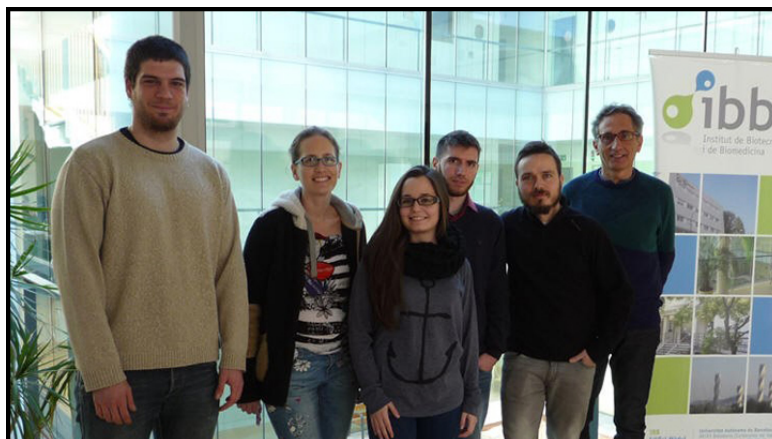


24/01/2018

Trazan el primer mapa de la adaptación y la selección natural de la anatomía completa de un embrión



El grupo de investigación Bioinformática de la Diversidad Genómica de la UAB, en colaboración con el grupo de Biología Evolutiva del Desarrollo de la Universidad de Helsinki, ha conseguido cartografiar el primer mapa de la adaptación y la selección natural de la anatomía completa del embrión de la mosca de la fruta, la especie *Drosophila melanogaster*. Los autores han seguido una aproximación original que integra macrodatos de variación genómica, de expresión génica y del desarrollo embrionario en esta especie modelo de la investigación genética.

El Grupo de Bioinformática de la Diversidad Genómica. Marta Coronado (primera coautora del trabajo, 3ª de izquierda a derecha), David Castellano (5ª) y Antonio Barbadilla (Investigador Principal).

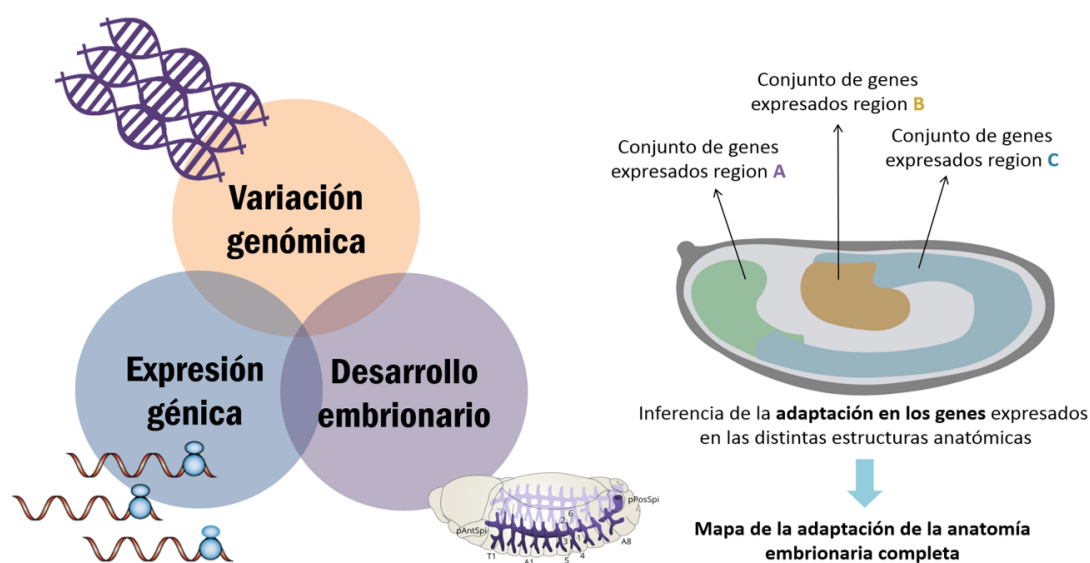
La teoría de la evolución de Charles Darwin propone que las adaptaciones de los organismos surgen como consecuencia del proceso de selección natural. Las estructuras, funciones o conductas complejas que tanto nos fascinan de los seres vivos resultan de la supervivencia y reproducción diferencial que otorgan a los organismos que las portan. Difícilmente Darwin podría haber imaginado que uno de los ejemplos más asombrosos del poder de la selección natural provendría del análisis de las secuencias genómicas. La selección natural deja una marca característica en los patrones de variación genética que pueden detectarse mediante sofisticados métodos teóricos y estadísticos de análisis genómicos. Hoy podemos inferir la acción de la selección natural en el genoma e incluso cuantificar qué proporción de las nuevas variantes genéticas que incorpora una especie son adaptativas, consecuencias de la selección natural. En un trabajo previo publicado en la revista *Nature* (véase [reseña](#)), los autores trazaron el primer mapa de alta resolución de la selección natural de un genoma y demostraron que la selección natural es ubicua, omnipresente en el genoma de la mosca de la fruta *D. melanogaster*. Entre el 30 y 50% de las mutaciones que se incorporan en el genoma de esta especie son adaptativas, rebatiendo la visión previa sostenida por la teoría neutralista de la evolución genética del japonés Motoo Kimura, que proponía que la inmensa mayoría de las mutaciones que diferencian las especies son selectivamente neutras, sin valor adaptativo.

La selección actúa primariamente sobre las propiedades fenotípicas de los organismos y sólo en la medida en que estas propiedades son heredables, actúa secundariamente sobre el genotipo. La revolución genómica ha conducido a la actual situación paradójica en la que disponemos más información sobre la selección en el genoma que sobre el fenotipo del organismo. Ningún estudio previo ha estudiado la acción de la selección en el conjunto del fenotipo de un organismo ni ha integrado ambos niveles de selección a escala genómica. El objetivo de este trabajo era precisamente llevar a cabo esta integración global selección-fenotipo-genotipo, específicamente trazar un mapa exhaustivo de la selección que actúa sobre la anatomía embrionaria completa de la especie *D. melanogaster*. Partíamos de tres capas de información ómicas que se habían obtenido y analizado con fines dispares y que ahora nos disponíamos a integrar. La primera capa son los datos de variación genómica en *D. melanogaster* que habíamos analizado previamente y demostrado la omnipresencia de la selección. Por otro lado, el proyecto *Berkeley Drosophila Genome* (BDGP) había generado una base de datos de expresión de genes en esta misma especie con dos fuentes de información: (i) los niveles de expresión durante la embriogénesis de ocho mil genes mediante la técnica de hibridación de RNA *in situ* de altas prestaciones y (ii) una información precisa de las regiones anatómicas dónde se expresaban los genes, recopiladas en más de 120.000 fotografías, que categorizamos en 18 términos anatómicos tales como sistema nervioso, línea germinal, epidermis, sistema circulatorio,... a lo largo de seis estadios del desarrollo embrionario.

Al disponer de estas tres capas de información nos planteamos las siguientes preguntas, ¿cuál es el correlato anatómico de toda la

evidencia de selección detectada en el genoma?, es decir, ¿se encuentra la adaptación molecular distribuida al azar con respecto a diferentes rasgos tales como órganos o partes morfológicas del cuerpo? ¿Hay algunas estructuras anatómicas con mayores tasas de evolución que otras? Para construir un mapa de la adaptación sobre la anatomía completa del embrión partimos del supuesto simplificador que la adaptación fenotípica (anatómica en nuestro caso) puede inferirse a partir de la adaptación de los genes que se expresan en las diferentes partes corporales. De la primera capa, la información genómica, se obtuvo los datos de variación de todos los genes de los que se disponía información y se cuantificó la selección, tanto adaptativa como purificadora, que actúa sobre cada uno de ellos. De este modo asignamos a cada posición del espacio embrionario o estructura morfológica el valor medio de adaptación y selección de los valores de los genes allí expresados, obteniéndose un mapa de calor de la selección positiva y negativa en el espacio embrionario. Se consiguió recabar datos de variación genética, de expresión génica y de localización embrionaria de aproximadamente 5.000 genes.

El mapa de la selección en el embrión de *D. melanogaster* indicaba que los órganos derivados del ectodermo están sometidos a constreñimiento selectivo, en concreto el sistema nervioso y sistema digestivo. Los órganos derivados de mesodermo experimentan una mayor selección positiva o adaptativa, en concreto, la gónadas y el sistema inmune. Finalmente se observó que los genes que se expresan en una o pocas estructuras anatómicas son evolutivamente más jóvenes y con mayores tasas de evolución, al contrario de los genes que se expresan en todas o casi todas las estructuras.



Esquema del enfoque utilizado para cartografiar la adaptación y la selección natural en la anatomía completa de un embrión que integra la variación del genoma, datos de expresión génica e información espacial y temporal del desarrollo embrionario.

Este trabajo se ha publicado este mes en la prestigiosa revista *Molecular Biology and Evolution*.

Dr. Antonio Barbadilla, Marta Coronado
Departamento de Genética y Microbiología
Instituto de Biotecnología y de Biomedicina (IBB)
Universitat Autònoma de Barcelona
antonio.barbadilla@uab.es

Referencias

Irepan Salvador-Martínez Marta Coronado-Zamora David Castellano, Antonio Barbadilla, Isaac Salazar-Ciudad. **Mapping selection within *Drosophila melanogaster* embryo's anatomy. 2017. *Molecular Biology and Evolution*, msx266, <https://doi.org/10.1093/molbev/msx266> (5 Year Impact Factor: 14.558)**

[View low-bandwidth version](#)