

03/2010

Secuencian los genomas de tres especies de avispas parasitarias



Un consorcio internacional de científicos, en el que ha participado el investigador de la UAB Deodoro Oliveira, ha secuenciado el genoma de tres especies de avispas parasitarias, del género *Nasonia*. Se trata de una investigación que aporta nuevos conocimientos básicos sobre los mecanismos genéticos de la evolución. También es de gran importancia en el control de plagas agrícolas y de enfermedades de transmisión por insectos, ya que las avispas parasitarias pican y ponen los huevos en muchos otros insectos mayores, muchos de ellos causantes de plagas y enfermedades infecciosas. La investigación podría abrir las puertas a nuevas vías para controlar las plagas y la expansión de estas enfermedades.

Las avispas parasitarias son cuatro veces más pequeñas que la mosca de la fruta, depositan sus huevos en otros insectos y, al salir del huésped, lo matan. Aunque su tamaño es insignificante, su importancia en la lucha contra las plagas en agricultura es muy grande.

Gracias a estos insectos cada año se protegen cosechas por valor de miles de millones de euros. Además, el género *Nasonia* es muy útil para la investigación en el ámbito genético, ya que los machos se desarrollan a partir de huevos no fertilizados, sólo tienen una copia de cada gen y, por tanto, es inmediato determinar los efectos de los genes que han sufrido mutaciones. En los experimentos en que se generan mutantes, los genes alterados se hacen evidentes porque no hay ninguna copia que pueda enmascarar sus efectos.

La investigación, publicada recientemente en la revista *Science*, muestra la secuenciación completa de los genomas de las especies *Nasonia vitripennis*, *Nasonia giraulti* y *Nasonia longicornis*, y algunos descubrimientos clave que se ha conseguido con estas secuenciaciones, como la identificación de los genes responsables del veneno de las avispas. Los científicos han identificado 79 proteínas diferentes en este veneno, 23 de las cuales no se habían observado nunca. Se trata de una información que podría ser muy útil para el desarrollo de nuevos fármacos, ya que estas proteínas tienen efectos fisiológicos importantes en las células de los huéspedes. Con la secuenciación completa de estos genomas, los investigadores también podrán identificar los genes que determinan qué insectos en concreto atacará una avispa parasitoide, así como las necesidades específicas de alimentación para su cría a gran escala.

Las secuenciaciones han dado lugar a otros descubrimientos relevantes. Se ha identificado un conjunto de genes nucleares y mitocondriales que evolucionan mucho más rápidamente de lo habitual, y que pueden acelerar la aparición de nuevas especies. También se han observado genes de bacterias y virus incluidos en los genomas de las avispas. Estos descubrimientos mejorarán la comprensión de los mecanismos genéticos que regulan la evolución de los seres vivos.

El doctor Deodoro Oliveira es investigador postdoctoral y profesor de Genética del Departamento de Genética y de Microbiología de la UAB. Investiga la distribución y evolución del elemento transponible *Galileo* en el género *Drosophila*. Su investigación estudia problemas evolutivos desde una aproximación molecular. Ha trabajado en genética y genómica de *Nasonia* y de la bacteria intracelular *Wolbachia* en el laboratorio de John Werren en la Universidad de Rochester, en Nueva York. Anteriormente estudió las relaciones evolutivas de *Drosophila* en el *American Museum of Natural History* de Nueva York.

Deodoro Oliveira

deodoro.oliveira@uab.cat

[View low-bandwidth version](#)