

## El mayor estudio evolutivo sobre esponjas aporta nuevos datos sobre la evolución animal

La mayor parte de genes implicados en procesos complejos también está presente en las esponjas, según revela un nuevo estudio publicado en la revista *Molecular Biology and Evolution* que tiene como primera autora a Ana Riesgo, investigadora de la Universidad de Barcelona. El artículo también está firmado por expertos de la Universidad de Alberta (Canadá) y la Universidad de Harvard (EE UU).

UB

7/2/2014 13:31 CEST



El estudio identifica una serie de genes que se creían ausentes en las esponjas. / *Callyspongia vaginalis*, Ana Riesgo, UB-IRBio.

Las esponjas o poríferos, de las que se conocen unas 8.000 especies, se consideran el filo más basal de los metazoos. Se encuentran distribuidas en latitudes de todo el planeta, desde los arrecifes tropicales hasta los polos, y constituyen un excelente modelo de estudio sobre la evolución en metazoos.

Un artículo, liderado por la Universidad de Barcelona (UB), representa el mayor estudio de secuenciación de genes desarrollado hasta la fecha en ocho especies que cubren las cuatro clases de esponjas reconocidas actualmente.

En concreto, se trata de la *Aphrocallistes vastus* (clase de los hexactinélidos), la *Chondrilla nucula*, la *Ircinia fasciculata*, la *Petrosia ficiformis*, la *Spongilla lacustris*, la *Pseudospongosorites suberitoides* (demosponjas), la *Sycon coactum* (calcáreas) y la *Corticium candelabrum* (homosclerofóridas), que son representativas de diversos hábitats marinos y también de agua dulce.

---

Han analizado el transcriptoma de estas especies,  
es decir, el conjunto del ARN mensajero

En la investigación, el equipo ha analizado el transcriptoma de estas especies, es decir, el conjunto del ARN mensajero que refleja los perfiles de expresión de los genes presentes en el genoma.

Tal como explica Ana Riesgo, "hasta ahora, solo se conocía el genoma y el transcriptoma de la *Amphimedon queenslandica* y la *Oscarella carmela*". En el estudio, añade, "se han secuenciado los genomas de ocho especies y se han analizado de forma comparativa los genes más significativos en procesos de señalización, conducción neuronal, desarrollo epitelial, inmunidad y reproducción, que son las funciones básicas relacionadas con la condición de la multicelularidad".

### **Mayor complejidad de la esperada**

El estudio identifica una serie de genes —previamente asociados con estructuras complejas de los animales superiores— que se creían ausentes

en las esponjas. Por ejemplo, el gen *DMRT1*, implicado en los procesos de determinación sexual en metazoos más evolucionados (reptiles, aves, mamíferos, etc.), aparece también en el género *Corticium*.

---

"Tienen características morfológicas más complejas que otras esponjas y, en el caso de la *Corticium*, el proceso de la gametogénesis es como el de un cnidario"

Siempre se ha considerado que las esponjas homosclerofóridas son mucho más parecidas al resto de metazoos que a las propias esponjas. Como apunta Ana Riesgo, "tienen características morfológicas más complejas que otras esponjas y, en el caso de la *Corticium*, el proceso de la gametogénesis es como el de un cnidario".

Asimismo, la presencia del gen *DMRT1*, también presente en cnidarios, confirma según la experta "esta visión sobre la gran heterogeneidad que existe entre esponjas a pesar de su simplicidad morfológica".

Otro resultado sorprendente es la detección de genes de receptores de glutamato (iGluRs) —implicados en la conducción de las respuestas fisiológicas rápidas— en las esponjas *Corticium*, *Sycon*, e *Ircinia*.

Aunque siempre se ha considerado que las esponjas son tan simples que solo responden a estímulos con cambios mínimos, el estudio ha detectado genes que están vinculados con la conducción neuronal en organismos más complejos: "Todo ello nos indica que las esponjas podrían tener respuestas a cambios ambientales o estímulos físicos más elaboradas de lo que se pensaba hasta ahora", detalla Ana Riesgo, que también participa en el proyecto Actiquim de ecología química en la Antártida.

### **Genes con nuevas funciones a lo largo de la evolución**

Casi todos los genes que se han encontrado en las esponjas estudiadas tienen una función más compleja en el resto de metazoos. En la escala evolutiva, no obstante, lo que importa no es tanto la presencia del gen, sino la combinación o la regulación de estos genes.

---

Determinar la función de los genes en esponjas será uno de los retos científicos más inmediatos

En las esponjas, los genes parecen estar involucrados en estructuras mucho más básicas: Ana Riesgo indica que todavía ignoramos la función de muchos de los genes que hemos encontrado; "pero es posible que estos genes tengan una función que desconocemos en esponjas y luego se adapten a otra función en otros organismos". Determinar la función de los genes en esponjas será, en consecuencia, uno de los retos científicos más inmediatos dentro de esta línea de investigación.

Este artículo publicado en la revista *Molecular Biology and Evolution* dibuja un escenario más amplio para plantear nuevas hipótesis sobre las relaciones filogenéticas entre los poríferos, la determinación de la función de genes en las esponjas y la evolución temprana de la complejidad molecular en los metazoos.

**Referencia bibliográfica:**

Ana Riesgo, Nathan Farrar, Pamela J Windsor, Gonzalo Giribet, Sally P Leys. "The analysis of eight transcriptomes from all Porifera classes reveals surprising genetic complexity in sponges". [Molecular Biology and Evolution](#). Enero 2014.

Derechos: **Creative Commons**

## TAGS

ESPONJAS | PORÍFEROS | EVOLUCIÓN | METAZOOS | SECUENCIACIÓN |  
GENES | ARN |

**Creative Commons 4.0**

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)

