

Las olas de calor marinas provocan cambios permanentes en la expresión génica de los peces

Un estudio liderado por el Instituto de Ciencias del Mar de Barcelona demuestra que las olas de calor marinas pueden provocar cambios a escala molecular, que afectan a la respuesta inmune de los peces, su manera de reaccionar ante los estímulos externos y su metabolismo.

SINC 4/1/2021 12:51 CEST



Los científicos simularon en el laboratorio una ola de calor aumentando 3,6 °C la temperatura del agua de una serie de tanques en los que se encontraban varias lubinas (*Dicentrarchus labrax*) acabadas de nacer. / © Citron (Wikipedia)

El Instituto de Ciencias del Mar de Barcelona (ICM-CSIC) ha elaborado, en colaboración con el Instituto de Investigaciones Pesqueras de Qingdao, en China, una investigación que revela que las olas de calor marinas, cada vez más intensas, frecuentes y duraderas debido al calentamiento global, provocan cambios permanentes en la expresión génica de los peces. Este hecho afecta tanto a su respuesta inmune como a su manera de reaccionar ante los estímulos externos y su metabolismo.

Los cambios en la expresión génica debidos al aumento de la temperatura del agua tienen su origen en alteraciones en los niveles de metilación del ADN y pueden persistir a lo largo del tiempo.

Experimento con lubinas

Para la elaboración del trabajo, publicado en la revista *Molecular Ecology*, los científicos simularon en el laboratorio una ola de calor aumentando 3,6 °C la temperatura del agua de una serie de tanques en los que se encontraban varias lubinas (*Dicentrarchus labrax*) acabadas de nacer.

Estas condiciones se mantuvieron solo durante los dos primeros meses de vida de los peces, luego se normalizaron. Gracias a ello, los investigadores hallaron una serie de cambios a escala molecular en las lubinas que se mantenían tres años más tarde pese a que su aspecto externo era normal.

Estos cambios se detectaron en tejidos con distinto origen embrionario, entre ellos el cerebro, que proviene del ectodermo; el músculo y los testículos, que provienen del mesodermo; y el hígado, que se forma a partir del endodermo.

Según explica Francesc Piferrer, investigador del ICM-CSIC y máximo responsable del trabajo, “esto indica que la afectación tuvo lugar de forma generalizada durante el desarrollo temprano de los peces, lo que implica que los cambios pueden ser permanentes”.

En las etapas causa marcas epigenéticas permanentes

“Todo depende de en qué momento durante la vida de un pez ocurre la ola de calor; si ocurre durante las primeras etapas del desarrollo puede dejar marcas permanentes como observamos en las lubinas y que se podrían transmitir a la descendencia,”, detalla en este sentido la primera autora el estudio, Dafni Anastasiadi, que trabaja actualmente en The New Zealand Institute for Plant and Food Research.

Estas marcas inducidas por un cambio ambiental y comunes en tejidos de distinto origen embrionario son epigenéticas porque se superponen a la secuencia de ADN de las lubinas, es decir, se encuentran por encima de su información genética en lugares del genoma determinados y, si son comunes en todos los tejidos, se llaman epialelos metaestables.

Es la primera vez que se describen epialelos metaestables en peces, una información que, según los investigadores, se podría usar en programas vigilancia de los impactos del calentamiento global en la vida marina, pues permiten reconstruir la historia de vida de los individuos. Y es que, conociendo estos epialelos metaestables, basta con tomar una muestra de ADN de un pez para saber si estuvo o no expuesto a una ola de calor o a condiciones ambientales anormales durante sus primeras etapas de vida.

Todo ello pone de relieve la importancia de conocer los efectos subletales de las olas de calor marinas sobre los peces, algo de lo que no se tenía constancia hasta ahora.

“Puesto que los mecanismos epigenéticos están presentes en todos los animales, esto podría servir para monitorizar no sólo a una especie como la lubina, sino también a otras, sean peces o no, que respondan a las perturbaciones del medio”, concluye Piferrer, que asegura que la identificación de este tipo de marcas epigenéticas conservadas en grupos de especies podría ser una herramienta clave para la evaluación de los efectos del calentamiento global a gran escala.

Referencia:

Anastasiadi D., Shao C., Chen S., Piferrer F. “Footprints of global change in marine life: inferring past environment based on DNA methylation and gene expression marks”. *Molecular Ecology*.