

Madrid / Barcelona, martes 26 de noviembre de 2013

## **La creciente complejidad de los factores de transcripción hizo posible la evolución de los seres vivos**

- **Un estudio con participación del CSIC analiza la evolución de los factores de transcripción en genomas eucariotas**
- **Ha sido publicado en la revista ‘Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)’**

Un estudio el que ha participado el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) revela que la creciente complejidad de los factores de transcripción permitió la evolución de los seres vivos y su paso de organismos unicelulares a pluricelulares. Este trabajo, publicado en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*, analiza la evolución de los factores de transcripción en una gran variedad de genomas eucariotas.

Los factores de transcripción juegan un papel fundamental en el desarrollo de los organismos. Son proteínas que se unen al ADN y activan o reprimen la expresión de genes. Según este trabajo, las plantas y los animales tienen el repertorio más complejo de factores de transcripción. “El éxito evolutivo y la gran diversidad de animales y plantas puede ser en buena parte debido a la adquisición de una gran complejidad en el control transcripcional. A mayor complejidad en los factores de transcripción, mayor complejidad en la maquinaria transcripcional y mayor control de la expresión de genes”, explica Iñaki Ruiz-Trillo, investigador del Instituto de Biología Evolutiva, centro mixto del CSIC y la Universidad Pompeu Fabra.

Según el estudio, este fenómeno podría deberse al hecho de que las plantas y los animales tienen un desarrollo embrionario complejo, lo que requiere un control muy estricto y, por tanto, más factores de transcripción.

Además, los investigadores han analizado cómo cambian los factores de transcripción a lo largo del desarrollo. “En los animales vemos que los factores de transcripción se expresan más durante el desarrollo y menos cuando son adultos. En cambio, en las plantas los factores de transcripción siguen activos a lo largo de etapas posteriores al desarrollo inicial, probablemente porque la formación de nuevas estructuras continúa en la fase adulta”, añade Ruiz-Trillo.

Alex de Mendoza, Arnau Sebé-Pedrós, Martin Sebastijan Sestak, Marija Matejic, Guifré Torruella, Tomislav Domazet-Loso, and Iñaki Ruiz-Trillo. **Transcription factor evolution in eukaryotes and the assembly of the regulatory toolkit in multicellular lineages**. PNAS. DOI: 10.1073/pnas.1311818110