

Madrid, martes 31 de agosto de 2021

Cambios graduales frente a mutaciones en genes clave, responsables de la formación de nuevas especies en anfibios

- Un estudio con participación del CSIC aporta datos sobre uno de los enigmas del origen de las especies
- El trabajo compara datos de más de 40 zonas de hibridación de ranas y sapos con diversos grados de diferenciación genética



Ejemplares de *Pelodytes punctatus*, (izq.) y *Bombina variegata* (dcha.). / I. Martínez-Solano.

¿Cómo se forman dos nuevas especies a partir de las poblaciones de una misma especie original? Esta pregunta ha intrigado a los biólogos evolutivos desde los tiempos de Darwin. Según algunas investigaciones, se trata de un proceso relativamente rápido dirigido por mutaciones en unos pocos genes con funciones en aspectos clave como la reproducción o la supervivencia. Según otras, se trata de un proceso gradual y mayoritariamente aleatorio de acumulación de diferencias en muchos genes repartidos por los genomas de las dos especies nacientes a lo largo de mucho tiempo. Los resultados del estudio en el que participa el [Museo Nacional de Ciencias Naturales](#) (MNCN-CSIC), del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), apoyan la hipótesis del origen gradual, resolviendo uno de los enigmas que rodea la especiación o formación de especies. El trabajo se publica en la revista [*Proceedings of the National Academy of Sciences \(PNAS\)*](#).

En la hipótesis que defiende la especiación como un proceso rápido, la hibridación, es decir, la reproducción entre las especies que se están diferenciando, representaría una desventaja para la descendencia debido a la naturaleza intermedia de los híbridos, que haría que se encuentren peor adaptados a las condiciones en que se desarrollan las especies parentales. De este modo, a partir del momento en que se produce la divergencia por mutación de estos genes clave, las dos especies incipientes mantienen las características que las diferencian y siguen acumulando cambios en casi total aislamiento reproductor.

“Frente a esta hipótesis, hay estudios que defienden que la especiación es un proceso gradual y mayoritariamente aleatorio de acumulación de diferencias en muchos genes repartidos por los genomas de las dos especies nacientes a lo largo de mucho tiempo”, explica **Íñigo Martínez-Solano**, investigador del MNCN-CSIC. “Cuando dos poblaciones de una especie permanecen aisladas durante millones de años sus genes acumulan mutaciones diferentes y se van haciendo reproductivamente incompatibles de manera progresiva. Con el tiempo, si estas poblaciones vuelven a entrar en contacto, las incompatibilidades genéticas causan efectos negativos sobre el desarrollo y la fertilidad de los híbridos, dando lugar a dos especies diferentes con trayectorias evolutivas independientes”, continúa.

Estudio de 41 zonas híbridas

“Lo que hicimos fue poner a prueba ambas hipótesis estudiando 41 zonas híbridas correspondientes a la mayor parte de géneros de ranas y sapos europeos. Las zonas híbridas son áreas ocupadas por múltiples pares de especies de anfibios con diversos grados de diferenciación genética donde entran en contacto y se reproducen entre sí, formando híbridos”, apunta el investigador. Mediante el empleo de miles de marcadores genéticos repartidos por todos sus genomas para caracterizar estos híbridos, el equipo ha podido cuantificar el grado de divergencia genética necesario para reducir la hibridación entre especies y el número de genes implicados en este proceso.

“Los resultados apoyan claramente la hipótesis del origen gradual de las especies de anfibios estudiadas. El aislamiento reproductivo entre especies evoluciona de manera gradual a partir de la acumulación de genes-barrera, cuyo efecto individual es pequeño pero que, acumulados a lo largo de amplios períodos de tiempo, terminan por causar problemas serios que afectan a la supervivencia y fertilidad de los individuos híbridos”, afirma Martínez-Solano.

En una fase inicial del proceso, las nuevas especies se forman a partir de la acumulación de mutaciones repartidas por todo el genoma, no sólo en algunos genes clave. Esta acumulación de diferencias hace que progresivamente los genomas de las especies nacientes se vayan haciendo incompatibles. En esta fase inicial, los eventos de hibridación pueden ser aún frecuentes, ya que las dos especies suelen mantener similitudes en sus rasgos externos, su comportamiento o su ecología. Pero más adelante terminarán por diferenciarse también en estos aspectos, lo que contribuirá a evitar los cruces híbridos en las áreas donde las dos especies coexisten y a mantener por tanto su integridad genética como especies bien diferenciadas.

“Gracias a los análisis sobre el terreno, hemos comprobado que en las especies que se encuentran en las fases iniciales de su formación pueden mezclarse sin problemas a lo largo de amplias áreas geográficas, como ocurre, por ejemplo, en las subespecies del sapillo moteado común, *Pelodytes punctatus*, que entran en contacto en Cataluña. Sin embargo, millones de años más tarde, la acumulación de mutaciones en los genomas de las dos especies nacientes hace que estos ya no sean compatibles, lo que tiene como resultado su aislamiento reproductivo, como en el caso de los sapillos de vientre de fuego, del género *Bombina*, en los Cárpatos”, ejemplifica Martínez Solano.

Estos resultados permiten definir y aplicar criterios objetivos para la clasificación y delimitación de especies de anfibios a partir del estudio de los patrones de hibridación en sus zonas de contacto, lo que representa también un importante avance con implicaciones para la conservación de este amenazado grupo.

Dufresnes C, Brelihsford A, Jeffries DL, Mazepa G, Suchan T, Canestrelli D, Nicieza A, Fumagalli L, Dubey S, Martínez-Solano I, Litvinchuk SN, Vences M, Perrin N, Crochet P-A. Mass of genes rather than master genes underlie the genomic architecture of amphibian speciation. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*. DOI: 10.1073/pnas.2103963118

MNCN Comunicación / CSIC Comunicación