

El genoma del gibón completa la secuenciación de todos los simios

Investigadores del Instituto de Biología Evolutiva y del Centro Nacional de Análisis Genómico participan en un consorcio internacional que ha secuenciado el genoma del gibón (*Hylobatidae*), el último simio en ser secuenciado. El estudio de estos primates proporciona pistas para la investigación en salud humana.

SINC

10/9/2014 19:00 CEST



Una familia de gibones de mejillas blancas norteos (*Nomascus leucogenys*) descansan en el bosque tropical de Yexianggu, China. / OHSU.

Un equipo científico dirigido por la Universidad de Salud y Ciencias de Oregón (OHSU, por sus siglas en inglés) ha secuenciado el genoma del gibón, un pequeño primate en peligro de extinción que habita en los bosques tropicales del sudeste asiático.

El Instituto Catalán de Investigación y Estudios Avanzados (ICREA), el Instituto de Biología Evolutiva (CSIC-UPF) y el Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG) han liderado la contribución española de este trabajo que

publica la revista *Nature*.

"Este es el último simio en ser secuenciado y el final de una era en genómica humana comparada", afirma Tomàs Marquès-Bonet

"Este es el último simio en ser secuenciado y el final de una era en genómica humana comparada", afirma Tomàs Marquès-Bonet, coautor del estudio e investigador en el ICREA. "Ahora tenemos herramientas, los genomas, para todas las especies más cercanas a los seres humanos".

Con esta secuenciación los científicos aportan una nueva visión de la evolución de su genoma, y sus extraordinarias reordenaciones cromosómicas –cambios estructurales en el ADN que suelen ser problemáticos en otras especies y que pueden causar, incluso, cáncer en los seres humanos–. Estas reordenaciones parecen haber ocurrido en los gibones con una frecuencia muy alta.

Los investigadores ofrecen también nuevos detalles sobre el árbol de la familia y la historia evolutiva de su linaje, fuente de debate científico durante muchos años.

Saltar de árbol en árbol

Asimismo, esta secuenciación pone de manifiesto algunas pistas genéticas sobre cómo las diferentes especies de gibón desarrollaron, a lo largo de los años, brazos más largos, y potentes tendones en hombros y brazos.

Esta capacidad es importante para estos primates arborícolas puesto que su principal método de desplazamiento es colgarse de un árbol a otro en el denso bosque tropical.

"Esperamos que al aprender más sobre el genoma de estas especies también seamos capaces de implementar mejores estrategias para su

conservación", comenta Carbone

"Esperamos que al aprender más sobre el genoma de estas especies también seamos capaces de implementar mejores estrategias para su conservación, ya que algunas de estas especies están en peligro crítico de desaparecer", comenta Lucía Carbone, primera autora del trabajo y científica asistente en la Universidad de Salud y Ciencias de Oregón.

Finalmente, al igual que la secuenciación del ADN de otros simios y primates no humanos, este estudio da a la ciencia una nueva visión del genoma humano por la similitud genética entre monos y humanos.

Conexiones con la salud humana

Descifrar el genoma de primates es de vital importancia ya que los investigadores intentan entender los factores genéticos vinculados a la salud humana y a las enfermedades que les afectan.

Este estudio da a la ciencia una nueva visión del genoma humano por la similitud genética entre monos y humanos

Los gibones, junto con otros simios –orangutanes, gorilas, chimpancés y bonobos– son los parientes más cercanos de los seres humanos. Todos pertenecen a la superfamilia denominada Hominoidea, pero a diferencia de otros simios y humanos, los gibones han sido sometidos a un alto número de reordenaciones cromosómicas durante su evolución.

Dentro del proyecto, el CNAG ha llevado a cabo la secuenciación de varios genomas completos de diferentes especies de gibón y ha revelado más datos sobre el orden en que los cuatro géneros diferentes, o grupos de especies que componen esta familia, se separaron el uno del otro.

"Se podría pensar en los cromosomas como construcciones hechas de diferentes ladrillos de plástico de juguete. En la reorganización, una o más

piezas de juguete se separan de las otras y vuelven a reengancharse con una orientación o ubicación diferente. También pueden perderse o duplicarse", apunta Carbone.

Estas reordenaciones cromosómicas pueden causar grandes problemas en las células, y contribuir a defectos de nacimiento y cáncer en los seres humanos. Pero parecen haber sido bien toleradas por los gibones.

"Sabemos que este tipo de eventos se han producido en los otros simios – añade la científica– incluidos los humanos, pero los gibones muestran una frecuencia mucho más alta de reorganización. Uno de nuestros objetivos al analizar su genoma era tratar de identificar la causa de esta inestabilidad".

El genoma del gibón será ahora una herramienta para comprender mejor los mecanismos que se esconden detrás de estos errores.

LAVA, una novedad evolutiva en el gibón

El análisis del genoma del gibón ha revelado un elemento intrigante para una nueva secuencia de ADN repetitivo que aparece, exclusivamente, en su genoma. Lo han denominado elemento LAVA y se han encontrado más de un millar de ejemplares en el genoma del gibón.

"Este elemento es una novedad evolutiva que solo está presente en el ADN de estas especies" comenta Carbone. "Pensamos que desempeñó un papel relevante en incrementar los errores durante la división celular y aumentar la posibilidad de reordenaciones cromosómicas".

Varios LAVA se han insertado en un grupo de genes que son importantes para garantizar la correcta separación de los cromosomas cuando las células se dividen. Curiosamente, muchos de los genes afectados por dicho elemento en gibones están mutados en

algunos tipos de tumores en humanos.

El proyecto muestra, por tanto, que comprendiendo la evolución que experimenta con las reordenaciones genómicas, se podrá aplicar este conocimiento a la salud humana.

"La lectura del ADN del gibón es un hito en el campo de la secuenciación genética porque es una especie con características extraordinarias que nos dará las claves para entender las reorganizaciones genómicas y trasladar este conocimiento a la práctica clínica", expone Ivo Gut, director del CNAG y coautor del artículo.

Referencia bibliográfica:

Carbone al. (incluyendo Jessica Hernandez, Belen Lorente-Galdos, Xavier Quilez, Marcos Fernández-Callejo, Marta Gut, Ivo Gut y Tomás Marqués Bonet). "Gibbon genome and the fast karyotype evolution of small apes". *Nature*. 11 de septiembre de 2014.

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

LAVA | GIBÓN | SIMIOS | PRIMATES | GENOMA | SECUENCIACIÓN | ADN |
TUMORES | CÁNCER | SALUD | HUMANO |

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)

