

## TRANSFORMACIÓN. EL TAMAÑO IMPORTA

## TRANSFORMATION. SIZE MATTERS

**C. Ábalos Calvo , D. Arrabal Ortíz y B. González-Zorn**

Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid

### **Resumen**

*El verdadero nombre de ADÁN es LUCA.*

El descubrimiento del código genético permitió en 1960 asignar a LUCA este papel de organismo origen de toda vida celular sobre la Tierra.

Los genes de LUCA han recorrido un gran camino hasta formar los tres grandes dominios actuales: *Archaea*, *Bacteria* y *Eucarya*. En este largo camino se han sucedido numerosos mecanismos evolutivos: mutaciones, relaciones de simbiosis o bien a la transferencia horizontal de genes u *horizontal gene transfer* (HGT). Según las características de cada dominio el peso específico de cada mecanismo varía y conforme a ello se vienen estableciendo las teorías evolutivas contemporáneas.

La HGT es de gran importancia en las bacterias como mecanismo de variabilidad genética. Además, recientemente se ha mostrado cómo el genoma de una bacteria puede suplantar al de otra de diferente especie, transformándola en la donadora.

**Palabras clave:** Evolución, LUCA, transplante de ADN, transformación, *Mycoplasma*, HGT.

### **Summary**

The real name of Adam is LUCA.

The discovery of the genetic code allowed in 1960 to give LUCA this role of first organism of life on Earth.

LUCA's genes have come a long way to originate the three branches of life evolution: *Archaea*, *Bacteria* and *Eucarya*.

In this long way many evolutionary mechanisms take place: mutations, symbiotic relationships or horizontal gene transfer (HGT). According to the characteristics of each domain, the specific weight of each mechanism is variable. According to the relative weight of each of them, the current evolutionary theories are established.

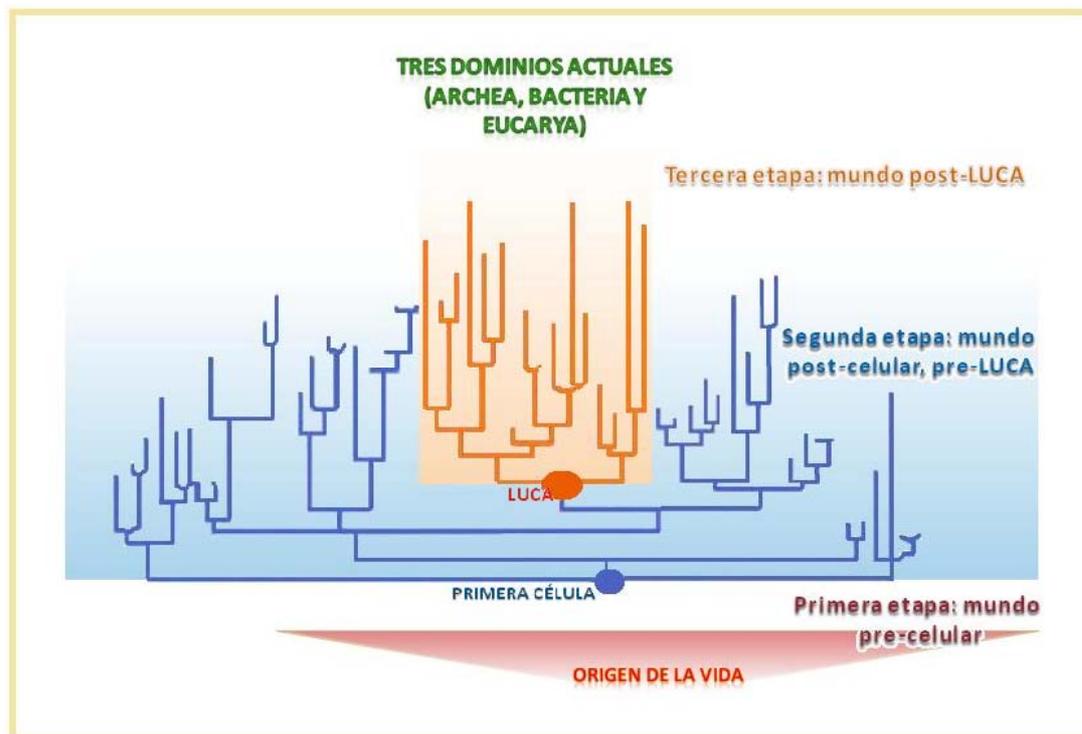
The HGT has a great importance in the evolution of bacteria as a mechanism of genetic variability.

Further, recently it has been shown that a bacterium can be transformed into a different one if it receives its genome.

**Key words:** Evolution, LUCA, genome transplatation, transformation, *Mycoplasma*, HGT.

### Introducción

Conocer el origen y la evolución de la materia viva hasta llegar a la diversidad de formas conocidas y sus interrelaciones ha constituido un tema básico de investigación. A partir de los años 60, cuando se descifró el código genético y se comprobó su universalidad, la investigación de esta cuestión perdió gran parte de su carga especulativa y en la actualidad está generalmente aceptado que toda la diversidad biológica del planeta se agrupa en tres grandes dominios, *Archaea*, *Bacteria* y *Eucarya*, que a su vez proceden de una misma célula primigenia: LUCA (Last Universal Common Ancesor). (Poole., 2002).



**Figura 1.** LUCA está en el origen de todas las ramas evolutivas que persisten actualmente. Adaptación Forterre P. et al., 2005

Es muy probable que las interacciones caóticas entre elementos orgánicos produjeran diversas formaciones celulares, pero solamente LUCA fue capaz de evolucionar y generar toda la materia viva que conocemos actualmente en todas sus formas. LUCA es el origen común de organismos tan dispares como pueden ser un elefante, una ameba o un colibrí.

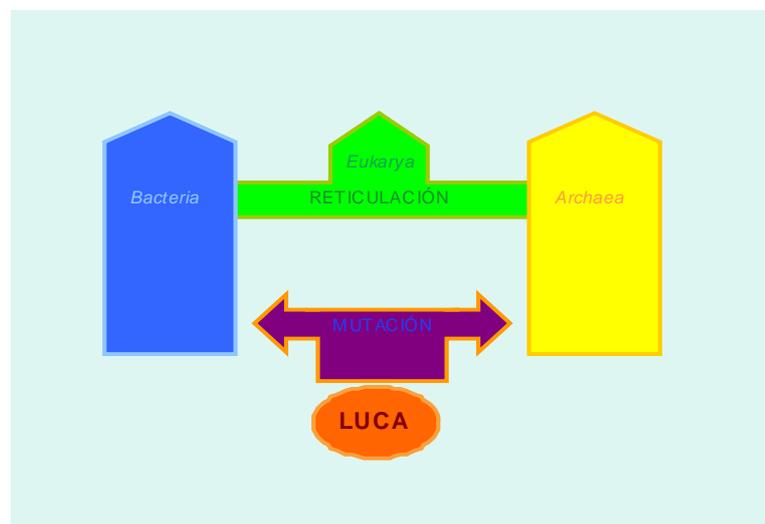
La reconstrucción de LUCA nos aportaría un conocimiento precioso acerca de los mecanismos moleculares de la evolución. Con la tecnología existente parece posible elucidar la naturaleza de LUCA. Si identificamos los genes comunes a los tres dominios herederos de LUCA se podría concluir que estarían presentes en la estructura de la célula original, considerando que los que no fueran comunes a los tres dominios se habrían agregado posteriormente a cada uno. Sin embargo, también es cierta la posibilidad de que LUCA tuviera más genes no transmitidos y que algunos genes comunes a los tres dominios no estuvieran en LUCA, sino que provinieran de la diseminación y de intercambios genéticos posteriores. (Rivera *et al.*, 2004).

En la actualidad estamos lejos de poder establecer la identidad, la naturaleza y la composición genética de LUCA, pero dados los resultados de la evolución posterior sí podemos afirmar de un modo general que se trataba de un organismo celular y, por lo tanto, provisto de membrana citoplasmática y de un sistema de traducción de proteínas. Probablemente sería más parecido a una arquea o a una bacteria que a un organismo eucarionte, pues estos se desarrollaron ulteriormente, como veremos a continuación. (Forterre *et al.*, 2005).

### Desarrollo

LUCA pudo ser la única célula que sobrevivió a la selección natural, y así, se convirtió en el progenitor celular de la biodiversidad de la tierra. Si aceptamos esta hipótesis podemos demostrar la división en dominios de los seres celulares.

Por estudios genéticos se ha demostrado que *Archaea* y *Bacteria* comparten una serie de genes, que por lo general son los que codifican para la maquinaria biosintética celular; mientras que a su vez, poseen gran cantidad de



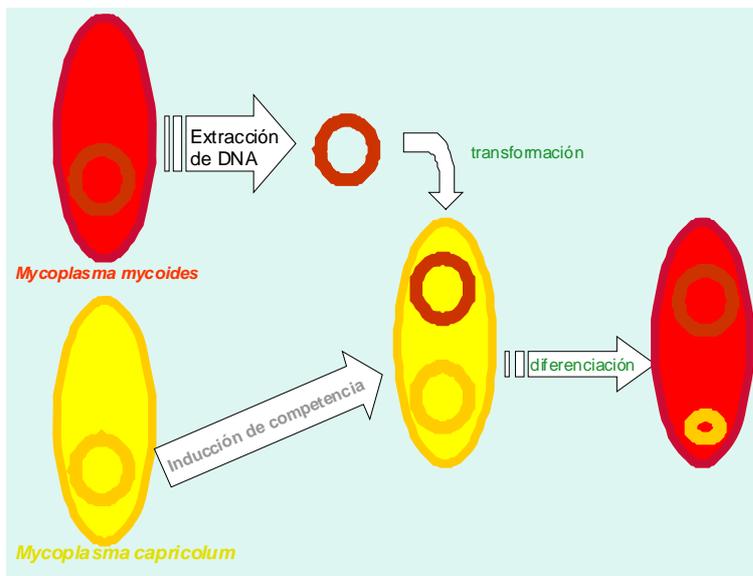
**Figura 2.** LUCA antes de dividirse sufrió una mutación que dio origen a los precursores de los dominios Archaea y Bacteria. Estos dos progenitores evolucionaron de manera independiente; pero en un determinado momento establecieron una relación de endosimbiosis que dio origen al precursor del tercer dominio, Eucarya. Desde entonces los tres dominios han evolucionado con características propias. Aunque en la actualidad se siguen dando intercambios de genes entre ellos.

genes exclusivos. Sabemos además, que las células del dominio *Eucarya* comparten los genes exclusivos de *Archaea* y *Bacteria*. (Kurland *et al.*, 2003). Por tanto, si LUCA es el precursor de la vida celular de nuestro planeta y como célula se dividía (para lo cual replicaba previamente su información genética), debemos admitir que su maquinaria de replicación cometió un primer error que tuvo como consecuencia el origen de los dos dominios primigenios: *Archaea* y *Bacteria*. Inicialmente, estas dos células hijas no eran como las *Bacteria* y *Archaea* que conocemos hoy en día, pero poco a poco fueron evolucionando y adaptándose de maneras distintas a las condiciones ambientales, de tal modo que fueron seleccionando los genes que les eran útiles para sobrevivir, a la vez que desechaban los que no necesitaban. Esta evolución independiente continúa hasta nuestros días. Sin embargo, determinadas condiciones ambientales llevaron a células de estos dos dominios asociarse para optimizar su supervivencia: establecieron una relación mutualismo que dio origen a las células eucariotas (Fig.3), al dominio *Eucarya*, que desde este punto evolucionaría de manera independiente (teoría endosimbiótica de Margullis).

Sabemos que los seres vivos pueden evolucionar por mutaciones o transferencia horizontal de genes (HGT), y que las variaciones más viables sobreviven a la selección natural. La HGT solo es posible mediada por *Bacteria* o *Archaea*, y por tanto en estos dominios es el principal mecanismo de variabilidad genética, según Gogarten y Townsend (2005). Lo cierto es que este intercambio de genes no solo se da entre individuos de una misma especie sino que puede darse entre individuos de distintos géneros, órdenes, o incluso dominios. En estos casos hablamos de reticulación. Con esta información podemos servirnos de representaciones gráficas para observar la evolución de los seres vivos: los árboles filogenéticos. Así, cuando los organismos evolucionan basándose en mutaciones tenemos un árbol vertical, mientras que cuando se establecen relaciones de HGT o mutualismo tenemos reticulación, es decir, comunicación entre dos ramas inicialmente independientes, y por tanto estaremos ante un árbol horizontal. Estas relaciones de horizontalidad pueden tener mayor o menor importancia, pero actualmente se baraja la hipótesis de que la evolución del simio al humano pudo venir mediada por una HGT mediada por un virus, (De la Cruz y Davies, 2000).

Sabemos que la HGT es de gran importancia en bacterias. En relación a este descubrimiento en la actualidad se está tratando de conocer a fondo este mecanismo para utilizarlo en beneficio de la humanidad. En esta línea un grupo de científicos, a la dirección de Craig Venter ha realizado un experimento que demuestra que mediante HGT una bacteria puede tomar el genoma de otra y convertirse en ella. Para la realización del experimento el tamaño del genoma transplantado fue decisivo: la bacteria donadora debía poseer un genoma

lo suficientemente pequeño como para poder ser transplantado con éxito en la receptora, adecuándose a sus características estructurales, Para realizar el experimento se eligieron colonias de *Mycoplasma mycoides* como donante y colonias de *Micoplasma capricolum* como receptor. Se escogieron bacterias de este género porque carecen de pared celular y son de rápido crecimiento, dos condiciones que facilitan su manejo en el laboratorio y la pronta observación de resultados.



**Figura 3.** Se obtuvo DNA de *M. mycoides* desnudo y se introdujo en un medio con *M. capricolum* que previamente habían sido sometidas a condiciones extremas para inducirles un estado de competencia. Las *M. capricolum* en estado de competencia aceptaron por transformación el DNA de *M. mycoides*. El DNA donante tiene la propiedad de reducir la expresión del DNA de la célula receptora. El resultado final es una bacteria *M. capricolum*

Se obtuvo el ADN desnudo de la bacteria donadora y se sometió a la receptora a condiciones extremas para inducirle un estado de competencia. Una vez alcanzado dicho estado se introdujo el ADN desnudo de la donadora en el medio donde se encontraba la receptora. Al observarse el crecimiento de las colonias receptoras, se vio que presentaban proteínas de superficie propias de la donadora (Fig.3). Para certificar que verdaderamente el genoma

del donante había suplantado al de la bacteria receptora se realizó una secuenciación parcial de todas las proteínas de la membrana plasmática de las colonias obtenidas. (Lartigue *et al.*, 2007).

### Conclusiones

Con este experimento se ha demostrado que se puede transplantar el genoma de una bacteria a otra teniendo en cuenta las restricciones de tamaño; y se abren las puertas para la creación de bacterias artificiales al servicio de nuestras necesidades. Además, esto demuestra que la HGT debe haber tenido un peso específico en la evolución desde LUCA hasta la actualidad mayor de lo que se había barajado inicialmente.

### Bibliografía

**De la Cruz F. y Davies J.** 2000. Horizontal gene transfer and the origin of species: lessons from bacteria. *Trends Microbiol.*, 8:128-132.

**Forterre P., Grimaldo S., Brochier C.** 2005. Luca: À la recherche du plus proche ancêtre commun universel. *Mèd. Sci.*, 3: 860-865

**Gogarten J.P. and Townsend J.P.** 2005, Horizontal Gene Transfer, *Genome Innovation and Evolution. Nat. Rev. Microbiol.*, 3: 679-87,

**Kurland C.G., Canback B., and Berg Otto G.** 2003 Horizontal Gene Transfer: A critical view, *Proc. Nat. Acad. Sci.* 100: 9658-62.

**Lartigue C, Glass JI, Alperovich N, Pieper R, Parmar PP, Hutchison CA 3rd, Smith HO, y Venter JC.** 2007. Genome transplantation in bacteria: changing one species to another *Science*, 3: 632-638..

**Poole, A.** My name is LUCA – The last universal common ancestor  
<http://www.actionbioscience.org/newfrontiers/poolepaper.html> (ultimo acceso 25-04-08)

**Rivera M.C., Lake J.A.** 2004. The ring of life provides evidence for a genome fusion origin of eukaryotes. *Nature*, 431: 152-5