UABDIVULGA
BARCELONA RECERCA I INNOVACIÓ

23/06/2016

Incremento del tamaño del genoma en híbridos de Drosophila

Drosophila buzzatii y *D. koepferae* son dos especies de moscas del vinagre que comparten distribución en zonas áridas de Bolivia y del noroeste de Argentina. Estas dos especies tienen la capacidad de producir híbridos en el laboratorio cuando se cruzan machos de *D. buzzatii* y hembras de *D. koepferae*. Los científicos de la UAB han observado que el genoma de las hembras híbridas experimentó un aumento de tamaño que podría ser explicado por la proliferación masiva de secuencias de ADN móviles.

A la izquierda, hembra de *Drosophila koepferae*. A la derecha, macho de *D. buzzatii*.

Los elementos transponibles son secuencias de ADN móviles que representan alrededor del 15% del genoma de *Drosophila*. Condiciones de estrés tales como la hibridación interespecífica pueden provocar episodios inesperados de movilización (transposición) de estas secuencias. En este sentido, nuestros estudios previos demostraron que su frecuencia de movilización aumentaba significativamente en el genoma de los individuos híbridos con respecto a los parentales. Sin embargo, a pesar de que la relación entre eventos de explosión de transposición y aumento del tamaño del genoma ha sido ampliamente descrita en plantas, nunca se había demostrado en animales.

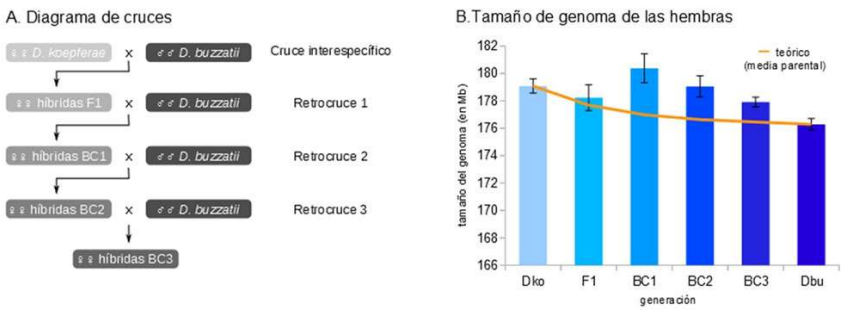

Figura 1: A) Diagrama de los cruces. B) Gráfico del tamaño del genoma de las hembras híbridas.

Este trabajo fue llevado a cabo por Valèria Romero-Soriano en colaboración con un laboratorio francés y dirigido por la doctora Mª del Pilar García Guerreiro. Los autores estudiaron el impacto de la hibridación interespecífica sobre el tamaño del genoma de machos y hembras híbridos, a lo largo de cuatro generaciones (Figura 1A). Para ello utilizaron la técnica de citometría de flujo, comparando el genoma de cada una de las generaciones híbridas con la media ponderada del de las especies parentales. Entre los resultados más remarcables cabe destacar que mientras que en las hembras híbridas se observa un aumento del tamaño del genoma significativo a partir de la segunda generación (Figura 1B), en los machos las diferencias respecto a la media parental no son significativas. Las diferencias más notables se encuentran en las hembras resultantes del primer retrocruce (Figura 1B).

Estos resultados concuerdan con el aumento de la tasa de transposición de diferentes familias de secuencias móviles observada previamente en estos híbridos. Sin embargo, a pesar de que el tamaño del genoma es mayor de lo esperado en todos los retrocruces, su valor disminuye paulatinamente con las generaciones (Figura 1B). Este resultado puede ser explicado por la existencia de fallos en el mecanismo de regulación de los elementos móviles, que será mayor cuanto mayor sea la diferencia entre los genomas que se cruzan. Dado que a lo largo de los retrocruces se introduce genoma de una de las especies parentales (*D. buzzatii*, Figura 1A), esto mitigaría las incompatibilidades entre genomas paliando los efectos de la hibridación sobre las tasas de transposición.

Los investigadores de la UAB demuestran que el incremento de la actividad de transposición previamente demostrada en los híbridos *D. buzzatii-D. koepferae* tiene un impacto en el tamaño del genoma de las hembras híbridas. Con ello son pioneros en demostrar que el tamaño de los genomas puede verse incrementado por eventos de movilización de secuencias de ADN en animales.

Mª del Pilar García Guerreiro
Departamento de Genética y Microbiología
mariapilar.garcia.guerreiro@uab.es

Referencias

Romero-Soriano, Valèria; Burlet, Nelly; Vela, Doris; Fontdevila, Antonio; Vieira, Cristina; García Guerreiro, María Pilar. Drosophila Females Undergo Genome Expansion after Interspecific Hybridization. *Genome Biology and Evolution*. 2016, vol. 8, num. 3, p. 556-561. doi: 10.1093/gbe/evw024.

View low-bandwidth version