

Madrid, martes 16 de agosto de 2011

Identifican las secuencias de ADN no codificante más antiguas que se conocen

- Una de ellas se encuentra presente desde los parientes de los corales a los seres humanos
- Durante el estudio, publicado en *PNAS*, se han realizado ensayos en organismos como erizos de mar, moscas de la fruta y peces cebra

Un estudio en el que ha participado el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha identificado las secuencias de ADN no codificante más antiguas que se conocen, algunas de las cuales están presentes tanto en humanos como en parientes de los corales. La comparación de los genomas de múltiples animales, distribuidos por las ramas del árbol de la vida, ha desvelado que no sólo las proteínas que nos construyen, sino también algunas de las instrucciones de cómo y dónde usarlas estaban presentes en nuestros ancestros desde hace más de 550 millones de años. El estudio ha sido publicado en el último número de la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*.

“Desde hace más de 500 millones de años la evolución ha ido seleccionando formas de combinar proteínas, de forma que los órganos y su fisiología han ido cambiando a través de generaciones, dando lugar a todos los tipos de animales que viven hoy o que existieron en el pasado. Por esta razón, uno de los objetivos de la investigación contemporánea en biología está en comprender esa combinatoria, su mecanismo y su evolución”, explica el investigador del CSIC José Luis Gómez-Skarmeta, del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo.

Sólo el 5% del ADN de los vertebrados es codificante. Esto quiere decir que sólo una pequeña parte del genoma contiene genes capaces de generar ARN que sirva de mensajero entre el ADN y los mecanismos que se encargan de elaborar proteínas. El 95% restante de ADN no codificante ha recibido durante muchos años el nombre de ADN basura.

“De las proteínas procedentes de ese 5%, sólo una parte, los denominados factores de transcripción, se encargan de controlar la expresión de otros genes, es decir, la producción de todas las herramientas del genoma. Así, cada tipo celular, por ejemplo

una neurona, expresa un conjunto de factores de transcripción que, regulando la expresión del genoma, hace que la neurona produzca todo lo que la hace funcionar como tal”, señala el investigador del CSIC Fernando Casares, también del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo.

Pistas para entender el pasado

El ADN no codificante, “injustamente calificado como ADN basura”, según los investigadores, contiene las regiones reguladoras que son las que controlan cuándo, cómo, en qué cantidad y dónde se debe generar ARN a partir de ADN, un proceso que se denomina transcripción genética.

“Estas regiones reguladoras son secuencias de ADN que actúan como pistas de aterrizaje molecular para las combinaciones de factores de transcripción. Cada tipo celular, a lo largo de su diferenciación, expresa combinaciones distintas. Si la pista está disponible y la combinación específica está presente en la célula, los factores de transcripción ‘aterrizarán’. De esta forma, se producirán ciertas proteínas y otras no. Por ello, estas regiones reguladoras guardan la clave para entender el pasado, el presente y, quizá, el futuro de las células de un organismo”, apuntan los investigadores del CSIC.

Durante la investigación se realizaron ensayos en distintos organismos, como erizos de mar, moscas de la fruta y peces cebrá, que demostraron que una de las secuencias de ADN no codificante identificadas inducía a la expresión de neuronas en proceso de diferenciación en todos estos organismos. “Si las herramientas son, en gran medida, universales, la evolución de los organismos ha de estar basada, también en gran medida, en cambios en la combinación de factores de transcripción y de las secuencias reguladoras a las que se unen. Si los humanos tenemos un mecanismo que también poseen los corales, probablemente también lo tuvieron nuestros ancestros comunes hace cientos de millones de años”, concluye Gómez-Skarmeta.

En la investigación han participado el Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, centro mixto del CSIC, la Universidad Pablo de Olavide y la Junta de Andalucía, la Universidad de Barcelona y el Instituto de Tecnología de California.

José Luis Royoa, Ignacio Maesob, Manuel Irimiab, Feng Gaoc, Isabelle S. Peterc, Carla S. Lopesa, Salvatore D’Aniello, Fernando Casaresa, Eric H. Davidsonc, Jordi Garcia-Fernándezb, José Luis Gómez-Skarmeta. Transphyletic conservation of developmental regulatory state in animal evolution. *Proceedings of the National Academy of Sciences (PNAS)*. DOI: 10.1073/pnas.1109037108