

Análisis filogenético de los peces planos utilizando ADN repetido

AUTORES: Robles F; Cano-Roldán B; Molina MJ; Navajas-Pérez R; Ruiz-Rejón C & de la Herrán R

DIRECCIÓN: Departamento de Genética. Facultad de Ciencias. Universidad de Granada.

El origen y evolución de los peces planos (Pleuronectiformes) es una cuestión polémica desde los tiempos de Darwin. Así, en cuanto a la aparición de su morfología asimétrica tan extrema, han existido dos teorías: una que defiende su aparición en un solo paso y otra que pudo ocurrir mediante sucesivas transiciones. Esta polémica ha sido resuelta recientemente con datos del registro fósil a favor de la hipótesis gradual. Pero, por otro lado, también hay polémica sobre si los peces planos están relacionados evolutivamente con peces (como peces limón, maragotas,...) que, de alguna forma, presentan características o comportamientos en el camino de la asimetría corporal, o si, en cambio, no tienen relación con estos teleósteos, y sí con otros que presentan simetría bilateral. Datos moleculares –ADN mitocondrial- parecen favorecer esta última posibilidad, por cuanto los Pleuronectiformes estarían próximos filogenéticamente a los Carángidos (jureles, Perciformes) sin características iniciales de asimetría. Finalmente, también hay polémica en cuanto a las relaciones filogenéticas entre las diferentes agrupaciones taxonómicas que se han hecho dentro de los propios peces planos. Así, recientes estudios basados también en ADN mitocondrial han demostrado un origen monofilogenético de todas las familias de este orden, exceptuando a la familia Paralinchthyidae. Pero, prácticamente, no se conocen filogenias basadas en ADN nuclear. Los diferentes tipos de ADN repetitivo del núcleo, y especialmente el ADN satélite, han demostrado ser muy útiles para establecer las relaciones filogenéticas en grupos de peces como en el caso de la Familia Sparidae en los que tales secuencias están conservadas en todo el grupo. En el caso de los peces planos, hemos analizado el ADN satélite centromérico existente en diferentes especies (lenguados, fletán, acedía, panga raya) y hemos determinado que su secuencia no está conservada entre los diferentes taxones, por lo que se descarta como marcador para análisis filogenéticos amplios, si acaso sólo a nivel de género. Pero, en cambio, hemos encontrado una familia de ADN repetido- familia ACA- que, estando presente en los genomas de todos los peces planos hasta ahora analizados (17 especies correspondientes a 6 familias), también se encuentra presente -conservando cierta homología- en los genomas de diferentes grupos de peces como los Perciformes o los Tetraodontiformes dentro de los Acanthopterygii, en el cual se incluyen también los Pleuronectiformes, o en *Danio rerio*, dentro de Ostariophysi. En esta comunicación se utiliza la familia ACA como marcador molecular para analizar los distintos problemas filogenéticos-evolutivos existentes con respecto a los peces planos. Este trabajo ha sido financiado por los proyectos Pleurogene (GEN2003) de Genoma España y Aquagenomics (CSD2007-00002) del Ministerio de Ciencia e Innovación.