

## **NOTA DE PREMSA**

Barcelona, 11 de desembre de 2014

# **L'ANÀLISI GENÒMICA, CLAU PER COMPENDRE L'EVOLUCIÓ DELS OCELLS**

- **Un consorci internacional amb participació de científics del Centre de Regulació Genòmica (CRG) a Barcelona presenta, per primera vegada, l'arbre filogenètic de les aus modernes basant-se en dades de seqüenciació genòmica.**
- **L'estudi resol algunes de les incògnites que envolten l'evolució de les aus. Per exemple: defineix en detall l'arbre familiar de les aus, explica l'evolució del seu genoma, detalla el paper i l'aparició del cant en les diferents famílies, identifica quan van perdre les dents, estudia la relació entre els genomes de les aus i altres rèptils com els cocodrils, presenta l'origen dels cromosomes sexuals dels ocells i proposa un nou mètode per a l'estudi filogenètic basat en dades seqüenciació genòmica massiva.**
- **Els resultats es publiquen simultàniament en 8 articles en un número especial de la revista *Science* el proper divendres 12 de desembre i en 15 articles més en altres revistes científiques de renom.**

Fa 66 milions d'anys, els dinosaures, tal com els coneixem, es van extingir però alguns rèptils i aus van sobreviure a aquesta extinció massiva. Les aus que van sobreviure, van patir una ràpida evolució i una gran diversificació. Fins ara, explicar l'arbre familiar de les aus modernes, no ha estat gens fàcil per als científics i un tema força controvertit. Gràcies a la recerca d'un consorci internacional amb participació d'investigadors del Centre de Regulació Genòmica a Barcelona, ara tenim noves pistes sobre com va ser aquesta evolució i nova informació sobre altres aspectes de les aus.

El consorci internacional per a l'estudi de la genòmica de les aus, liderat per Guojie Zhang del National Genebank BGI a Xina i la Universitat de Copenhagen; Enrich D. Jarvis de la Duke University i el Howard Hughes Medical Institute als Estats Units; i M. Thomas P. Gilbert del Museu d'Història Natural de Dinamarca; ha estat treballant durant quatre anys en la seqüenciació massiva dels genomes de 48 espècies d'aus i els genomes d'altres animals com ara els cocodrils. En aquest projecte hi han participat més de 200 científics de 80 institucions repartides en 20 països. A Espanya, l'investigador Toni Gabaldón, cap del grup de Genòmica Comparativa al Centre de Regulació Genòmica (CRG) de Barcelona i professor d'investigació ICREA, ha participat en l'anàlisi dels genomes i la proposta del nou arbre familiar de les aus així com en l'anàlisi dels genomes dels cocodrils i la seva relació amb les aus.

Les espècies estudiades han estat, entre d'altres, corbs, ànecs, falcons, periquitos, grues, ibis, picots i àligues, en representació de les principals famílies d'aus modernes. Els primers resultats d'aquest estudi es publiquen simultàniament en 8 articles a la revista *Science* i en 15 articles més en altres revistes científiques com ara *Genome Biology* o *GigaScience*. Tot el paquet d'articles es troba disponible a <http://www.eurekalert.org/jrnls/sci>.

## **La genòmica, clau per establir nous arbres familiars i per explicar l'evolució**

Els estudis filogenètics disponibles fins ara sobre l'evolució de les aus modernes s'havien realitzat estudiant conjunts de gens concrets que es relacionaven amb característiques anatòmiques o de comportament en les aus. Ara, els resultats presentats per l'*Avian Phylogenomics Consortium*, comparen el genoma sencer de totes les espècies, fet que els ha permès reconstruir l'arbre filogenètic de les aus amb molt més detall incloent informació sobre les relacions de parentiu entre grups i el moment en què es van separar.

Els científics han descobert que per poder ser acurat i incloure totes les tendències en l'evolució de les espècies cal tenir en compte, fins i tot, les regions de l'ADN que no codifiquen per fabricar proteïnes.

A més, el fet de comparar els genomes sencers, els ha permès dibuixar un mapa de l'evolució del genoma de les aus. Així, els investigadors han observat que les aus tenen poques repeticions d'ADN i que ja des de l'inici de la seva aparició van perdre centenars de gens que compartirien amb els humans ancestralment. En concret, els gens que els ocells han perdut són clau per als humans i estan implicats en funcions importants com la reproducció, la formació de l'esquelet o els pulmons. Evidentment, les aus controlen aquests aspectes des d'una altra aproximació fet que explicaria per què tenen un esquelet més lleuger, un sistema respiratori tan particular, una gran varietat d'especialitats en la dieta i molts altres trets característics diferents als mamífers.

## **Ocells, bèsties i familiars**

En aquest estudi, a banda de seqüenciar els genomes de 48 espècies d'aus, també s'han seqüenciat i estudiat els genomes dels rèptils actuals més propers a les aus: els cocodrils. Els científics esperaven poder trobar els punts de connexió entre ells i aportar dades sobre la diversificació dels arcosaures (grup que inclouria els cocodrils, els dinosaures i les aus).

*“La seqüenciació de tres espècies diferents de cocodrils ens serveix per contextualitzar el treball de l'estudi genòmic de les aus que ara presentem. Les dades que hem estudiat ens demostren que els cocodrils han evolucionat relativament poc i que, per tant, són un reflex bastant fiable dels seus avantpassats”,* explica Toni Gabaldón, professor investigador ICREA al CRG i un dels coautors del paper publicat a *Science* sobre els genomes de cocodrils. *“Ara, el fet de comparar-ho amb els genomes de les aus ens ha permès reconstruir parcialment el què seria el genoma de l'ancestre comú dels arcosaures, i per tant, una eina molt valuosa per a l'estudi de l'origen dels cocodrils, les aus i els dinosaures”,* afegeix el Dr. Gabaldón. *“La diversificació ràpida de les aus en molts grups visiblement diferents contrasta amb l'estabilitat i immobilitat dels cocodrils que s'han mantingut pràcticament iguals després de molts anys d'evolució. Això ens mostra com n'és de relativa la velocitat evolutiva en grups diferents i de com l'oportunitat de diversificació*

*per ocupar nous nínxols ecològics genera diversitat morfològica i especiació molt ràpidament”,* conclou l'investigador.

### **Cantar, parlar, pensar**

Els principals articles d'aquest estudi indiquen que l'aprenentatge vocal, és a dir, la capacitat dels ocells per emetre sons, modificar-ne el to i reproduir un so per imitació, va evolucionar de forma independent com a mínim, en dues ocasions. En general, s'ha descobert que els circuits cerebrals per l'aprenentatge musical i vocal en aus i en humans són similars però s'hi ha arribat per vies diferents en l'evolució.

Alguns dels treballs publicats en el marc d'aquest projecte destaquen que la majoria dels gens relacionats amb l'aprenentatge vocal, estan implicats en la formació de connexions neuronals.

### **I, quan van perdre les dents?**

En un dels treballs publicats a *Science* els científics han comparat els ocells actuals amb espècies de vertebrats i han constatat que els ocells presentaven mutacions en grups de gens que codifiquen per l'esmalt i la dentina. Cinc d'aquests gens relacionats amb la formació de dents s'haurien inhabilitat fa més de 100 milions d'anys, en algun avantpassat de les aus modernes.

### **Darrere el teló**

Aquest treball ha estat tot un repte a diferents nivells. S'han analitzat mostres de teixit congelat i recol·lectat els darrers 30 anys, provinents de museus i altres institucions. Se n'ha separat l'ADN a la Universitat de Duke i a la Universitat de Copenhagen. La majoria de la seqüenciació genòmica i les primeres anàlisi s'han dut a terme al BGI de Xina i l'estudi filogenòmic d'aquestes dades s'ha compartit entre més de 80 institucions al món.

Les dades que s'han generat estaran disponibles per a la comunitat científica perquè en el futur, altres científics puguin estudiar les bases genètiques de les característiques de les aus.

### **Articles de referència:**

- Jarvis ED, et al. "Whole-genome analyses resolve early branches un tree of life of modern birds". *Science* 12 Dec 2014. Doi: 10.1126/science.1253451
- Green RE, et al. "Three crocodylian genomes reveal ancestral patterns of evolution among archosaurs", *Science*, 12 Dec 2014. Doi: 10.1126/science.1254449
- Altres articles a *Science*, disponibles a: <http://www.eurekalert.org/jrnls/sci> (per accedir, cal donar-se d'alta com a usuari a EurekAlert).

### **Per a més informació i entrevistes:**

Centre de Regulació Genòmica (CRG) – Oficina de premsa – Laia Cendrós  
Tel. +34 93 316 02 37 – Mòbil: +34 607 611 798 – E-correu: [laia.cendros@crg.eu](mailto:laia.cendros@crg.eu)