



Secuencian el genoma de un hongo que responde a estímulos lumínicos

Nueve investigadores de la Universidad de Salamanca han participado en esta investigación internacional

:: REDACCIÓN / WORD

SALAMANCA. Nueve investigadores de la Universidad de Salamanca han colaborado en la secuenciación del genoma de un hongo que responde a estímulos lumínicos.

El trabajo, que acaba de ser publicado en la prestigiosa revista científica 'Current Biology', estudia el hongo *Phycomyces* que ya despertó la curiosidad del premio Nobel Max Delbrück -uno de los fundadores de la Biología molecular-, que lo usó como sistema modelo para tratar de entender los mecanismos que utilizan las células para captar señales ambientales.

La importancia de la secuenciación y análisis del genoma de hongos reside en que estos estudios contribuyen a esclarecer la evolución de la percepción de los estímulos externos en los organismos puesto que los hongos detectan señales externas y reaccionan a ellas modificando su desarrollo, dirección de crecimiento y metabolismo.

Desde mediados del siglo XIX los biólogos han estado fascinados por las respuestas sensoriales de las hifas aéreas del hongo *Phycomyces*. Estos esporangióforos son células gigantes que pueden alcanzar más de 7 cm. de longitud, crecen a velocidades de unos 3 mm/h y contienen muchos núcleos. Responden a la luz, gravedad, aire, presencia de objetos cercanos, etc. También el resto del hongo -el micelio- responde a la luz y a otros estímulos ambientales.

Esta serie de respuestas condujo al premio Nobel Max Delbrück, uno de los fundadores de la Biología molecular, a usar *Phycomyces* como sistema modelo para tratar de entender los mecanismos que usan las cé-



Parte de los investigadores de la Usal coautores del trabajo publicado en 'Current Biology'. :: WORD

lulas para captar señales ambientales, así como para adaptarse a ellas y elaborar mecanismos de respuesta.

Mucor circinelloides, un hongo filogenéticamente muy próximo a

Phycomyces, presenta respuestas similares y, además, en algunos casos, es un patógeno humano y también se ha utilizado en este trabajo. La percepción sensorial es la base de la

adaptación a condiciones ambientales cambiantes y sirve, entre otras cosas, para que los hongos regulen su crecimiento, para reciclar desechos orgánicos y para que sepan cuán-

do y cómo infectar a plantas o animales.

El artículo publicado en la revista 'Current Biology' abre nuevas perspectivas sobre la evolución de la percepción sensorial en los hongos. La secuenciación y anotación de los genomas de *Phycomyces* y *Mucor* suministra evidencias de que una antigua duplicación del genoma, y su posterior evolución, produjo nuevos genes que incrementaron el número de rutas de transducción sensorial. En particular el aumento del número de genes relacionados con las respuesta a la luz incrementaron el rango de percepción de la señal luminosa hasta aproximadamente la sensibilidad que tiene el ojo humano tanto a la luz tenue, la de las estrellas, como a la luz brillante del sol a mediodía. Estos resultados suponen un gran avance en el entendimiento del papel de la dinámica del genoma en la evolución de la percepción de los sentidos.

Respuesta a la luz

Este trabajo ha sido coordinado sobre la evolución de la percepción sensorial en los hongos. La secuenciación y anotación de los genomas de *Phycomyces* y *Mucor* suministra evidencias de que una antigua duplicación del genoma, y su posterior evolución, produjo nuevos genes que incrementaron el número de rutas de transducción sensorial. En particular el aumento del número de genes relacionados con las respuesta a la luz incrementaron el rango de percepción de la señal luminosa hasta aproximadamente la sensibilidad que tiene el ojo humano tanto a la luz tenue, la de las estrellas, como a la luz brillante del sol a mediodía.

Estos resultados suponen un gran avance en el entendimiento del papel de la dinámica del genoma en la evolución de la percepción de los sentidos. Este trabajo ha sido coordinado por el profesor Luis Corrochano de la Universidad de Sevilla y se ha realizado en gran parte en el Joint Genome Institute (Department of Energy, USA) en colaboración con científicos de 31 Universidades y Centros de Investigación pertenecientes a 13 países. El 13% del total de autores del artículo pertenecen a la Universidad de Salamanca.