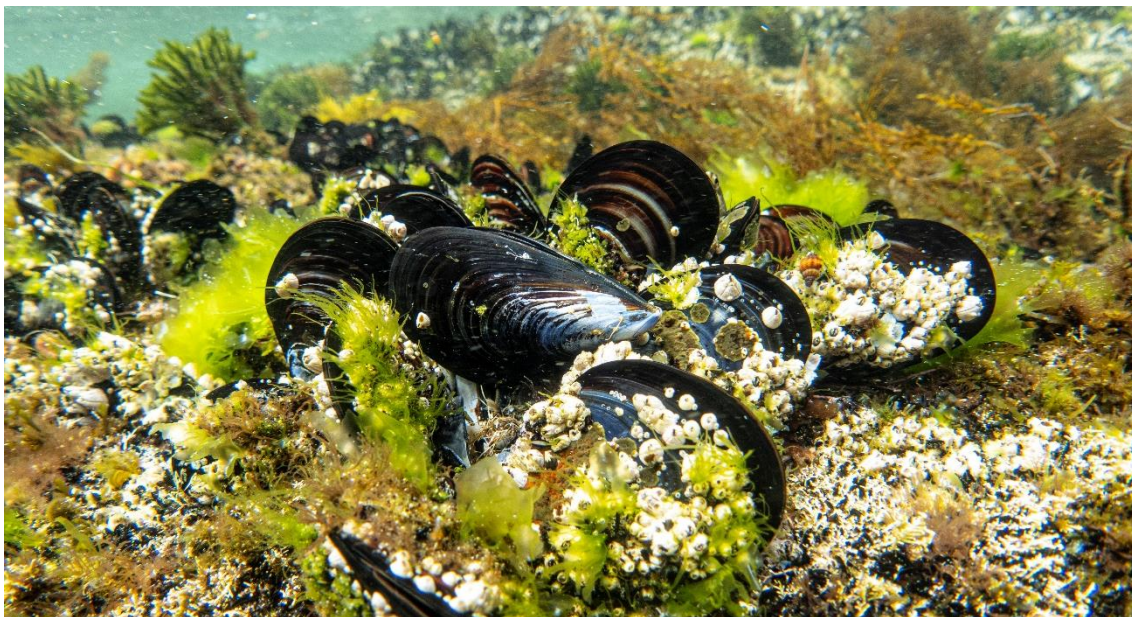




Madrid, miércoles 11 de noviembre de 2020

La secuenciación del genoma del mejillón revela un sistema de genes que podría explicar su gran resistencia

- Investigadores del CSIC y la Universidad de Vigo han liderado la identificación de los 65.000 genes, más del doble que los del ser humano, de este “superorganismo marino”
- Un alto porcentaje de “genes prescindibles”, que no se encuentra en todos los individuos, está relacionado con la supervivencia, lo que explicaría su capacidad de adaptación
- Además de su interés comercial, esta especie cuenta con moléculas que tienen actividad antibacteriana y antivírica



El genoma del mejillón se basa en un sistema integrado por unos 15.000 genes prescindibles relacionados con funciones de supervivencia. / MANUEL GARCÍA BLANCO/ IIM-CSIC

Un equipo coordinado por científicos del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universidad de Vigo ha secuenciado el genoma completo del mejillón mediterráneo (*Mytilus galloprovincialis*), una investigación que, además de revelar que

la especie contiene 65.000 genes, más del doble que los del ser humano, ha sacado a la luz algunas claves para comprender la enorme capacidad de adaptación y resistencia al estrés de este “superorganismo marino”. El trabajo, [publicado en la revista *Genome Biology*](#) y del que se ha hecho eco la revista *Science*, ha desvelado una arquitectura genómica totalmente inusual para un animal. Este sistema está basado en genes que comparten todos los individuos de la especie y en aproximadamente un 20% de “genes prescindibles”, que no son compartidos por todos y que están relacionados con funciones de supervivencia. Este conocimiento podría ser aplicado, por ejemplo, en el diseño de nuevos tratamientos frente a enfermedades.

Los mejillones están constantemente expuestos a una amplia gama de microorganismos potencialmente patógenos y otros contaminantes, ya que se alimentan por filtración. Sin embargo, muestran una elevada resistencia, a diferencia de otros bivalvos. Asimismo, contienen una gran cantidad de péptidos antimicrobianos, moléculas con actividad antibacteriana que además protegen frente a virus de distintas especies, incluidos algunos humanos.

Los investigadores han ensamblado un genoma de referencia del mejillón *Mytilus galloprovincialis* de 1,28 gigabytes de tamaño (el del ser humano es de 3,3 gigabytes) y han hallado que este bivalvo tiene aproximadamente 65.000 genes, mientras que el ser humano tiene 30.000. Además, han secuenciado el genoma de otros 14 individuos de dos poblaciones independientes de Galicia e Italia.

“Hemos descubierto que el genoma del mejillón es un pangenoma, compuesto de un conjunto central de 45.000 genes más unos 15.000 genes prescindibles. Estos están sujetos a variaciones de presencia o ausencia de genes, lo que significa que pueden faltar por completo en algunos individuos”, explica el investigador del CSIC y corresponsable del proyecto, **Antonio Figueras**, que trabaja en el Instituto de Investigaciones Marinas (IIM-CSIC), en Vigo.

Por su parte, **David Posada**, investigador de la Universidad de Vigo y coautor principal de la investigación junto a Figueras, señala que “este tipo de arquitectura genómica es un fenómeno nuevo en animales. Que un animal tenga un 20% distinto su genoma que otro de su misma especie es realmente inaudito. Al principio pensamos que era un error, pero al final pudimos comprobar que era cierto”.

Este trabajo ha contado también con la labor clave de científicos de la Universidad de Trieste, con **Marco Gerdol** como primer autor, y la Universidad de Padua (ambas en Italia); el Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF), y el Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG-CRG), cuyos científicos, con **Tyler Allio** y **Marta Gut** al frente, han coordinado el ensamblaje y la secuenciación del genoma.

Un valor adaptativo

Un pangenoma contiene un conjunto de genes centrales presentes en todos los individuos de la misma especie, fundamentales para la supervivencia, y genes prescindibles, que solo se encuentran en un subconjunto de los individuos y generalmente tienen funciones accesorias. Además, los genes prescindibles suelen

pertenecer a familias de genes “jóvenes” expandidas recientemente, que se han especializado en funciones de supervivencia, lo que podría ser la clave para explicar la capacidad de recuperación e invasión del mejillón.

“Esta resistencia a condiciones medioambientales adversas, que incluso llega a conferirle al mejillón la denominación de especie invasora, se podría explicar por las características que hemos descubierto en el genoma. Es posible que la arquitectura pangénómica del genoma del mejillón proporcione una ventaja selectiva para su población”, subraya **Figueras**.

“Creemos, tras analizar las funciones de esos genes, que es una estrategia evolutiva que les permite adaptarse a todo tipo de circunstancias. Los mejillones son unos bichos durísimos; prácticamente no hay ningún sitio con clima templado donde no haya mejillones”, indica **Posada**.

Primer pangenoma en animales

Esta investigación supone la primera descripción de un pangenoma en un animal (metazoo), así como la existencia de un fenómeno masivo de ausencia y presencia de genes en este reino, algo que solo se había descubierto en microorganismos y de forma ocasional en plantas, microalgas y hongos.

En las bacterias, los genes prescindibles proporcionan ventajas evolutivas que mejoran la capacidad de migrar a nuevos nichos ecológicos y proporcionan una contribución significativa a la variación fenotípica de las plantas. “Creemos que las funciones asociadas a los 15.000 genes prescindibles del mejillón suponen también un recurso invaluable para esta especie”, indica el investigador del CSIC.

La secuenciación del genoma del mejillón también ha permitido a los científicos profundizar más en la elevada variabilidad de las secuencias de las moléculas antimicrobianas que contienen. A nivel práctico, este conocimiento permitirá a los científicos entender cómo funcionan estas moléculas y su diversidad. “Este trabajo permitirá desarrollar herramientas genómicas que puedan servir en el futuro para protegerlos de posibles enfermedades, o para mejorar su producción y calidad”, explica el investigador de la Universidad de Vigo.

El mejillón es el de mayor producción en la acuicultura de España (nuestro país es el segundo productor mundial después de China) y de los más importantes de Europa, alcanzando regularmente las 250.000 toneladas anuales. Se produce prácticamente en su totalidad en Galicia, un cultivo que se lleva a cabo en balsas flotantes o bateas ordenadas en polígonos, cuya disposición y número están controlados por las autoridades autonómicas.

Marco Gerdol et Al. **Massive gene presence/absence variation shapes an open pan-genome in the Mediterranean mussel**. *Genome Biology*. DOI: [10.1186/s13059-020-02180-3](https://doi.org/10.1186/s13059-020-02180-3)