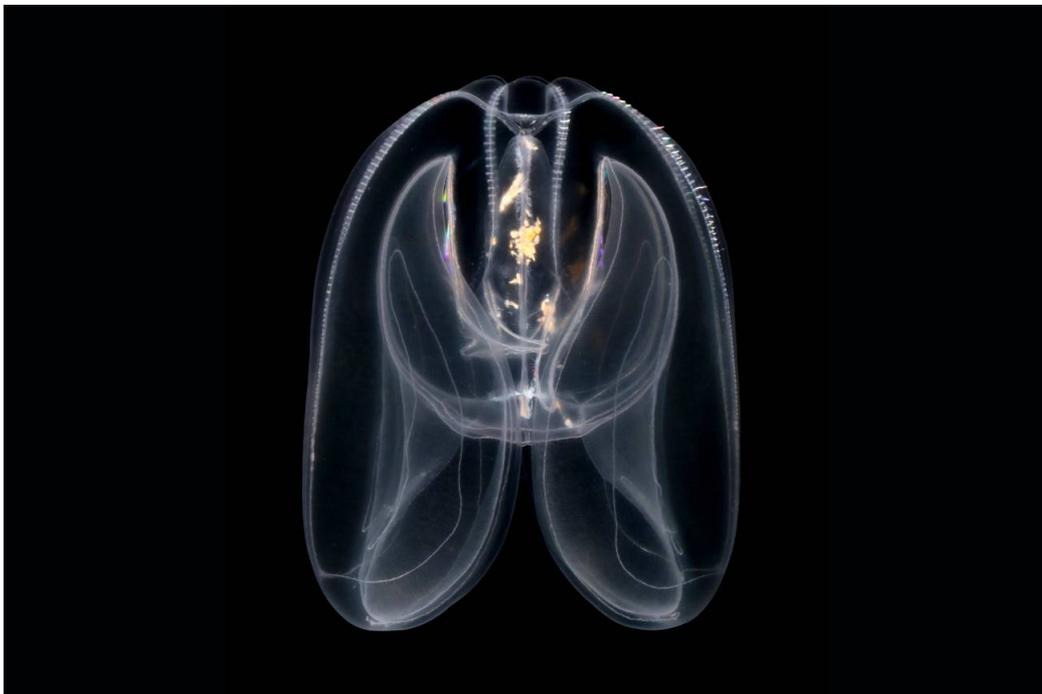


Las medusas peine revelan el origen primitivo de la regulación genómica de los animales

Un nuevo estudio ha encontrado que la capacidad de controlar genes a través de larga distancia evolucionó unos 150 millones de años antes de lo que se creía. Este descubrimiento podría aportar nuevas pistas sobre los principios fundamentales que gobiernan nuestras células.

SINC

7/5/2025 17:00 CEST



Las medusas peine (*Mnemiopsis leidy*) estudiadas que ayudaron a revelar los orígenes de la regulación distal / CRG | Joan-Josep Soto Ángel

La vida depende de la activación y la desactivación de los genes en un momento específico. Esto ocurre incluso en los seres vivos más simples, pero generalmente en distancias cortas a través de la **secuencia de ADN**, con el interruptor de encendido o apagado colocado justo al lado de un gen. Este tipo de regulación genómica es básico y probablemente tan antiguo como la vida en la Tierra.

Un nuevo estudio publicado hoy en *Nature* por un equipo del Centro de Regulación Genómica (CRG) y del Centro Nacional de Análisis Genómico

(CNAG), ambos en Barcelona, ha descubierto que la capacidad de controlar genes desde más lejos, a través de muchas decenas de miles de letras de ADN, evolucionó hace **entre 650 y 700 millones de años**. Probablemente apareció en los inicios de la evolución de los animales, unos 150 millones de años antes de lo que se creía.

El control genético a larga distancia, o regulación distal, se basa en el **plegamiento físico del ADN** y las proteínas en bucles sofisticados. Esto permite que regiones alejadas del punto de partida de un gen activen su función. Es una capa adicional de control que probablemente ayudó a los primeros animales multicelulares a construir tipos de células y tejidos especializados sin tener que inventar nuevos genes.

El comienzo de la regulación genómica

Es probable que la innovación crítica se originara en una criatura marina, en el **ancestro común** de todos los animales existentes. El animal desarrolló la capacidad de plegar el ADN de manera controlada, creando bucles en el espacio tridimensional que ponían en contacto directo fragmentos de ADN lejanos entre sí en un plano bidimensional.

El control genético a larga distancia, o regulación distal, se basa en el plegamiento físico del ADN y las proteínas en bucles sofisticados

“Esta criatura podría reutilizar su conjunto de herramientas genéticas de diferentes maneras de forma similar a una **navaja suiza**, lo que le permitiría refinar y explorar estrategias de supervivencia **innovadoras**. No esperábamos que esta capa de complejidad fuera tan antigua”, afirma la Dra. Iana Kim, coautora del estudio e investigadora del Centro de Regulación Genómica (CRG) y el Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG).

El descubrimiento fue posible gracias a la exploración de los genomas de muchas de las ramas más antiguas del árbol genealógico de los

animales, incluidas las medusas peine como la 'nuez de mar' (*Mnemiopsis leidyi*), los placozoos, los cnidarios y las esponjas. También se estudiaron parientes **unicelulares** que no son animales, pero que comparten un ancestro común.

"Se puede descubrir una gran cantidad de biología nueva observando extrañas criaturas marinas. Hasta ahora, habíamos estado comparando secuencias genómicas, pero gracias a **nuevos métodos** ahora podemos analizar qué mecanismos de regulación génica controlan la función del genoma en todas las especies", explica **Arnau Sebe Pedrós**, coautor principal del y líder del grupo en el CRG.

El análisis mostró que la medusa peine tenía más de cuatro mil bucles en todo el genoma.

El equipo utilizó una técnica llamada Micro-C para mapear cómo el ADN se pliega físicamente dentro de las células de cada una de las 11 especies diferentes que estudiaron. A escala, cada núcleo de célula humana contiene unos dos metros de ADN. Examinaron 10 000 millones de datos de secuenciación para construir el mapa del genoma en 3D de cada especie en detalle.

Si bien no hubo evidencia de regulación distal en los parientes unicelulares de los animales, los animales no bilaterales, como las medusas peine, los placozoos y los cnidarios, tenían muchos bucles. *Mnemiopsis leidyi* tenía más de cuatro mil bucles en todo el genoma.

El hallazgo es sorprendente dado que su genoma tiene alrededor de 200 millones de letras de ADN. En comparación, el **genoma humano** tiene 3 100 millones de letras y nuestras células pueden tener decenas de miles de bucles.

Un cambio paradigmático

Hasta ahora, se pensaba que la regulación distal había aparecido por primera vez en el último ancestro común de los animales bilaterales, un

grupo de muchos tipos diferentes de animales que apareció por primera vez en la Tierra hace unos 500 millones de años.

Sin embargo, las medusas peine descienden de formas de vida que divergieron temprano de otros linajes de animales hace unos 650 o 700 millones de años. Que las medusas peine sean **más antiguas** que las esponjas en el árbol de la vida sigue siendo un debate en círculos de biología evolutiva, pero el estudio demuestra que la regulación distal surgió al menos ciento cincuenta millones de años antes de lo que se creía.

Que las medusas peine sean más antiguas que las esponjas en el árbol de la vida sigue siendo un debate en círculos de biología evolutiva

La investigación hizo otro descubrimiento sorprendente. Muchos animales son vertebrados. En sus células, los bucles están controlados por **CTCF**, una proteína arquitectónica que define los límites y compartimenta los genes en diferentes vecindarios locales. Es una unidad fundamental de la arquitectura genómica en mamíferos, aves, reptiles, anfibios y peces.

Sin embargo, los genomas de los animales no bilaterales no codifican ninguna proteína equivalente a la CTCF. En cambio, los autores descubrieron que las medusas peine usan una **proteína arquitectónica diferente** que pertenece a la misma familia estructural. El descubrimiento rompe la suposición de que la regulación genómica distal avanzada requiere CTCF.

“ *Ahora sabemos que se pueden utilizar dos proteínas diferentes para unir las piezas distales de ADN en el espacio formando un bucle* ”

Marc A. Marti-Renom (CRG y CNAG)

“Es impresionante que el mismo problema se haya resuelto con diferentes herramientas. Gracias a este trabajo, ahora sabemos que se pueden utilizar dos proteínas diferentes para unir las piezas distales de ADN en el espacio formando un bucle. ¿No es maravillosa la evolución?”, afirma **Marc A. Marti-Renom**, profesor de investigación y jefe de grupo del CNAG y del CRG.

Posibles aplicaciones

Al igual que las esponjas y las medusas peine, los humanos también están hechos de los mismos componentes básicos del ADN. Hoy en día, nuestros cuerpos dependen de la antigua innovación de la regulación distal para ayudar a crear diferentes tipos de células a partir del mismo ADN, produciendo de todo, desde células cerebrales hasta células inmunitarias. Cuando estos contactos no funcionan, pueden surgir **enfermedades**.

El análisis de la regulación distal en organismos antiguos revela el origen de la regulación genómica y aporta claves sobre el funcionamiento y las fallas del sistema celular, con posibles aplicaciones médicas

Al **rastrear la regulación** distal hasta animales que vivieron hace muchos cientos de millones de años, se puede comenzar a reconstruir cómo tomaron forma las primeras versiones de la regulación genómica, proporcionando nuevas pistas sobre los **principios fundamentales** que gobiernan nuestras células y cuerpos en la actualidad. Esto puede ayudarnos a comprender en qué puntos el sistema es sólido y dónde es propenso a fallar, lo que podría guiar nuevos conocimientos o terapias médicas.

Derechos: **Creative Commons**.

TAGS

ADN | EVOLUCIÓN | GENOMA | GENES | PROTEÍNA |

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)