

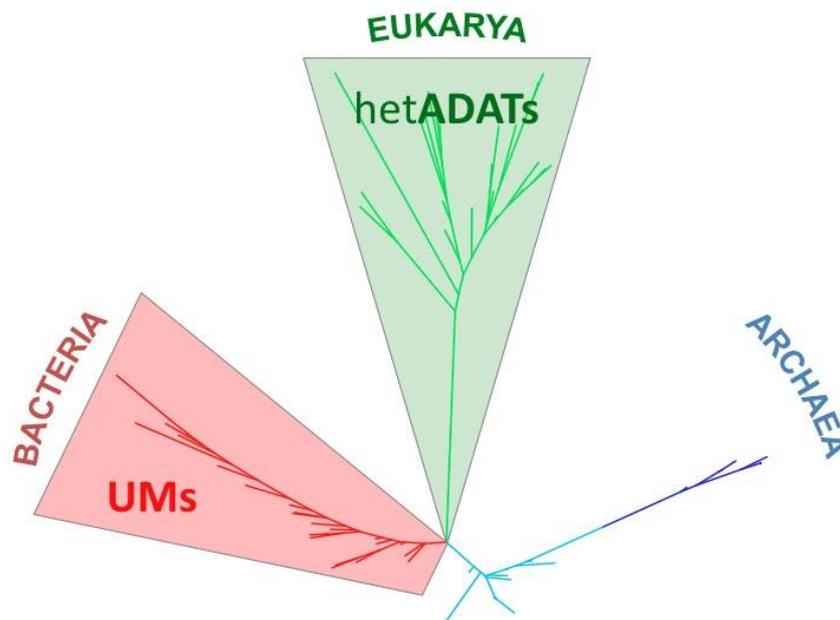
DIRIGIDO POR LLUÍS RIBAS DE POUPLANA, LO PUBLICA CELL, LA REVISTA DE MAYOR IMPACTO EN BIOLOGÍA

## Unas enzimas concretas favorecieron la separación de las especies

Los científicos han comparado los genomas de más de 500 organismos y señalan que la aparición de unas enzimas específicas para bacterias y eucariotas favoreció la separación de las especies. El trabajo es parte de la tesis doctoral de Eva Novoa, estudiante de la primera promoción del Programa Internacional de Doctorado en Biomedicina de "la Caixa" en el IRB Barcelona.

IRB Barcelona

29/3/2012 19:00 CEST



Árbol filogenético que separa a las especies analizadas según la composición de tRNAs de sus genomas en Archaea, Bacteria y Eukarya. El árbol muestra que la aparición de unos enzimas de modificación de tRNAs en dos de los dominios, UMs en Bacteria y hetADATs en Eukarya, ha sido un factor de presión evolutiva que ha contribuido a la separación de las especies. © imagen: Eva Novoa

Todas las especies de la tierra están divididas en tres grandes dominios: Archeobacterias -organismos similares a las bacterias que viven en

condiciones extremas-, Bacterias y Eucariotas -que incluye hongos, plantas y animales-. Desde el inicio de la vida hace más de 3.000 millones de años-, los genomas para cada grupo han ido cambiando continuamente y han evolucionado hacia estructuras diferentes que han favorecido su separación.

Un estudio liderado por el investigador ICREA en el Instituto de Investigación Biomédica (IRB Barcelona), Lluís Ribas de Pouplana, jefe de grupo del Laboratorio de Traducción Genética, halla una explicación a la evolución divergente de los genomas de las diferentes especies. La clave parece residir en la aparición y selección de unos enzimas nuevos y diferenciados para Bacterias y para Eucariotas, y que no tienen las Arqueobacterias.

La conexión entre la función de los enzimas y la composición de los genomas ofrece una nueva respuesta a la cuestión de la evolución del código genético y permite entender mejor las diferencias que se observan en los genomas de arqueobacterias, bacterias y eucariotas.

El artículo que se publica en *Cell* demuestra como los organismos han evolucionado de manera diferente para adaptarse mejor y tener una eficiencia de traducción de proteínas óptima. “No entendemos exactamente porqué aparecen estos enzimas, ni porqué son diferentes para bacterias y eucariotas, pero está claro que son un factor que contribuye a la separación de los genomas de los dos grupos” explica Ribas de Pouplana.

Los investigadores han analizado la distribución y abundancia de los genes de RNA de transferencia (tRNA), un tipo de RNA clave en la traducción de genes a proteínas, en más de 500 especies pertenecientes a los tres grandes dominios. Fruto del análisis comparativo se ha descubierto que la actividad de estos enzimas, que modifican algunos tRNA, ha actuado de motor en la evolución de los genomas y ha “esculpido” lentamente su composición de forma diferenciada. “El código genético es el mismo pero lo que cambia es la importancia relativa de los diferentes tripletes (componentes) del código. Y esto hace que el genoma para estos grupos de especies empiece a ser muy diferente”, concluye Ribas.

### **Aplicaciones en biotecnología y estudio del cáncer**

El trabajo del grupo de Ribas permite entender mejor la relación entre la

estructura de los genomas y la velocidad de síntesis de proteínas a partir de los genes. Ribas de Pouplana explica que “cuanto más abundante es una proteína en una célula, más tripletes encontramos en la secuencia de esa proteína que pueden ser leídos por tRNAs modificados. Nuestro trabajo permite entender mejor cómo funciona la maquinaria de traducción y porqué los genomas para cada gran grupo de especies tienen una composición diferente de tripletes.”

Este descubrimiento abre las puertas a un abanico de posibles aplicaciones. Una es en biotecnología porque el conocimiento de la importancia de la función de estos enzimas permitirá mejorar la producción industrial de proteínas: “Ahora tenemos otro parámetro para optimizar la síntesis de proteínas a partir de un gen”, explica la primera firmante del artículo Eva Novoa, “Para dar sólo un ejemplo, la insulina humana la “fabricamos” en bacterias y nuestro descubrimiento permitirá optimizar su producción si tenemos en cuenta la actividad de estos enzimas” dice Novoa.

También puede aplicarse al estudio del cáncer: “es posible que estos enzimas de modificación estén sobrerrepresentados en algunos tipos de cáncer. De hecho, tendría todo el sentido porque las células cancerosas son muy eficientes en la producción de proteínas.”

#### Referencia bibliográfica:

Eva Maria Nova, Mariana Pavon-Eternod, Tao Pan and Lluís Ribas de Pouplana. “A role for tRNA Modifications in Genome Structure and Codon Usage”. *Cell* (2012): 10.1016/j.cell.2012.01.050

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

EVOLUCIÓN | ESPECIES | GENOMA | ENZIMAS | RNA |

**Creative Commons 4.0**

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

