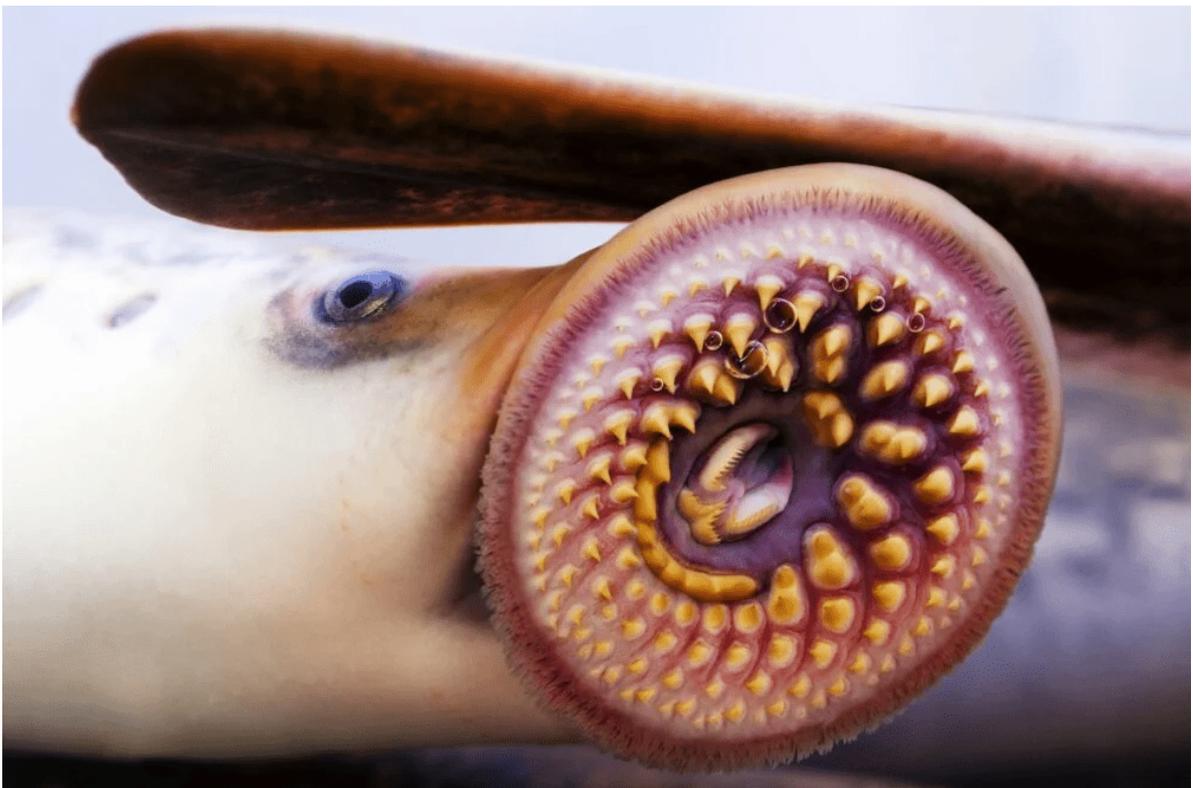


NOTA DE PRENSA

BIOLOGÍA DEL DESARROLLO

El CABD desvela enigmas epigenéticos de la lamprea, una especie con 500 millones de años de antigüedad



Lamprea / AdobeStock

- Una publicación en la revista ‘Nature Communications’ ha demostrado un patrón único de la dinámica de metilación de ADN en lampreas, distinto de otros vertebrados
- Este trabajo del grupo del CABD visibiliza la importancia del proceso de cambios en el epigenoma que pueden ser relevantes en las estrategias de diversificación durante el desarrollo

Sevilla, a 3 de junio de 2024. El grupo de investigación liderado por Ozren Bogdanovic, investigador del **Centro Andaluz de Biología del Desarrollo (CABD)**, centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), la Universidad Pablo de Olavide (UPO) y la Junta de Andalucía, ha estudiado la metilación del ADN de la lamprea, una especie animal que comparte características con los peces y que se sitúa en la base del origen de los vertebrados. Los mapas de metilación de tejidos germinales, embriones y adultos que se han conseguido gracias a este trabajo, indican que las lampreas sufren reorganización de metilación a gran escala durante lo largo del desarrollo. Estos análisis en este tipo de especies son esenciales para entender mejor cómo ocurre este proceso y su importancia durante el desarrollo embrionario y de sus órganos en la forma adulta.

La metilación es un proceso por el cual se produce una modificación química del ADN que representa una de las marcas regulatorias más comunes en los genomas de vertebrados, responsable, por ejemplo, del silenciamiento de genes somáticos en la línea germinal y el silenciamiento de elementos de ADN repetitivos. En mamíferos, durante el desarrollo, ocurren dos olas de borrado de marcas de metilación en el embrión a punto de implantación y en la línea germinal. Algo muy distinto ocurre en peces óseos como el pez cebra y medaka, donde se produce la remodelación de los patrones de metilación durante la transición del genoma del padre a la activación de los genes embrionarios.

En el caso de los genomas de no vertebrados, estos presentan regiones de ADN altamente metiladas entre zonas de ADN sin metilación. Para realizar este estudio, se escogió la lamprea de mar actual, **el resultado de la evolución de un linaje animal que se separó de los demás vertebrados hace más de 500 millones de años**, mucho antes de que aparecieran los peces de esqueleto cartilaginoso y los peces óseos. Muchas de sus características, tales como no tener mandíbulas sino una boca circular succionadora, no tener huesos sino cartílagos o presentar notocorda en estado adulto, son caracteres considerados primitivos. Además, este sirve como un buen organismo modelo debido a que su patrón de metilación es altamente heterogéneo, en un estado intermedio entre lo encontrado en el genoma de invertebrados y vertebrados. Asimismo, tiene herramientas moleculares de metilación conservadas.

Las lampreas son de los pocos organismos que solo tiene una duplicación del genoma ancestral en común con los vertebrados con mandíbulas, algo muy particular cuando se comparan invertebrados y vertebrados. En este trabajo se ha investigado si esta reorganización de ADN en el genoma de la lamprea es compatible con los procesos de remodelación del genoma a nivel embrionario y si las secuencias eliminadas durante el PGR son caracterizadas por metilación del ADN (5mC).

Este conocimiento es crucial para el entendimiento de las dinámicas de metilación en las líneas primitivas de vertebrados, además de su origen y evolución.

Gracias a este estudio, se abren las puertas a entender cómo se puede regular la epigenética, que implicaciones tiene a nivel evolutivo y que implicaciones funcionales tiene este cambio en el desarrollo temprano de los vertebrados. Además, entender las dinámicas del ADN y la regulación epigenética contribuye en el avance del conocimiento de la biología y la patofisiología.

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. En 2017 el Departamento de Regulación Génica y Morfogénesis recibió la acreditación de Unidad de Excelencia María de Maeztu para el periodo 2017-2021 y ha sido ampliada para el CABD en su conjunto durante el periodo 2022-2025.

El CABD, que se aloja en el edificio JA Campos Ortega, es un centro mixto cofinanciado por el Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), la Junta de Andalucía y la Universidad Pablo de Olavide (UPO) de Sevilla. La edificación y el equipamiento fueron costeados con fondos de la Unión Europea.

El foco de la investigación se ha escogido para acoger y promover la prestigiosa escuela española de Biología del Desarrollo, que se ha ido extendiendo por diferentes laboratorios internacionales. Actualmente el centro lo ocupan grupos jóvenes y dinámicos trabajando en desarrollo embrionario utilizando modelos de ratón, varios modelos de pez, *Xenopus*, *Drosophila*, *Caenorhabditis*, organoides y sistemas computacionales. Otros grupos estudian procesos generales como control del ciclo celular en levaduras, regulación génica en bacterias y estrés oxidativo.

Referencia del artículo:

<https://doi.org/10.1038/s41467-024-46085-2>

Angeloni, A., Fissette, S., Kaya, D. *et al.* Extensive DNA methylome rearrangement during early lamprey embryogenesis. *Nat Commun* **15**, 1977 (2024).

Contacto:

Área de Comunicación y Relaciones Institucionales

Delegación del CSIC Andalucía

Consejo Superior de Investigaciones Científicas

Pabellón de Perú

Avda. María Luisa, s/n

41013 – Sevilla

954 23 23 49 / 690045854

comunicacion.andalucia@csic.es

