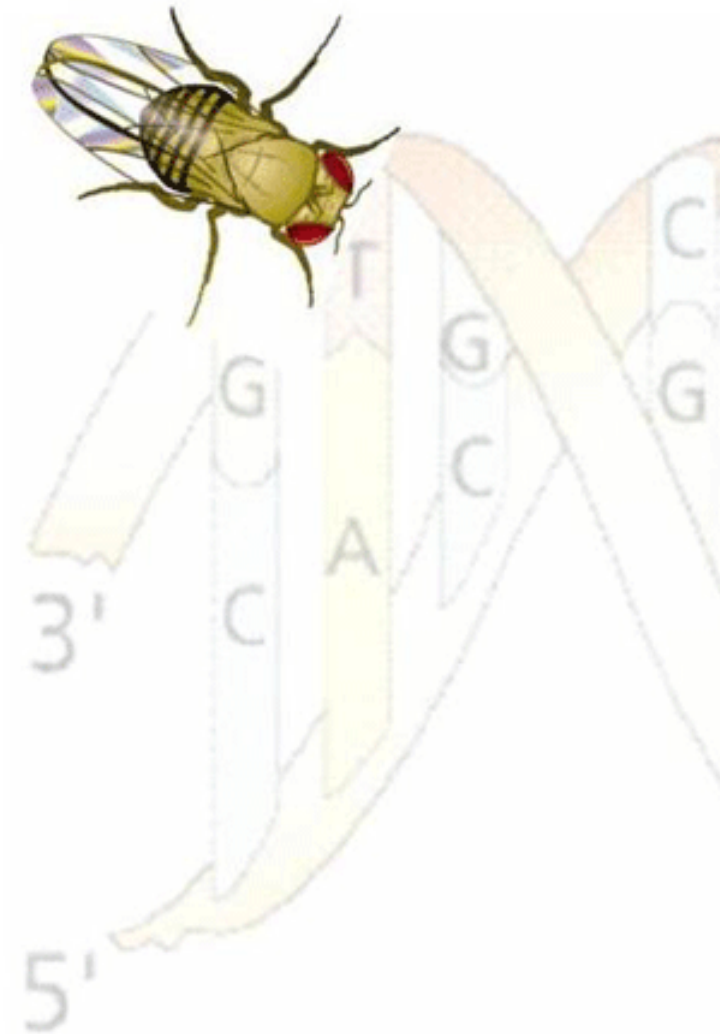


07/2007

El contenido de los intrones influye en la variación de las proteínas



La variación en la secuencia de ADN es la base de la selección natural y, por lo tanto, el estudio de los patrones de variación de las secuencias de los genes de una especie es imprescindible para entender los mecanismos de la evolución a nivel molecular. Los intrones son

secuencias de ADN que forman parte de los genes pero que no codifican proteínas y que, antes, se consideraba que no eran funcionales. El estudio genético de la mosca del vinagre ha demostrado que el grado de variación de las proteínas está relacionado inversamente con el tamaño de los intrones.

La variación en la secuencia de ADN de una especie es la materia prima sobre la que actúa la selección natural y, por lo tanto, el estudio de los patrones de variación de las secuencias de los genes de una especie es imprescindible para entender los mecanismos de la evolución a nivel molecular. Los genes que son traducidos a proteínas constan principalmente de secuencias que se traducen a una proteína (exones) y de secuencias no codificadoras (intrones). Los intrones fueron considerados durante mucho tiempo como no funcionales; sin embargo, en la actualidad el análisis comparativo de genomas completos ha demostrado que gran parte de la secuencia de ADN no codificadora de proteínas está altamente conservada entre especies, indicando algún tipo de funcionalidad de las mismas. El grupo de investigación de Genómica Bioinformática y Evolución del Departamento de Genética y Microbiología de la UAB, dirigido por los doctores Antonio Barbadilla y Alfredo Ruíz ha llevado a cabo un análisis utilizando datos de variación de ADN de la especie modelo de los estudios en genética, *Drosophila melanogaster*, en donde se demuestra que el grado de variación de las proteínas está relacionado inversamente con el tamaño de los intrones. Los intrones largos contienen mayor cantidad de secuencia conservada que los intrones cortos y la presencia de estas secuencias conservadas explica la relación entre tamaño de los intrones y variación en las proteínas. Existen muchas evidencias de que las secuencias no codificadoras que están conservadas funcionan como reguladoras de la expresión de un gen. Esto ha sido confirmado con el conjunto de datos de *D. melanogaster*, ya que la presencia de estas secuencias en los genes está relacionada con la complejidad en el patrón de expresión de una proteína. Una proteína que tiene un patrón de expresión complejo es aquella que se expresa en diferentes tejidos y estadios de desarrollo, y consecuentemente está más constreñida por selección, ya que cualquier variación en ella podría ser perjudicial para el organismo portador. Por lo tanto los genes que codifican para proteínas con patrones de expresión complejos tienen intrones largos y conservados que contendrían la información necesaria para la expresión de dicha proteína en el tejido y en el momento del desarrollo exacto. Este resultado demuestra que la selección que actúa al nivel de las secuencias de las proteínas y al nivel de las secuencias reguladoras de la expresión de las mismas, están acopladas; de modo que las mutaciones en cualquiera de las dos clases de secuencias pueden ser importantes tanto para la supervivencia de los organismos portadores como para la evolución de la especie.

Natalia Petit

Natalia.Petit@uab.cat

Referencias

Petit, N; Casillas, S; Ruiz, A; Barbadilla, A. "Protein Polymorphism Is Negatively Correlated with Conservation of Intronic Sequences and Complexity of Expression Patterns in *Drosophila melanogaster*" *Journal of Molecular Evolution* Vol. 64, No. 5, pp 511-518.

[View low-bandwidth version](#)