

LA PROMISCUIDAD DEL GENOMA EUCARIONTE PRIMITIVO

**Fernanda Vargas Romero¹, Angela Downie Ruiz Velasco³,
Alberto José Cabrera Quintero², Francisco Aarón Cruz Navarrete¹**

¹Departamento de Neurodesarrollo y Fisiología. Instituto de Fisiología Celular,

²Departamento de Biología Celular y Fisiología. Instituto de Investigaciones Biomédicas,

³Departamento de Inmunología, Instituto de Investigaciones Biomédicas. Universidad Nacional Autónoma de México. Ap. Postal 70-243. Ciudad Universitaria, México D. F. 04510. Correo E: noraafan@hotmail.com

El estudio del origen de los eucariontes ha llevado a la conocida teoría endosimbiótica. En ésta, el origen de las mitocondrias se explica por la asociación y eventual incorporación de una sola bacteria aerobia al antecesor anaerobio eucarionte. Esto probablemente le permitió aprovechar la concentración creciente de oxígeno en la atmósfera, aumentando su eficiencia para obtener energía. De este modo el genoma de la bacteria se convirtió en el actual genoma mitocondrial. Sin embargo, por estudios recientes se sospecha que no todos los genes incorporados a los eucariontes actuales provienen de un solo antecesor (1,2). Esto se ha propuesto desde el punto de vista filogenético, mediante técnicas basadas en la búsqueda de caracteres compartidos y comparación de genes entre varias especies, para definir su historia evolutiva.

Una manera de explicar lo anterior, es por medio del modelo del cromosoma fluido (2), en donde el genoma procarionte presenta constantes transformaciones y no permanece estático. Así la información genética se transfiere no solo por vía vertical, heredada de sus antecesores, sino también por vía horizontal, donde el intercambio se lleva entre células típicamente asexuales y no emparentadas entre sí.

La simbiosis metabólica, definiéndose como la cooperación entre organismos donde los productos del metabolismo de uno son aprovechados por el otro y viceversa, pudo ser un ambiente benéfico para la transferencia horizontal entre diversas especies bacterianas y el antecesor eucarionte. Una de las hipótesis propone que existieron asociaciones entre el proto-eucarionte y otras células productoras de hidrógeno antes de la endosimbiosis de la proto-mitocondria. Estos organismos podrían haber sido las α -proteobacterias, grupo característico de bacterias que incluye principalmente fotótrofos y simbioses de plantas y animales, además de patógenos como Rickettsiaceae, en los que se ha encontrado un sistema de alta frecuencia de transferencia de genes (sistema GTA).

Otro conjunto de bacterias que pudo haber coexistido con los antecesores eucariontes son las δ -proteobacterias, cuyos procesos metabólicos, de comunicación y de señalización son homólogos a los de los eucariontes. El orden Myxococcal es el más representativo de esta clase. Estas bacterias poseen de los genomas más grandes de los procariontes (9.14 a 12.2 Mb). Presentan conducta social y se integran en una estructura multicelular: los cuerpos fructíferos. La formación de estas estructuras requiere de la coordinación de la motilidad y señalización, además de un grado de diferenciación celular y multicelularidad.

Los lípidos juegan un papel importante en el desarrollo de la agregación, la señalización y la morfogénesis de los myxococcos, además, son su principal fuente de energía. Otras similitudes con los eucariontes son las proteínas cinasas, las proteínas G y las proteínas dependientes de GTPasas que funcionan en la regulación de la polaridad de la célula.

Pujol y colaboradores, concordando con la hipótesis de muchos otros autores, proponen que un organismo del grupo de las α -proteobacterias pudo ser el antecesor de la mitocondria. Este estudio (1), describe además un origen alternativo del metabolismo de los ácidos grasos.

Para llegar a esta conclusión, este grupo buscó secuencias homólogas entre el proteoma humano y el genoma de cuatro especies myxococales, cuya secuencia completa esta disponible en NCBI, y el de otras dos especies, cuyo genoma solo esta disponible como un ensamble preliminar, utilizando BLAST. Obtuvieron 471 proteínas homologas que posteriormente buscaron en 355 especies de bacteria, *archaea* y en 40 especies de eucariontes. Se construyó un árbol filogenético para cada una de las 471 proteínas, de los cuales escogieron 93 árboles donde se veía que el grupo eucarionte tenía un origen myxococal. Por otra parte del proteoma mitocondrial de 2209 eucariontes, obtenidos de NCBI, tomaron la secuencia de 3000 proteínas

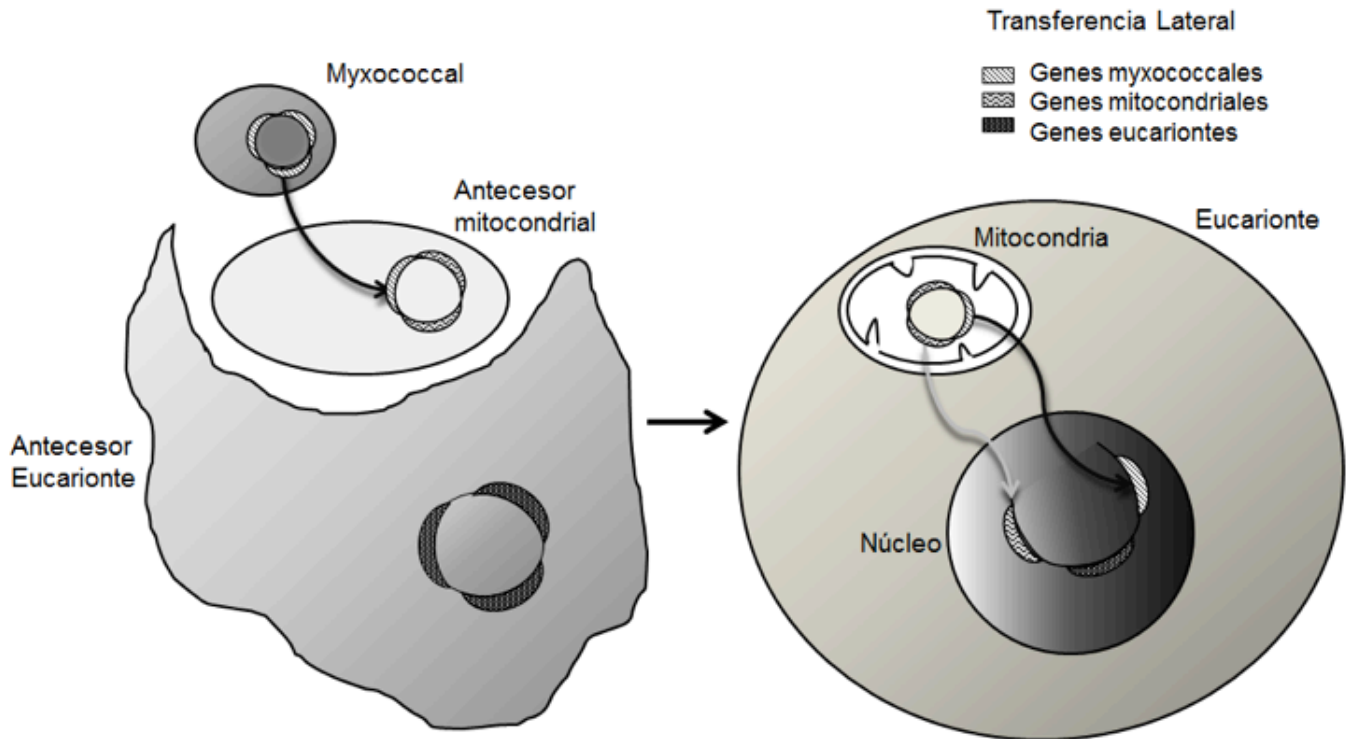


Figura 1. Modelo que propone la transferencia de genes myxococcales al genoma eucarionte. Una bacteria myxococcal transfiere horizontalmente sus genes al ancestro mitocondrial, que posteriormente se involucra en una simbiosis con el antecesor eucarionte. El evento endosimbiótico da origen a la mitocondria y otra transferencia lateral se da entre el genoma mitocondrial y eucarionte. Las flechas ilustran la transferencia de genes y los diferentes patrones de líneas la naturaleza de los genes (adaptado de Schlüter A et al., 2011).

que clasificaron en 53 grupos de ortólogos, para posteriormente compararlas utilizando BLAST contra el proteoma de 357 bacteria y *archeas*. Su análisis filogenético reveló solamente doce potenciales ancestros myxococcales, que fueron obtenidos usando reconstrucciones ML y Bayesianas. Además analizaron la composición del genoma de los myxococos: *A. dehalogenans*, *H. ochraceum*, *M. xanthus* y el de *S. cellulosum* para identificar conjuntos de genes que se pudieron haber transferido horizontalmente.

Los resultados indicaron que varios genes eucariontes tienen como ancestro a genes de los myxococos, principalmente los que participan en la β -oxidación, como las acil-CoA deshidrogenasas. Por lo tanto, la mitocondria podría haber sido un vehículo importante de entrada de genes bacterianos tanto de α -proteobacterias como de δ -proteobacterias. Como consecuencia, el genoma del antecesor de la mitocondria se puede considerar una mezcla de al menos dos diferentes linajes bacterianos, de los cuales muchos de sus genes

se conservan en los genomas de los eucariontes actuales (Fig. 1).

En el (1) los autores concluyen que existen al menos 15 genes eucariontes nucleares de origen myxococcal, algunos de ellos con roles en el metabolismo de lípidos como intermediarios del procesamiento de la acil-CoA. Consideramos que este artículo es un gran avance en el estudio del origen de los eucariontes, demostrando que otros grupos de bacterias pudieron haber dado forma al genoma eucarionte actual, así como hay un progreso para develar la completa identidad del antecesor mitocondrial.

Referencias

1. Schlüter A, Ruiz-Trillo I, Pujol A (2011) Phylogenomic Evidence for a Myxococcal Contribution to the Mitochondrial Fatty Acid Beta-Oxidation. *Plos ONE* 6:e21989, 1-9.
2. Richards TA, Archibald JM (2010) Cell Evolution: Gene Transfer Agents and the Origin of Mitochondria. *Curr Biol* 21:112-114.