

Apuntes y comentarios

¿Dará el T-DNA un nuevo empuje a la genómica funcional de los hongos?

La finalización de la secuenciación del genoma de *Saccharomyces cerevisiae*, hace una década, ha venido seguida de la secuenciación de cerca de 60 genomas de hongos, a los que se sumarán próximamente otros 20 que se encuentran actualmente en proceso de secuenciación. La secuencia por sí misma nos da una información muy reducida sobre el funcionamiento de este grupo de organismos, por lo que es necesario un análisis a nivel genómico de la función de los genes identificados, es decir, dar el paso de la genómica estructural a la funcional.

A diferencia de lo que ocurre en *S. cerevisiae*, donde la elevada frecuencia de recombinación homóloga permite plantear estrategias globales de inactivación génica mediante la interrupción de genes, en muchos hongos, especialmente los filamentosos, la eficacia de la recombinación homóloga es muy baja. Este problema puede solucionarse en gran medida mediante la generación de estirpes deficientes en los genes *ku70* o *ku80*, que deberían presentar frecuencias de recombinación homóloga muy altas, así como mediante estrategias basadas en la utilización de siRNAs. Sin embargo, estas estrategias, aunque necesarias para inactivar sistemáticamente todos los genes de un hongo concreto, requieren un gran esfuerzo y una gran cantidad de tiempo. En este contexto, en abril se publicó un impresionante trabajo (Jeon *et al*, 2007. *Nat Genet* **39**: 561-565) realizado por el grupo del Dr. Yong-Hwan Lee, que podría acelerar la identificación de genes implicados *a priori* en un determinado proceso en cualquier hongo. La idea no es novedosa, pues consiste en generar mutantes por inserción de un fragmento de DNA, lo realmente destacable es la escala, ya que este grupo ha aislado más de 21000 de estos mutantes de *Magnaporthe oryzae*, un hongo patógeno que cada año destruye arroz suficiente para alimentar



a 60 millones de personas. La envergadura del trabajo se aprecia aún más cuando se analiza un proceso concreto, así, por ejemplo, se han identificado 202 nuevos *loci* implicados en la capacidad del hongo para infectar a la planta, duplicando el número de *loci* previamente identificados en 18 años de estudios de genética molecular en este hongo. La estrategia mutacional, basada en la gran eficacia con la que la bacteria *Agrobacterium tumefaciens* transfiere el T-DNA a un gran número de hongos, tampoco es novedosa y había sido utilizada previamente, pero sin obtener una colección de mutantes tan extensa y con un análisis tan completo, ya que el artículo original se ha completado con un segundo artículo (Choi *et al*, 2007. *Mol Microbiol* **66**: 371-382), donde se ha analizado la integración del T-DNA en 1246 mutantes. El análisis de estas integraciones, y de las procedentes de otro estudio en el que se ha generado una colección más pequeña de este tipo de mutantes (Li *et al*, 2007. *Curr Genet* **51**: 233-243), demuestra que la integración no es totalmente al azar, observándose una tendencia a la integración en regiones promotoras, lo que parece estar relacionado con un mayor contenido en pares A-T. Más importante aún es el hecho de que el porcentaje de reorganizaciones asociadas a la integración del T-DNA sea relativamente bajo, mientras que el de transformantes con una única integración sea relativamente alto.

La relevancia de este trabajo, para aquellos que no trabajamos con *M. oryzae*, es que idéntica estrategia podría aplicarse a cualquier hongo en el que se produzca una transferencia eficiente del T-DNA, convirtiéndose en una herramienta más de la genómica funcional. Si esto es así se verá con nuevos trabajos similares a los comentados aquí.

Victoriano Garre Mula

Corresponsal del Grupo Especializado
de Hongos filamentosos y levaduras
Profesor Titular de Universidad
Departamento de Genética y Microbiología
Universidad de Murcia