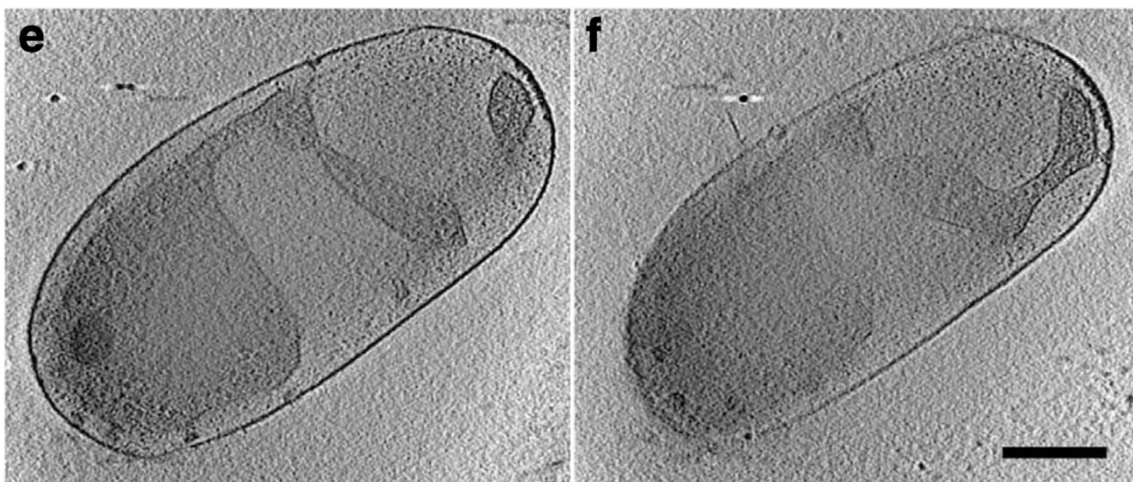


NOTA DE PRENSA

BIOLOGÍA DEL DESARROLLO

Desvelado el mapa de genes esenciales de la bacteria *Planctopirus limnophila*

- Un estudio del Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD) muestra que después de hacer millones de mutantes y buscar donde residen todas esas mutaciones en el genoma, se ha conseguido tener información sobre la esencialidad de todos y cada uno de los elementos genéticos que componen el genoma de *Planctopirus limnophila*, nuestro Planctomycete de estudio
- El trabajo, publicado en *Nature Communications*, es un recurso del mapa de esencialidad para la comunidad y abre puertas en desvelar el papel de genes de función desconocida



Ejemplos de la bacteria de interés en este estudio *Planctopirus limnophila*/ CABD

Sevilla, 20 de noviembre de 2023. Los Planctomycetes constituyen un filo bacteriano que se engloba dentro del superfilo PVC (*Planctomycetes-Verrucomicrobia-Chlamydiae*). Son un grupo de microorganismos muy peculiares, carecen de algunas características bacterianas típicas, sin embargo, muestran atributos más comunes de arqueas o células eucariotas. Esto hace que desde su descubrimiento hayan generado confusión y hayan estado rodeados de mucha controversia. A pesar de ello, su caracterización en detalle ha estado frenada por la falta de herramientas genéticas que permitieran la modificación de sus genomas. Un equipo del [Centro](#)

[Andaluz de Biología del Desarrollo](#) (CABD, CSIC-JA-UPO) liderado por Damien Devos ha desarrollado en 2016 las primeras herramientas que están permitiendo descifrar los entresijos de sus fascinantes características (Rivas-Marín, *et al.* 2016).

Con estas herramientas han podido eliminar algunos genes del genoma (genética reversa) lo cual nos ayuda a la caracterización de los mismos. En el caso del estudio de los Planctomycetes, aunque estas herramientas son de gran utilidad, se nos quedan cortas. Ello se debe en parte a que más del 50% de su genoma no tiene una función definida y en algunos de los que, si tienen una función asignada, en base a la similitud de su secuencia con organismos modelo, ha cambiado.

En este punto y tras mutar muchísimos genes sin resultado, Elena Rivas responsable por la parte experimental del proyecto nos cuenta que se ha 'nos planteamos que era el momento de desarrollar una herramienta a mayor escala, de las famosas "high throughput", que nos permitiera tener un esquema del genoma completo en cuanto a la esencialidad de sus genes'. Ya que la esencialidad da muchísimas pistas en cuanto a la función de un gen. De esta forma no se tendría que ir eliminando gen a gen, sino que se podría tener una visión global.

Con este fin, el grupo de investigación ha llevado a cabo una transposición masiva, es decir, hacer millones de mutantes y buscar donde residen todas esas mutaciones en el genoma. Aquellas zonas del genoma en que no hubiera mutaciones serían las esenciales. El genoma del organismo favorito de este equipo solo contiene aproximadamente 5.000 genes, pero cada gen debe mutarse en diferentes sitios para poder decir con certeza que es prescindible en la condición de estudio.

Parte del estudio ha incluido poner a prueba muchas herramientas que funcionan normalmente en bacterias y finalmente encontrado una técnica que era funcional en Planctomycetes. Tras optimizar y repetir el experimento muchas veces han obtenido más de un millón de mutantes. Gracias a la secuenciación y localización de las inserciones en estos mutantes, han obtenido información sobre la esencialidad de todos y cada uno de los elementos genéticos que componen el genoma de *Planctopirus limnophila*, el Planctomycete de estudio.

Nuevas vías de investigación futura

La importancia del estudio publicado en la prestigiosa revista *Nature Communications* reside en que puede usarse como información basal para cualquier proyecto realizado en esta bacteria. El grupo liderado por Devos está interesado en procesos biológicos que incluyen la división celular y la síntesis de peptidoglicano, y han podido saber que la mayor parte de los genes anotados como genes de división celular o síntesis de peptidoglicano **no** son esenciales. Teniendo en cuenta que todos los organismos deben dividirse, es una función central en la bacteria, ha sugerido a los investigadores que más que guiarse por otras especies, que habría que poner atención en esos genes de función desconocida pero esenciales. El mapa de esencialidad obtenido en este estudio sirve como filtro para la planificación de proyectos futuros. Con las limitaciones de las herramientas a gran escala, que permiten hacer un primero cribado, que después hay que corroborar en detalle.

Teniendo este estudio como referencia, el grupo de investigación está probando si en distintas condiciones de crecimiento llevan a cambios en la esencialidad en función de las condiciones. Hay que resaltar que hay una serie de genes que son necesarios en todas las condiciones, porque son muy basales en el funcionamiento de las bacterias, sin embargo, otros solo serán necesarios

en determinadas circunstancias. Por último, esta técnica se podría adaptar a otras especies de estudio, ya que no todo lo que es esencial en una bacteria es esencial para otra.

Sobre el CABD

El CABD se fundó en el año 2003 como el primer instituto español especializado en el estudio de la Biología del Desarrollo. Se trata de un centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), la Junta de Andalucía y la Universidad Pablo de Olavide (UPO) de Sevilla. Actualmente, este instituto cuenta con grupos de investigadores jóvenes centrados en el desarrollo embrionario con modelos de ratón, modelos de pez, *Xenopus*, *Drosophila*, *Caenorhabditis*, organoides y sistemas computacionales. Otros grupos estudian procesos generales como el control del ciclo celular en levaduras, regulación génica en bacterias y estrés oxidativo.

Referencia:

Rivas-Marin E.^{#§}, Moyano-Palazuelo D.[§], Henriques V., Merino E., Devos D.^{#*} **Essential gene complement of *Planctopirus limnophila* from the bacterial phylum *Planctomycetes*** *Nature Communications*. DOI:

Erika López / CSIC Comunicación Andalucía y Extremadura

comunicacion.andalucia@csic.es