

Un estudio con participación del Centro de Astrobiología (CAB, CSIC-INTA) revela que la evolución viral se organiza en redes genéticas fractales que favorecen la adaptación y la especialización ecológica

Los virus exploran su espacio genético de forma jerárquica para adaptarse a distintos ambientes

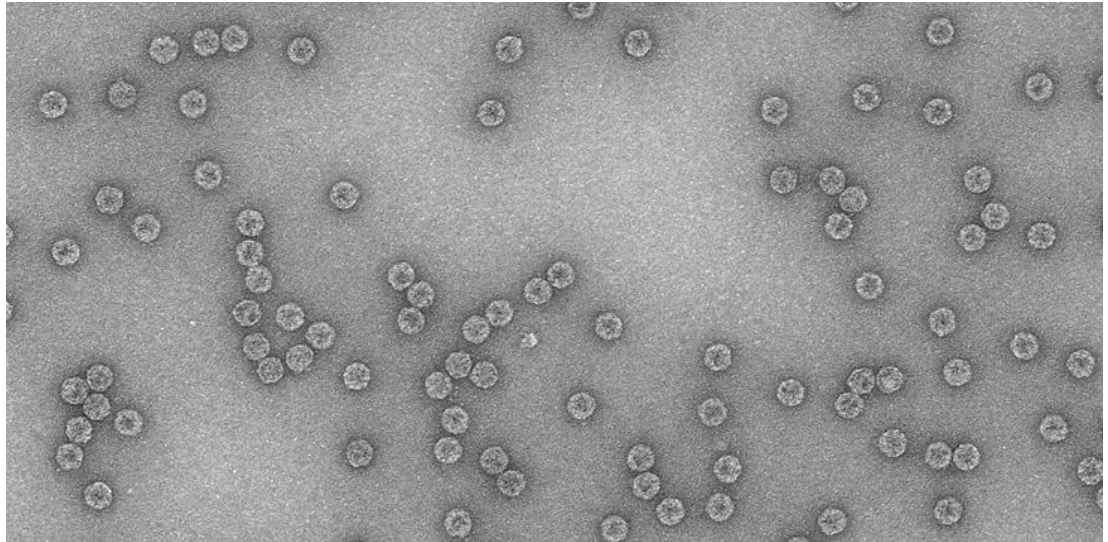


Imagen del bacteriófago Q β , el virus con el que se ha llevado a cabo este estudio. Crédito: Servicio de Microscopía Electrónica del CNB CSIC (foto: Mara Laguna)

10'abr.'26.- Un nuevo estudio liderado por investigadores del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC), en colaboración con el Instituto Nacional de Técnica Aeroespacial (INTA), muestra cómo los virus exploran sus opciones de evolución genética en tiempo real. Sus resultados, publicados en la revista [Proceedings of the National Academy of Sciences \(PNAS\)](#), revelan que esta exploración adopta una estructura fractal y jerárquica, y que distintos ambientes pueden impulsar la divergencia entre poblaciones virales.

La investigación, que se ha focalizado en el estudio del bacteriófago Q β , aporta nueva información sobre la dinámica evolutiva de los virus de ARN, caracterizados por su velocidad para adaptarse a nuevos ambientes, y sobre los mecanismos moleculares que generan innovación biológica.

El bacteriófago Q β es un virus que infecta bacterias, cuyo genoma, al igual que el de otros virus que afectan a la salud humana y animal, como el SARS CoV 2,

el virus de la polio o el virus de la fiebre aftosa, está formado por una molécula de ARN que muta con gran rapidez. Analizando millones de secuencias poblacionales del bacteriófago Q β obtenidas mediante secuenciación profunda, el equipo ha reconstruido redes de genotipos que permiten visualizar la diversidad de variantes presentes en una población viral con un nivel de detalle sin precedentes.

Este análisis ha permitido al equipo ver en directo cómo evoluciona este tipo de virus. “En lugar de moverse por el espacio genético como un caminante que avanza paso a paso, los virus exploran simultáneamente una gran nube de variantes”, explica **Susanna Manrubia**, investigadora del Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN) y el Centro Nacional de Biotecnología (CNB), ambos del CSIC. “Esto ya se sabía, pero nuestro trabajo muestra que esta exploración tiene una organización jerárquica que genera un fractal, y que es masiva: unas pocas secuencias muy abundantes generan toda la diversidad genética posible a distancias cortas, junto con una periferia extensa de mutantes cada vez más raros”, continúa.

Atajos para impulsar la divergencia evolutiva

¿Cómo exploran los virus toda esa diversidad biológica de forma segura cuando muchas de las mutaciones pueden ser dañinas? Una hipótesis clásica es que se acumulan mutaciones neutras, que alteran el genoma, pero no la estructura física del virus. Esto les permitiría progresar con mutaciones silenciosas pero seguras que, a una escala de tiempo mucho mayor, finalmente sí generarían cambios más profundos.

“Frente a esta hipótesis, nuestros resultados indican que las poblaciones virales forman complejas redes de genotipos” destaca **Luís F. Seoane**, investigador del Instituto de Biología Evolutiva (IBE, CSIC-UPF) y del CNB. “En esas redes, las variantes más abundantes ocupan posiciones centrales desde las que generan mutantes cercanos en cascada, independientemente de que estos tengan mayor o menor viabilidad biológica. La exploración es tan masiva que los mutantes menos viables no afectan al conjunto de la población. Sin embargo, sí funcionan como atajos, acelerando cambios que requerirían caminos evolutivos más largos con sólo mutaciones neutras”.

Entender la evolución viral

Comprender cómo los virus exploran su espacio genético es clave para entender la aparición de nuevas variantes y su capacidad de adaptación. Para ello también se analizó el comportamiento de poblaciones virales a diferentes temperaturas. Esto hace que los virus *prueben* distintas mutaciones según el ambiente, dando lugar a poblaciones cada vez más especializadas en cada temperatura. “Las poblaciones que evolucionan en circunstancias distintas empiezan a ocupar zonas diferentes de la red genética. Esto sugiere que la especialización ecológica puede surgir de manera natural a medida que los virus exploran el espacio de mutaciones”, explica **Ester Lázaro**, investigadora del Centro de Astrobiología (CAB, CSIC-INTA), donde se llevaron a cabo los experimentos que sustentan el análisis teórico.

Los resultados aportan una nueva perspectiva sobre la dinámica evolutiva de los virus de ARN, caracterizados por su gran velocidad de adaptación a nuevos ambientes, un rasgo que complica el desarrollo de estrategias eficaces para su control y tratamiento. Estos sistemas permiten observar en tiempo real procesos evolutivos que en otros organismos pueden tardar miles o millones de años. “Al estudiar virus de ARN como el bacteriófago Q β descubrimos cómo se adaptan sus poblaciones, desentrañando a la vez los principios que rigen la generación de innovación molecular”, finaliza Lázaro.

MÁS INFORMACIÓN

Artículo científico en *Proceedings of the National Academy of Sciences*

Luís F Seoane, Henry Secaira-Morocho, Pilar Somovilla, Ester Lázaro, Susanna Man-rubia. Hierarchical genotype networks and incipient ecological speciation in Q β phage quasispecies. Proc Natl Acad Sci USA. 2026;123(14):e2512150123

DOI: doi.org/10.1073/pnas.2512150123

Contacto

Investigadoras del CAB: Ester Lázaro y Pilar Somovilla

FINANCIACIÓN

Proyecto PID2023-147963NB-C22 financiado por
MICIU/AEI/10.13039/501100011033 y por FEDER (UE)



Sobre el CAB

El [Centro de Astrobiología](#) (CAB) es un centro mixto de investigación del INTA y del CSIC. Creado en 1999, fue el primer centro del mundo dedicado específicamente a la investigación astrobiológica y el primer centro no estadounidense asociado al NASA Astrobiology Institute (NAI), actualmente NASA Astrobiology Program. Se trata de un centro multidisciplinar cuyo principal objetivo es estudiar el origen, presencia e influencia de la vida en el universo mediante una aproximación transdisciplinar. El CAB fue distinguido en 2017 por el Ministerio de Ciencia e Innovación como Unidad de Excelencia “María de Maeztu”.

El CAB ha liderado el desarrollo de los instrumentos [REMS](#), [TWINS](#) y [MEDA](#), operativos en Marte desde agosto de 2012, noviembre de 2018 y febrero de 2021, respectivamente; así como la ciencia de los instrumentos raman [RLS](#) y [RAX](#), que serán enviados a Marte a finales de esta década como parte de la misión ExoMars y a una de sus lunas en la misión MMX, respectivamente. Además, desarrolla el instrumento [SOLID](#) para la búsqueda de vida en exploración planetaria. Asimismo, el CAB co-lidera junto con otras tres instituciones europeas el desarrollo del telescopio espacial [PLATO](#), y participa en diferentes misiones e instrumentos de gran relevancia astrobiológica, como MMX, [CARMENES](#), [CHEOPS](#), [BepiColombo](#), [DART](#), [Hera](#), los instrumentos [MIRI](#) y [NIRSpec](#) en [JWST](#) y el instrumento [HARMONI](#) en el [ELT](#) de [ESO](#).

UNIDAD DE CULTURA CIENTÍFICA DEL CAB

