilaterales. Este tipo de especies presentan un lado izquierdo y uno derecho, a diferencia de los primeros organismos de estructura radial, como las esponjas y las estrellas de mar.

Los resultados, publicados en la revista *Genome Research*, proceden del análisis de 39 genomas secuenciados de los que se dispone en la actualidad. Entre ellos destacan el del pez cebra (*Danio rerio*), la mosca del vinagre (*Drosophila melanogaster*), el gusano (*Caenorhabditis elegans*) y el humano (*Homo sapiens*).

En la mayoría de ellos, el gen *iroquois*, que está implicado en procesos esenciales durante la construcción de los organismos durante el desarrollo, contiene un gran número de regiones reguladoras que se extienden a los intrones (ADN basura) del gen vecino, llamado *sowah*. Esta es la asociación genética más antigua descrita hasta la fecha.

Según el investigador del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo del CSIC José Luis Gómez-Skarmeta, "no es posible que todos ellos presenten esta característica de

forma casual, debe tratarse de un rasgo heredado que ha permanecido invariable en la mayoría de ellos”.

Entre los ejemplos analizados, la investigación ha detectado cómo esta asociación se pierde a medida que avanza la escala evolutiva. “Curiosamente, en vertebrados, el gen *sowah* no se encuentra en la vecindad de los genes *iroquois*”, indica Gómez-Skarmeta. Esto demuestra que durante el origen de dicho grupo de especies, este gen se duplicó en otra región del genoma y perdió todos sus intrones ya que no contenían información relevante para su expresión. De hecho, Gómez-Skarmeta explica: “En el genoma del tiburón elefante (*Callorhynchus mili*) aún hay restos de *sowah* involucrados con *iroquois*, por lo que vemos como esta relación se ha ido borrando poco a poco”.

El trabajo ha sido coliderado por el equipo del investigador de la Universidad de Barcelona Jordi García-Fernández. También ha contado con la participación un equipo de investigación del Centro de Biología Molecular Severo Ochoa del CSIC dirigido por Sonsoles Campuzano y otro de la Universidad Nacional de Singapur liderado por Byrappa Venkatesh.

Ignacio Maeso, Manuel Irimia, Juan J. Tena, Esther González-Pérez, David Tranm Vydianathan Ravi, Byrappa Venkatesh, Sonsoles Campuzano, José Luis Gómez Skarmeta and Jordi García-Fernández. **An ancient genomic regulatory block conserved across bilaterians and its dismantling in tetrapods by retrogene replacement.** *Genome Research*. DOI: 10.1101/gr.132233.111