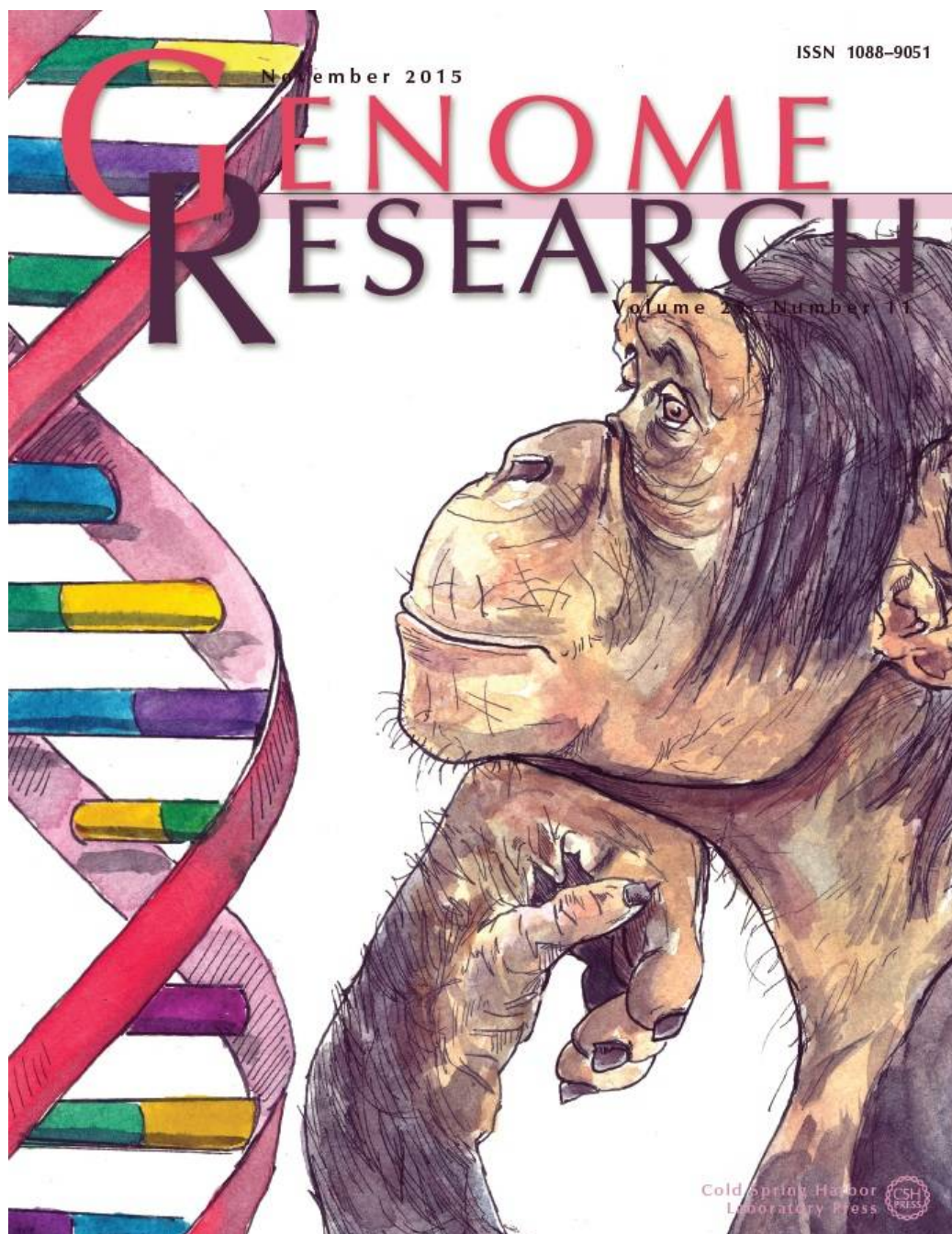


Regiones repetitivas del genoma y desconocidas nos ayudan a entender qué nos hace humanos

Investigadores del Instituto de Biología Evolutiva (Barcelona) y del Instituto de Biología Evolutiva y Estudios Ambientales (Zurich) evidencian la importancia que tienen en la diferenciación de las especies unas regiones genómicas repetitivas antes consideradas no funcionales y no estudiadas. El artículo de referencia aparece publicado en la revista *Genome Research*, de la que es portada este mes de noviembre.



Portada de la revista *Genome Research*, Noviembre 2015 / *Genome Research*

La cadena de ADN está formada por unas subunidades llamadas nucleótidos, que podemos representar con las letras A (adenina), T (timina), C (citosina) y G (guanina). Estos nucleótidos pueden formar genes que darán lugar a proteínas o a otras moléculas necesarias para el organismo. En algunas regiones del ADN los nucleótidos se ordenan siguiendo un patrón repetitivo: AGT AGT AGT AGT AGT, por ejemplo.

Estas repeticiones son conocidas como *tandem repeats* (repeticiones en tándem), y forman fragmentos de ADN de longitud variable y con una tasa de mutación muy elevada que no dan lugar a ninguna proteína o molécula: son regiones no codificantes. A pesar de esto, se ha visto que las diferencias en el número de algunas repeticiones son la causa de varias enfermedades humanas (como la enfermedad de Huntington).

Los estudios sobre el impacto funcional de los *tandem repeats* y su impacto en la evolución de las especies han sido escasos

Debido a limitaciones técnicas en el pasado, los estudios sobre el impacto funcional de los *tandem repeats* y su impacto en la evolución de las especies han sido escasos. Actualmente, los avances en los métodos de secuenciación han permitido el análisis de miles de *tandem repeats* de varios individuos.

Descubrir por qué las especies son diferentes

La revista *Genome Research* publica en la edición de noviembre los resultados obtenidos en una investigación en la que se estudia el grado de variación de las repeticiones entre los TRs presentes en humanos y los de otras especies de simios: chimpancés, bonobos, gorilas y orangutanes. Tomás Marquès-Bonet, investigador principal en el Instituto de Biología Evolutiva, centro mixto de la Universidad Pompeu Fabra y el Consejo Superior de Investigaciones Científicas, y Andreas Wagner, investigador en el Instituto de Biología Evolutiva y Estudios Ambientales de la Universidad de Zurich, lideran conjuntamente esta investigación.

El material genético es el mismo para todas las células de nuestro organismo pero, gracias a la regulación de la expresión de los genes, las células de un órgano son diferentes a las de otro. De la misma forma, estudios anteriores demuestran que los cambios en la expresión génica juegan un papel crucial en las diferencias fundamentales entre especies. Este estudio pone de manifiesto la influencia de las repeticiones genómicas en modular la expresión de genes que participan en la diferenciación entre

seres humanos y otros simios. El artículo de referencia es [portada de la revista](#) en la que se publica, *Genome Research*.

Referencia bibliográfica:

Tugce Bilgin Sonay, Tiago Carvalho, Mark Robinson, Maja Greminger, Michael Krutzen, David Comas, Gareth Highnam, David A Mittelman, Andrew James Sharp, Tomas Marques-Bonet i Andreas Wagner.

[Tandem repeat variation in human and great ape populations and its impact on gene expression divergence](#). Doi: 10.1101/gr.190868.115.

Noviembre 2015, *Genome Research*.

Derechos: **Creative Commons**

TAGS

TANDEM REPEATS | HUMANOS | GENÉTICA |

Creative Commons 4.0

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