



# Tamaño genómico

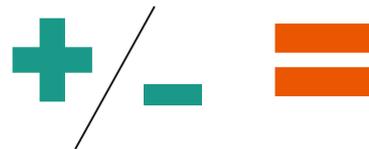


**Por qué nos interesan los genomas?**

# Antes de la revolución

- + Mucha agua pasó bajo el puente para determinar estos “bloques” fundamentales de la vida, cómo funcionan y regulan para generar diversidad
- + En todos estos años se han desarrollado diversas teorías para explicar los mecanismos por los cuales cambia la información genética, la organización genómica, de cómo y por qué se genera diversidad.
- + Estas teorías se han puesto a prueba luego de contar con mucha más información genómica. La información generada a partir de las nuevas tecnologías de secuenciación, parece iluminar con datos y permitir estudios a grandes escalas
- + Está luz también permitió ver que la información obtenida anteriormente basada en organismos fácilmente observables o cultivables era la inmensa minoría, siendo la “materia oscura” la mayor parte de la diversidad de la vida existente.

**metagenómica**   **cultivos**





# Por qué nos interesa el tamaño de los genomas?

El genoma de los organismos especifica las estructuras de moléculas efectoras codificadas genéticamente (ARNs y proteínas) que a su vez son responsables de generar y/o regular las estructuras y procesos requeridos para la supervivencia y reproducción de los organismos.

Diversidad genómica



Diversidad de la forma y función

Complejidad

## THE GENETIC ORGANIZATION OF CHROMOSOMES 3027

C. A. THOMAS, JR.

*Harvard Medical School, Boston, Massachusetts*

We don't know how chromosomes are organized, but there are some tantalizing clues, and we may be on the edge of finding out.

### 5. THE C-VALUE PARADOX

This story begins more than 20 years ago with the observations of the Vendrely's (26) and of Mirsky & Ris (64) that different species contain different amounts of DNA in their nuclei. This harmless information caused some discomfort when it was learned that primitive amphibians and fish contained more than 20 times as much DNA per nucleus as did man. It was argued that mammals display a greater developmental complexity than primitive fish, therefore, they must have more genes, yet why should the lower forms have more DNA, if DNA is the chemical basis of the gene? Early opponents of the DNA-theory of heredity drew strength from the misinterpretation of these observations and they continue to inspire some (65). Others contented themselves with interim interpretations such as: maybe those animals and plants having huge amounts of DNA per nucleus were highly polyploid. In this way the c-value (the amount of DNA per haploid set of chromosomes) could still be a reasonable number. When this proved not to be true, some suggested that these chromosomes were polytene—that is, having multiple chromatids per chromosome. When it was shown that these chromosomes replicated semi-conservatively and that the sperm cells contained about half the huge amount of DNA found in the somatic cells, some retreated to the uncertain refuge of polynemy—that is, many strands of DNA per chromatid. But, as discussed in the previous section, this interpretation creates more problems than it solves. Here the matter rested, for who could be certain that the lower forms did not in fact require more genes to conduct their dreary affairs.



# C-value paradox // C-value enigma

+ Contenido de ADN no codificante, resuelve la paradoja, pero...

Qué tipo de secuencias están presentes en los genomas eucariotas?

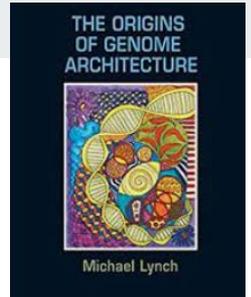
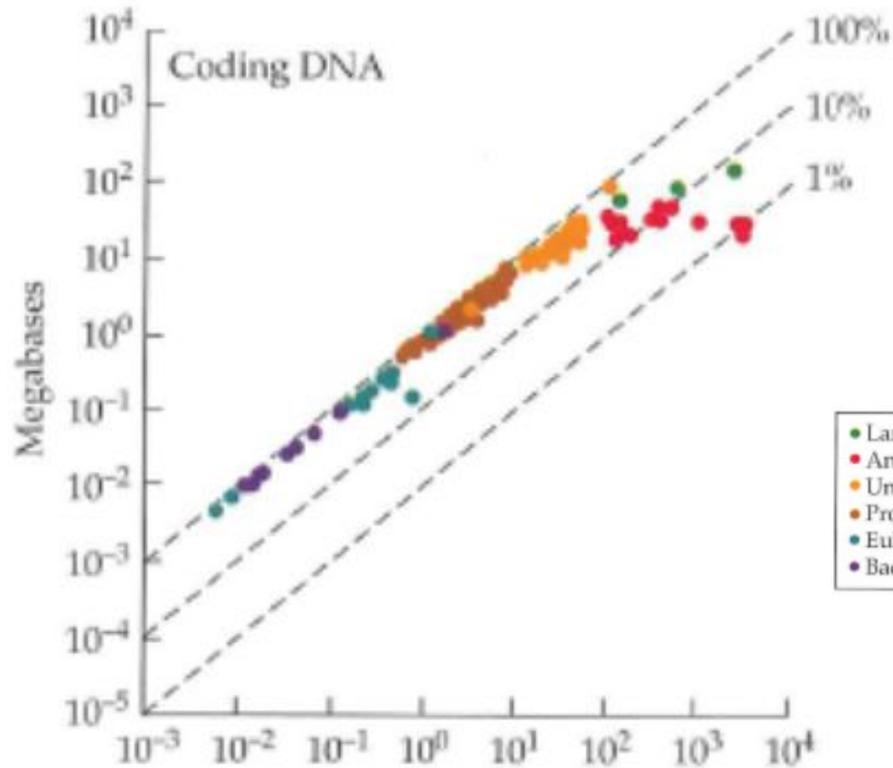
Cómo contribuyen en la variabilidad del tamaño genómico?

Cómo estos elementos se acumulan o se pierden a lo largo de la evolución?

Estas regiones no codificantes tienen una función en la biología de los organismos?

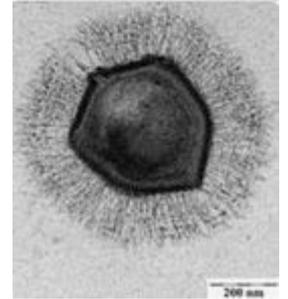
Por qué algunos genomas se mantienen racionalizados y otros adquieren un inmenso tamaño?

# Lynch



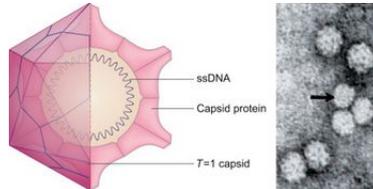
# Virus

- + Entidades más abundantes en la naturaleza
- + Presentes en casi todos los ecosistemas de la tierra
- + Amplio rango de variación de tamaño, forma, hospedero, complejidad
  - + ADN / ARN
  - + Simple hebra / Doble hebra



↓

Circovirus  
2Kb  
2-3 genes



↓

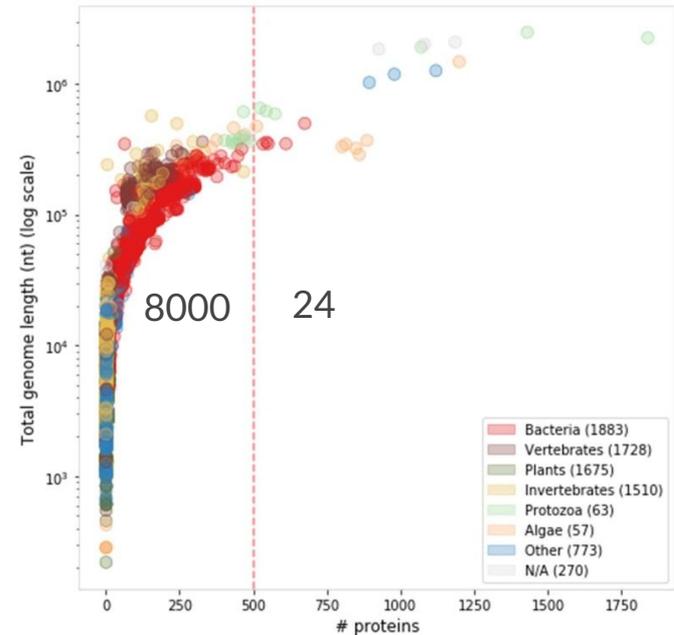
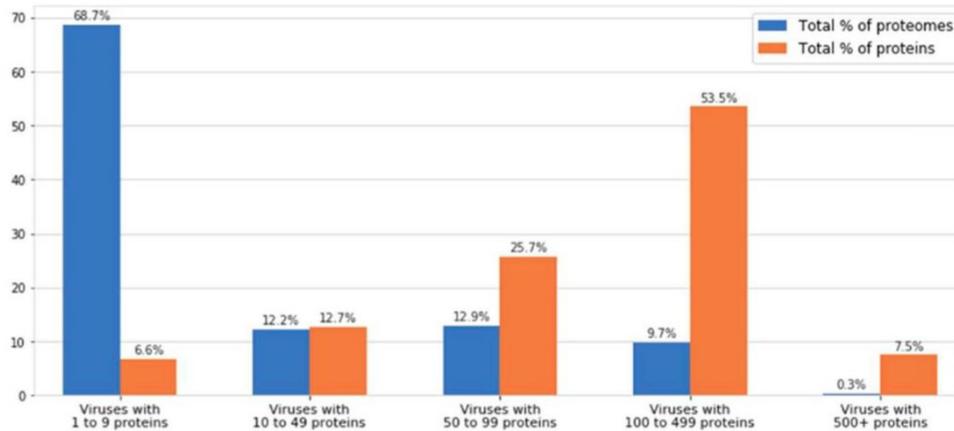
Giant viruses  
1200Kb  
900 genes  
mimivirus

Review

## Giant Viruses—Big Surprises

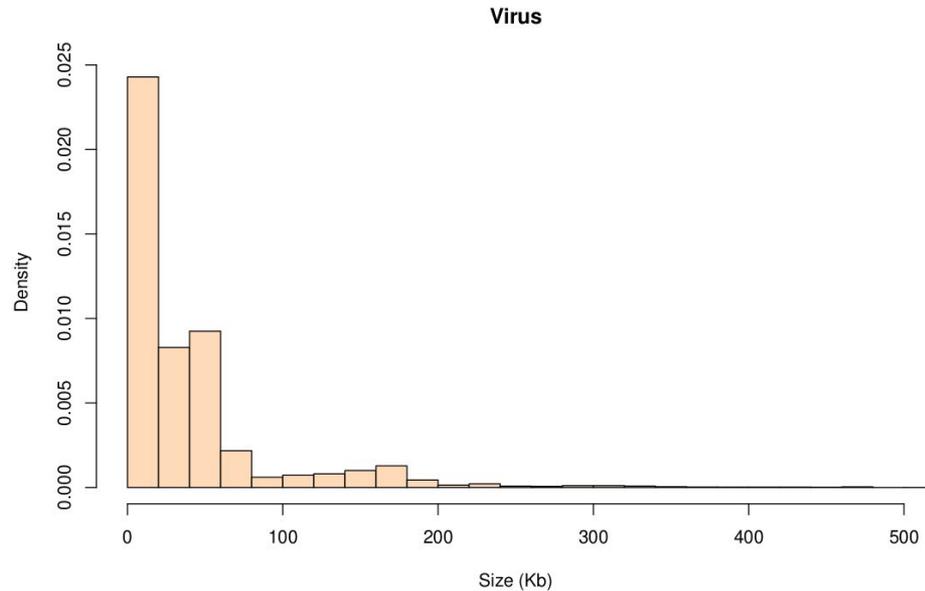
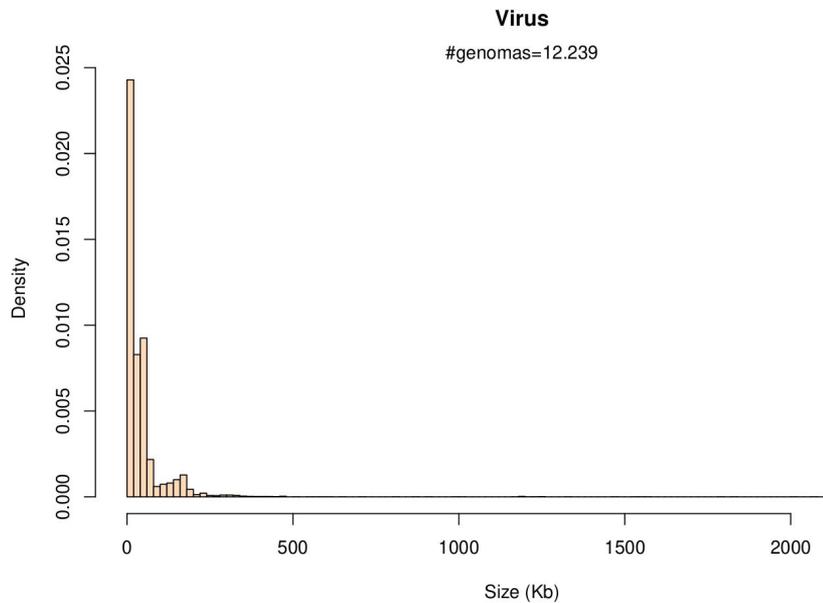
Nadav Brandes <sup>1</sup> and Michal Linial <sup>2,\*</sup> 

# Virus





# Virus





# Procariotas

- + Genoma compuesto mayoritariamente por regiones codificantes (85-95%)
- + Composición de bases estable a lo largo del cromosoma, pero muy variable entre especies (de 13 a 75%GC)
- + Arquitectura – Genomas configurados en dominios que tienen una relación con el sitio de replicación y el empaquetamiento
- + El mapa genético se mantiene estable entre especies relacionadas

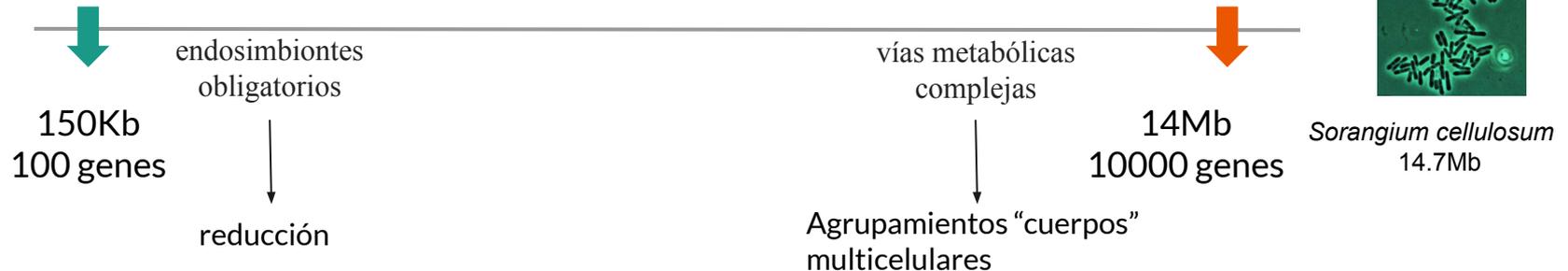
tamaño del  
genoma

$\alpha$

cantidad de  
regiones  
codificantes

# Procariotas

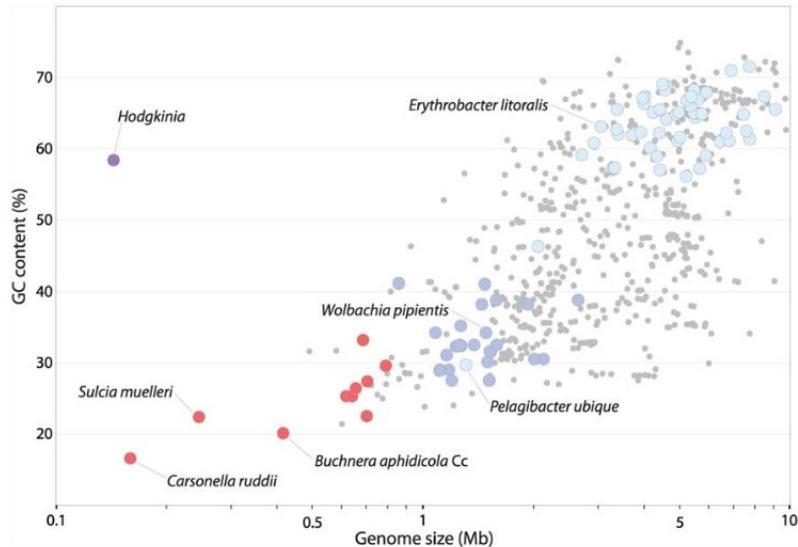
- + Genoma compuesto mayoritariamente por regiones codificantes
- + Composición de bases estable a lo largo del cromosoma, pero muy variable entre especies (de 13 a 75%GC)
- + Arquitectura – Genomas configurados en dominios que tienen una relación con el sitio de replicación y el empaquetamiento
- + El mapa genético se mantiene estable entre especies relacionadas



# Origin of an Alternative Genetic Code in the Extremely Small and GC-Rich Genome of a Bacterial Symbiont

John P. McCutcheon<sup>1,2\*</sup>, Bradon R. McDonald<sup>2</sup>, Nancy A. Moran<sup>2</sup>

**1** Center for Insect Science, University of Arizona, Tucson, Arizona, United States of America, **2** Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Arizona, Tucson, Arizona, United States of America



**Figure 1. Relationship between genome size and GC content for sequenced Bacterial and Archaeal genomes.** Obligately intracellular insect symbionts are shown as red circles, obligately intracellular  $\alpha$ -Proteobacteria as dark blue circles, *Hodgkinia* as a purple circle (as it is both an obligately intracellular  $\alpha$ -Proteobacteria and an insect symbiont), and all other  $\alpha$ -Proteobacteria as light blue circles. Most other Bacteria and Archaea are represented by small gray circles, although some have been removed for clarity, and the plot is truncated at 10 Mb. doi:10.1371/journal.pgen.1000565.g001

**Hodgkinia** - Tiene propiedades similares a otros endosimbiontes

- Alta densidad de genes
- Acortamiento de genes
- Solo 144Kb
- Alto contenido en GC (58%)

*Genome Biol Evol.* 2012; 4(1): 28–29.

Published online 2012 Jan 13. doi: [10.1093/gbe/evr135](https://doi.org/10.1093/gbe/evr135)

PMCID: PMC32

PMID: 222

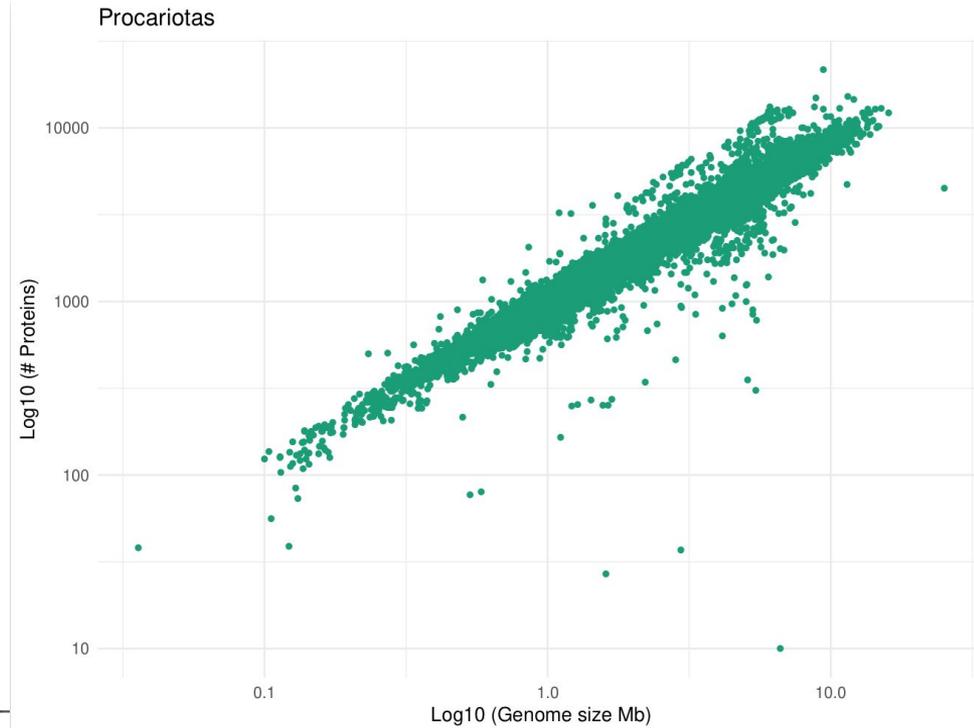
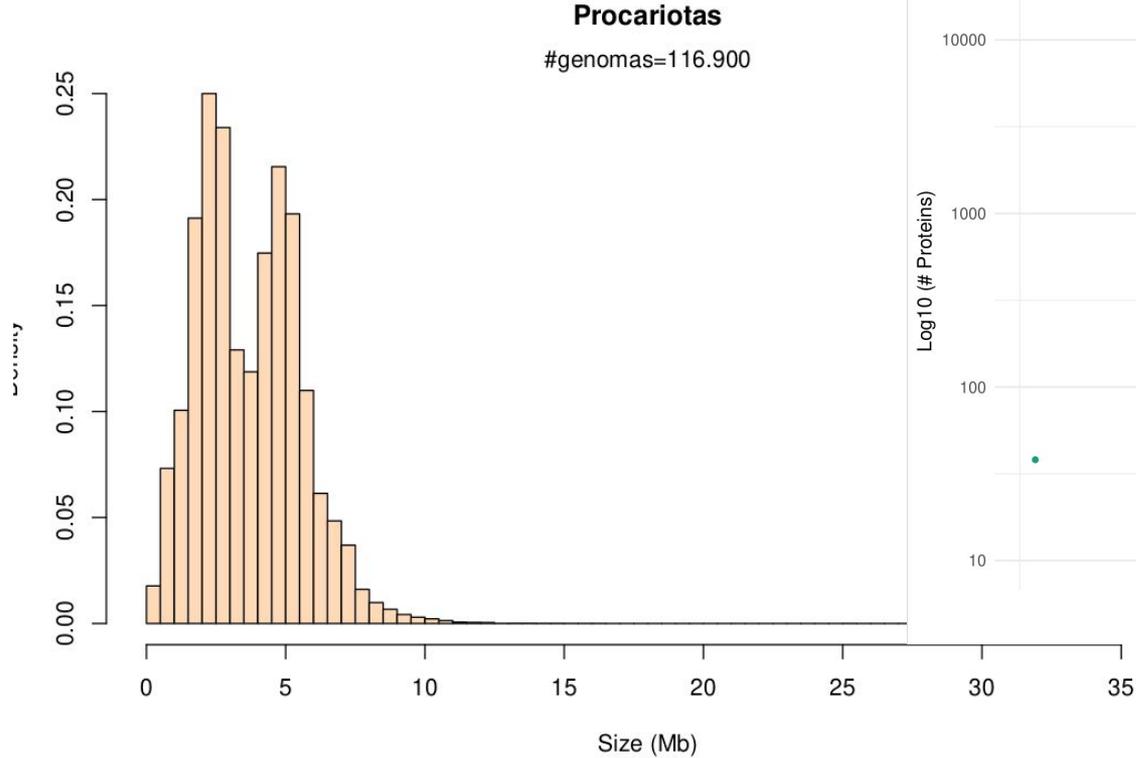
**Highlight: Tiny Bacterial Genome Opens a Huge Mystery: AT Mutational Bias in *Hodgkinia***

[Danielle Venton\\*](#)

## Assessment of the bimodality in the distribution of bacterial genome sizes

[Hyun S. Gweon](#)<sup>1,\*</sup> [Mark J Bailey](#)<sup>1</sup> and [Daniel S Read](#)<sup>1</sup>

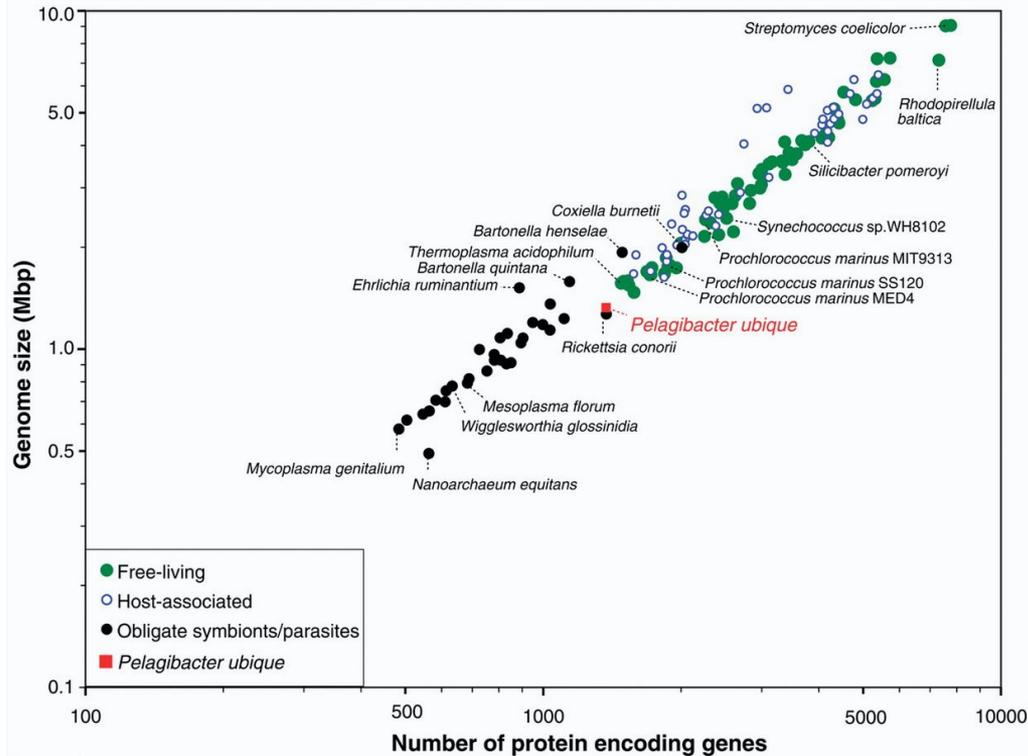
# Procariotas



## Genome Streamlining in a Cosmopolitan Oceanic Bacterium

Stephen J. Giovannoni,<sup>1\*</sup> H. James Tripp,<sup>1</sup> Scott Givan,<sup>2</sup>  
Mircea Podar,<sup>3</sup> Kevin L. Vergin,<sup>1</sup> Damon Baptista,<sup>3</sup> Lisa Bibbs,<sup>3</sup>  
Jonathan Eads,<sup>3</sup> Toby H. Richardson,<sup>3</sup> Michiel Noordewier,<sup>3</sup>  
Michael S. Rappé,<sup>4</sup> Jay M. Short,<sup>3</sup> James C. Carrington,<sup>2</sup>  
Eric J. Mathur<sup>3</sup>

The SAR11 clade consists of very small, heterotrophic marine  $\alpha$ -proteobacteria that are found throughout the oceans, where they account for about 25% of all microbial cells. *Pelagibacter ubique*, the first cultured member of this clade, has the smallest genome and encodes the smallest number of predicted open reading frames known for a free-living microorganism. In contrast to parasitic bacteria and archaea with small genomes, *P. ubique* has complete biosynthetic pathways for all 20 amino acids and all but a few cofactors. *P. ubique* has no pseudogenes, introns, transposons, extrachromosomal elements, or inteins; few paralogs; and the shortest intergenic spacers yet observed for any cell.



ndiente.

# Archaea

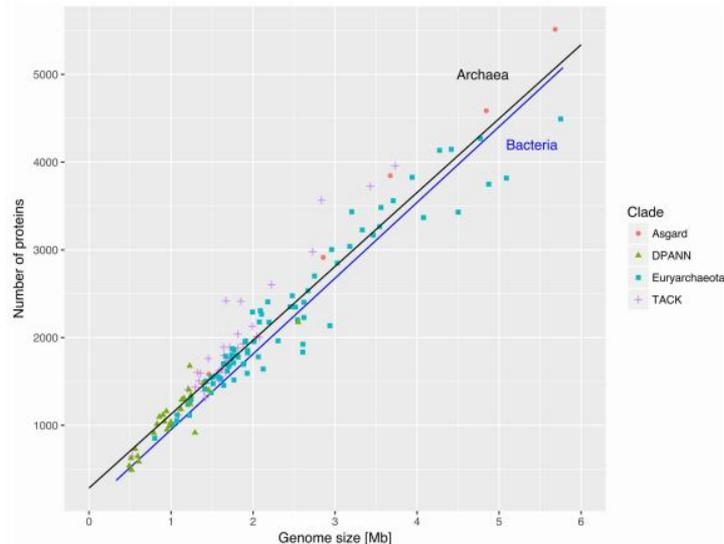
## Review Article

## Genome size evolution in the Archaea

Siri Kellner<sup>1</sup>, Anja Spang<sup>2,3</sup>, Pierre Offre<sup>2</sup>, Gergely J. Szöllösi<sup>4,5</sup>, Celine Petitjean<sup>6</sup> and Tom A. Williams<sup>6</sup>

<sup>1</sup>School of Earth Sciences, University of Bristol, Bristol BS8 1TD, U.K.; <sup>2</sup>NIOZ, Royal Netherlands Institute for Sea Research, Department of Marine Microbiology and Biogeochemistry, and Utrecht University, P.O. Box 59, NL-1790 AB Den Burg, The Netherlands; <sup>3</sup>Department of Cell and Molecular Biology, Science for Life Laboratory, Uppsala University, SE-75123, Uppsala, Sweden; <sup>4</sup>MTA-ELTE Lendület Evolutionary Genomics Research Group, 1117 Budapest, Hungary; <sup>5</sup>Department of Biological Physics, Eötvös Loránd University, 1117 Budapest, Hungary; <sup>6</sup>School of Biological Sciences, University of Bristol, Bristol BS8 1TD, U.K.

- + Comparten la arquitectura genómica (ricos en secuencias codificantes)
- + El rango de tamaño es menor para archaea
  - + No presentan tanta reducción genómica para endosimbiontes y parásitos
- + Presentan menor diversidad



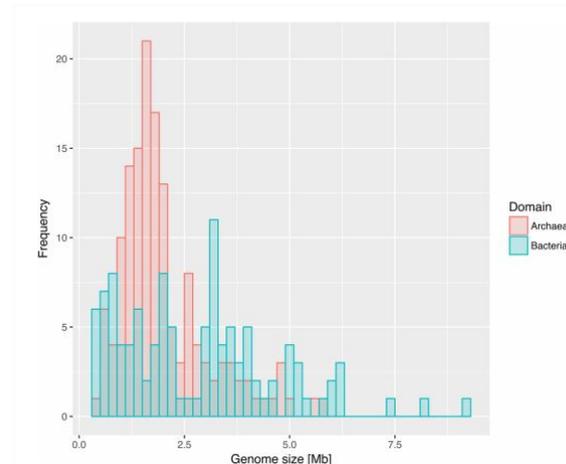
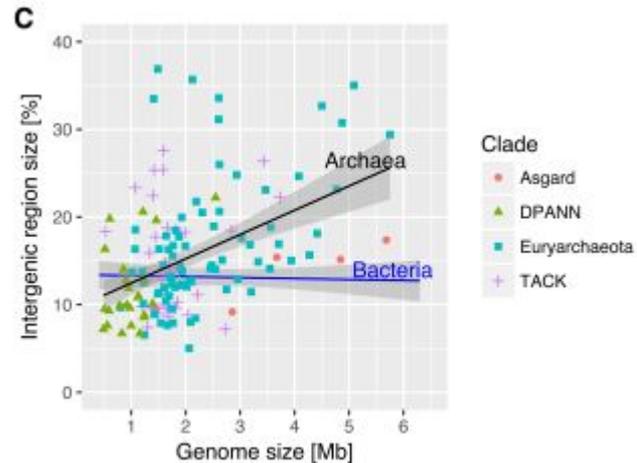
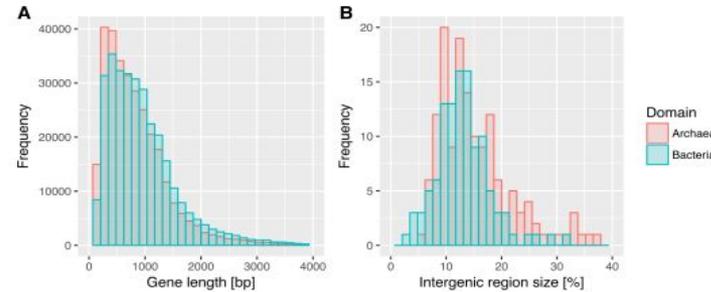
# Archaea

## Review Article

## Genome size evolution in the Archaea

Siri Kellner<sup>1</sup>, Anja Spang<sup>2,3</sup>, Pierre Offre<sup>2</sup>, Gergely J. Szöllösi<sup>4,5</sup>, Celine Petitjean<sup>6</sup> and Tom A. Williams<sup>6</sup>

<sup>1</sup>School of Earth Sciences, University of Bristol, Bristol BS8 1TD, U.K.; <sup>2</sup>NOZ, Royal Netherlands Institute for Sea Research, Department of Marine Microbiology and Biogeochemistry, and Utrecht University, P.O. Box 59, NL-1790 AB Den Burg, The Netherlands; <sup>3</sup>Department of Cell and Molecular Biology, Science for Life Laboratory, Uppsala University, SE-75123, Uppsala, Sweden; <sup>4</sup>MTA-ELTE Lendület Evolutionary Genomics Research Group, 1117 Budapest, Hungary; <sup>5</sup>Department of Biological Physics, Eötvös Loránd University, 1117 Budapest, Hungary; <sup>6</sup>School of Biological Sciences, University of Bristol, Bristol BS8 1TD, U.K.





# Eucariotas

- + Membranas lipídicas - núcleo / mitocondria / plástidos
- + Empaquetamiento ADN - nucleosomas
- + Cromosomas lineales, telómeros

El aumento del tamaño genómico en eucariotas multicelulares es una consecuencia de la expansión de ADN no codificante, incluyendo intrones y elementos transponibles.

1nt = 0,34 nm

*E. intestinalis* 1.5mm

*H. sapiens* 2m

*P. japonica* 100m

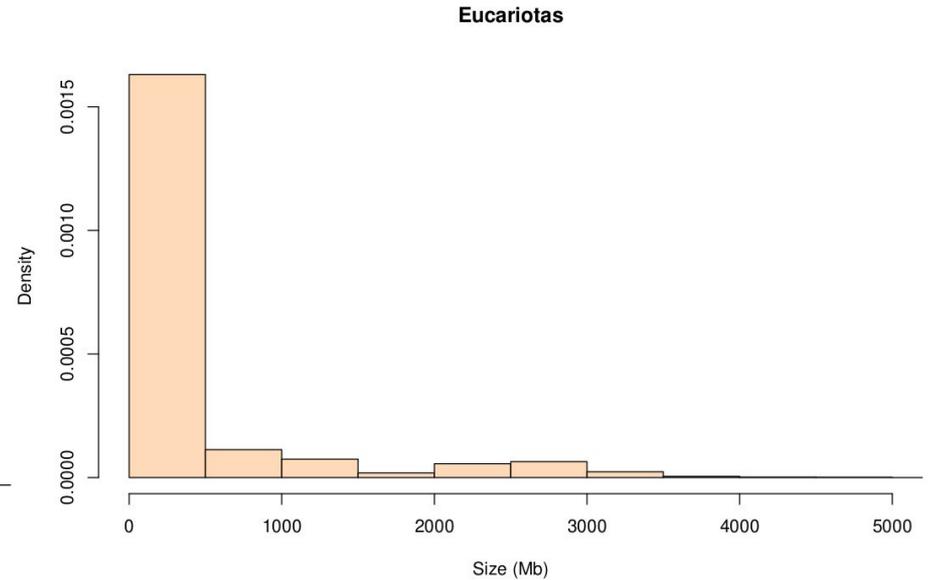
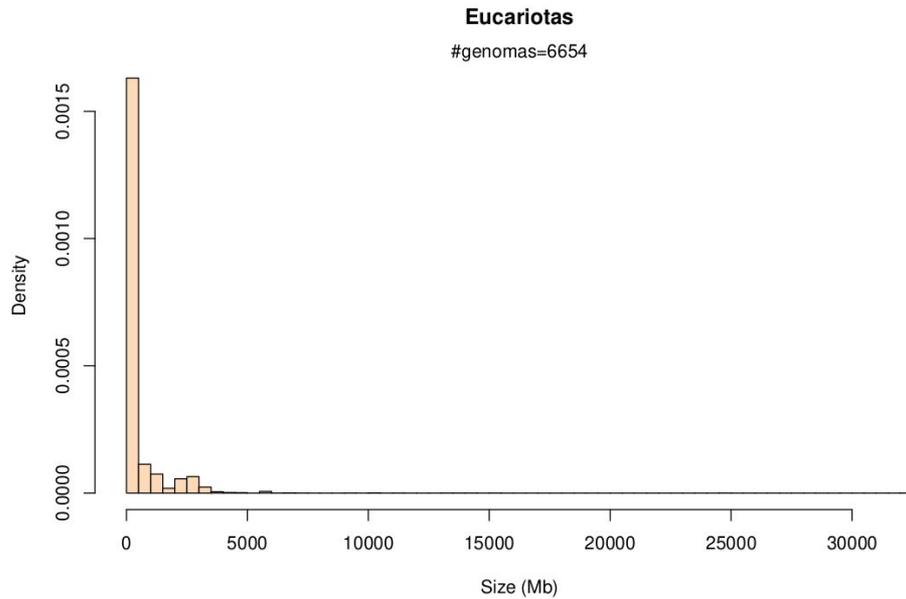
# Eucariotas

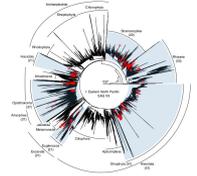
- + Gran variación de tamaño (factor 60.000)
- + El aumento del tamaño genómico es una consecuencia de la expansión de ADN no codificante
  - + Intrones
  - + Elementos transponibles
  - + Secuencias repetitivas
- +





# Eucariotas

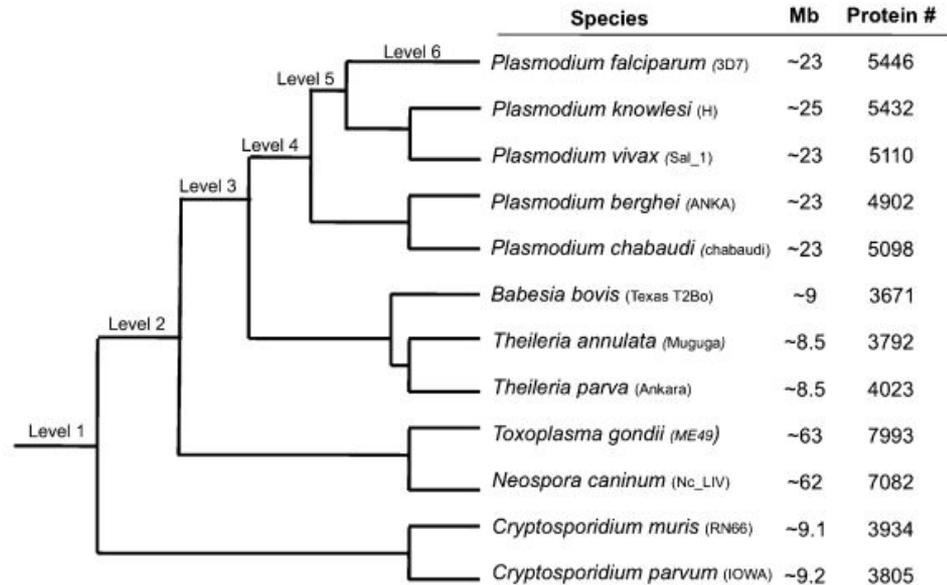
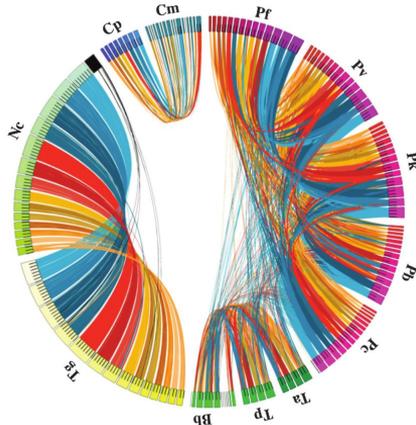




## Jumbled Genomes: Missing Apicomplexan Synteny

Jeremy D. DeBarry<sup>\*,1,2</sup> and Jessica C. Kissinger<sup>1,2,3</sup>

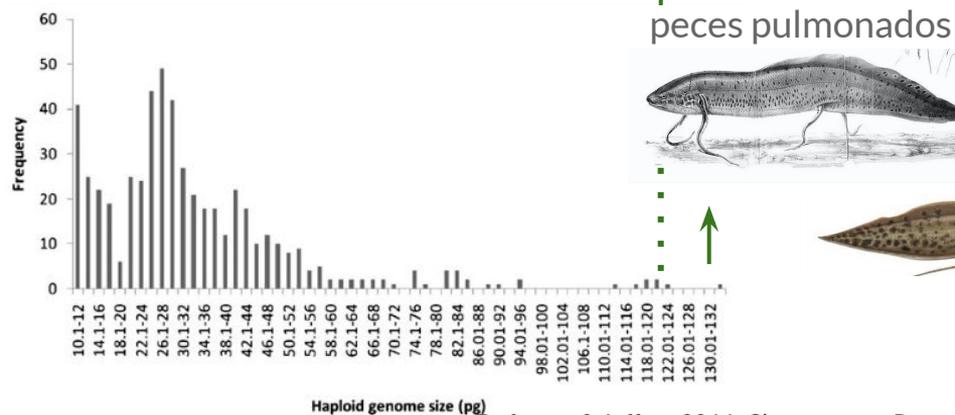
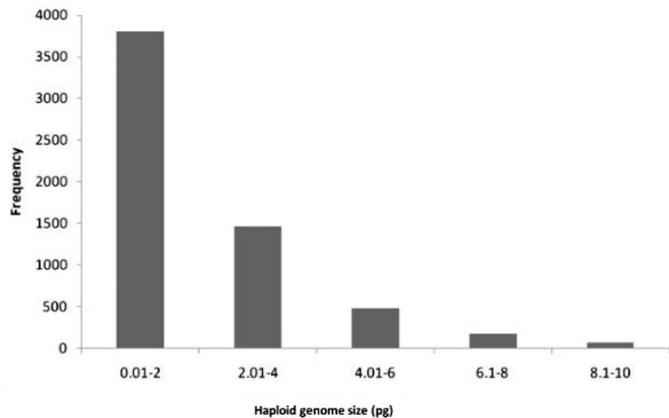
# Eucariotas - Unicelulares



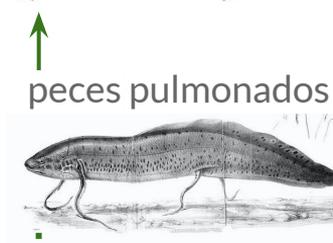


# Eucariotas - Animales

- + Gran variación de tamaño (factor 7.000)
- + La gran mayoría no son “grandes” genomas
- + < 10% superan los 10pg (1 pg = 978 Mb)
- + Ganancia y pérdida de ADN en los distintos grupos (ej: roedores)



salamandras



peces pulmonados



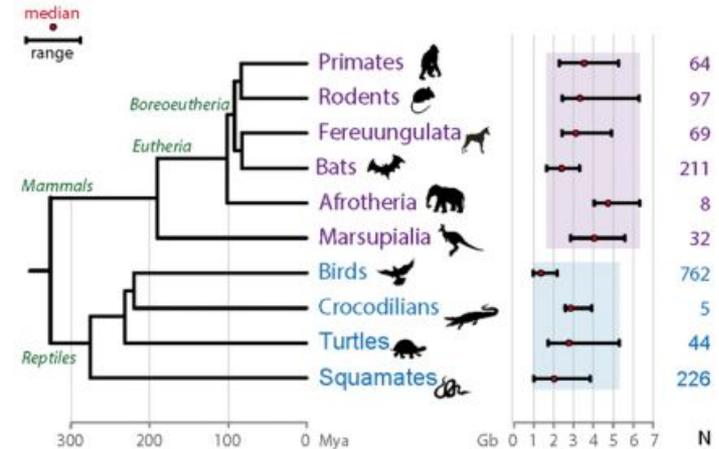
# Dynamics of genome size evolution in birds and mammals

Aurélie Kapusta<sup>a</sup>, Alexander Suh<sup>b</sup>, and Cédric Feschotte<sup>a,1</sup>

<sup>a</sup>Department of Human Genetics, University of Utah School of Medicine, Salt Lake City, UT 84112; and <sup>b</sup>Department of Evolutionary Biology, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, SE-752 36 Uppsala, Sweden

## Eucariotas - Animales

- + Poca variación comprados con otros taxones,
  - + 1-2.1Gb aves, 1.6-6.3Gb mamíferos
- + pero...
  - + Distintos linajes presentan diferente cantidad de ET



**Fig. 1.** Genome size variation in amniotes. Cytoplological haploid genome size ranges of different groups of species are shown as black bars (from smallest

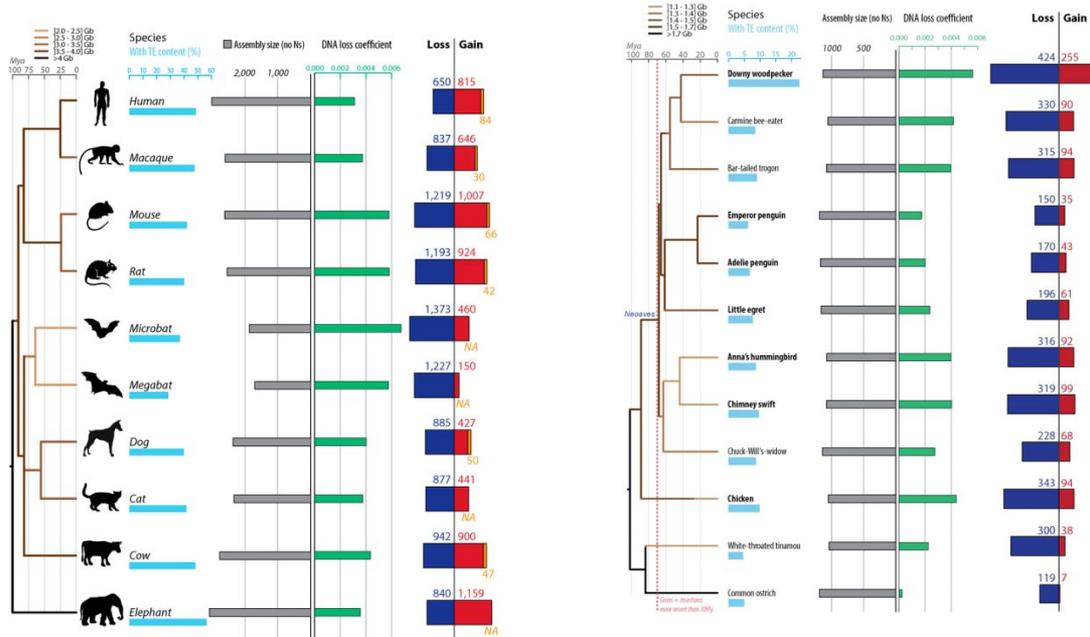


# Dynamics of genome size evolution in birds and mammals

Aurélie Kapusta<sup>a</sup>, Alexander Suh<sup>b</sup>, and Cédric Feschotte<sup>a,1</sup>

<sup>a</sup>Department of Human Genetics, University of Utah School of Medicine, Salt Lake City, UT 84112; and <sup>b</sup>Department of Evolutionary Biology, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, SE-752 36 Uppsala, Sweden

## Eucariotas - Animales





# Eucariotas - Plantas

- + En plantas terrestres, factor de variación de tamaño de 2400.
- + Reciente gran aumento de información, pero sesgada
  - + Angiospermas (plantas con flores) solo hay datos para 2100 géneros de 14000.
  - + Estimaciones para solo el 3% de las especies
  - + Varían entre 61Mb y 148.000Mb

	Min. (Mb)	Max. (Mb)	Mean (Mb)	Mode (Mb)	Median (Mb)	Range in Absolute GS (Mb)	Range (Max./Min.)	Approx. no. of Species Recognised	No. of Species in the Plant DNA C-Values Database	Approx. % Species Representation in the Plant DNA C-Values Database
<b>Bryophytes</b>										
Hornworts	156	714	244	176	205	558	4-fold	250	23	9.2
Liverworts	206	20,010	1844	740	751	19,804	97-fold	5,000	102	2.0
Mosses	170	2004	504	442	433	1834	12-fold	12,000	184	1.7
<b>Pteridophytes</b>										
Lycophytes	78	11,704	1165	117	127	11,626	150-fold	900	57	6.3
Monilophytes	748	147,297	14,320	12,073	11,110	146,549	196-fold	11,000	246	2.2
<b>Spermatophytes</b>										
Gymnosperms	2201	35,208	17,947	21,614	21,614	33,007	16-fold	1026	421	41.0
Angiosperms	61	148,852	5020	587	1663	148,791	2440-fold	352,000	10,768	3.1



# Eucariotas - Plantas

- + En plantas terrestres, factor de variación de tamaño de 2400.
- + Reciente gran aumento de información, pero sesgada
  - + Angiospermas (plantas con flores) solo hay datos para 2100 géneros de 14000.
  - + Estimaciones para solo el 3% de las especies
  - + Varían entre 61Mb y 148.000Mb



*Pterothamnion plumula*  
10 Mb (alga)

*Genlisea tuberosa* 61Mb (angiosperma)  
*Selaginella selaginoides* 78Mb (lycophyta)

*Paris japonica* 149.000 Mb (angiosperma)  
*Tmesipteris obliqua* 147.000 Mb  
(helecho tenedor / helechos colgantes)

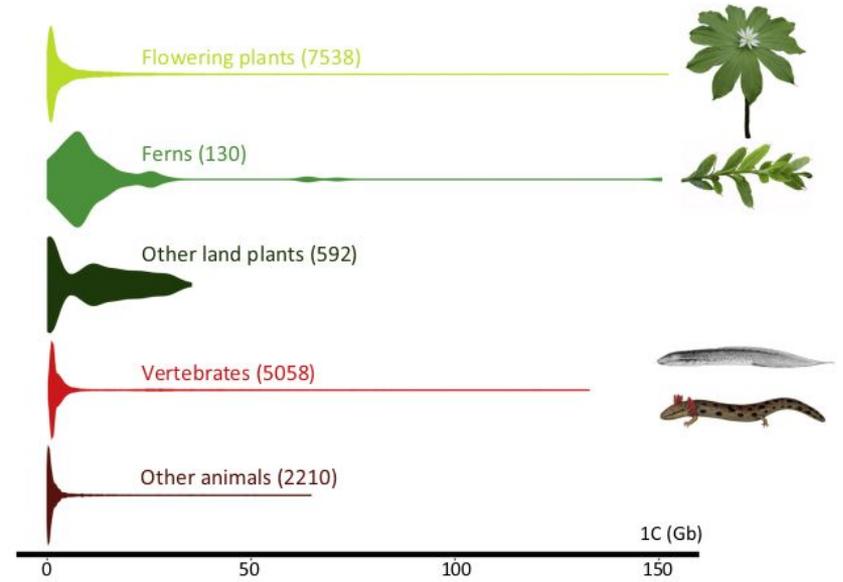


# Existe un tamaño máximo?

- + Mayoría de los eucariotas poseen tamaños pequeños
- + Genomas gigantes importantes para entender la evolución genómica
  - + Alto costo: secuenciación y análisis
  - + Datos limitantes
- + Todas las plantas de genomas gigantes son poliploides
- + Los genomas gigantes en animales no están relacionados con poliploidias recientes

# Tope 150Gb?

- 1) Costo energético.
- 2) Integridad
- 3) Espacio físico y tiempo

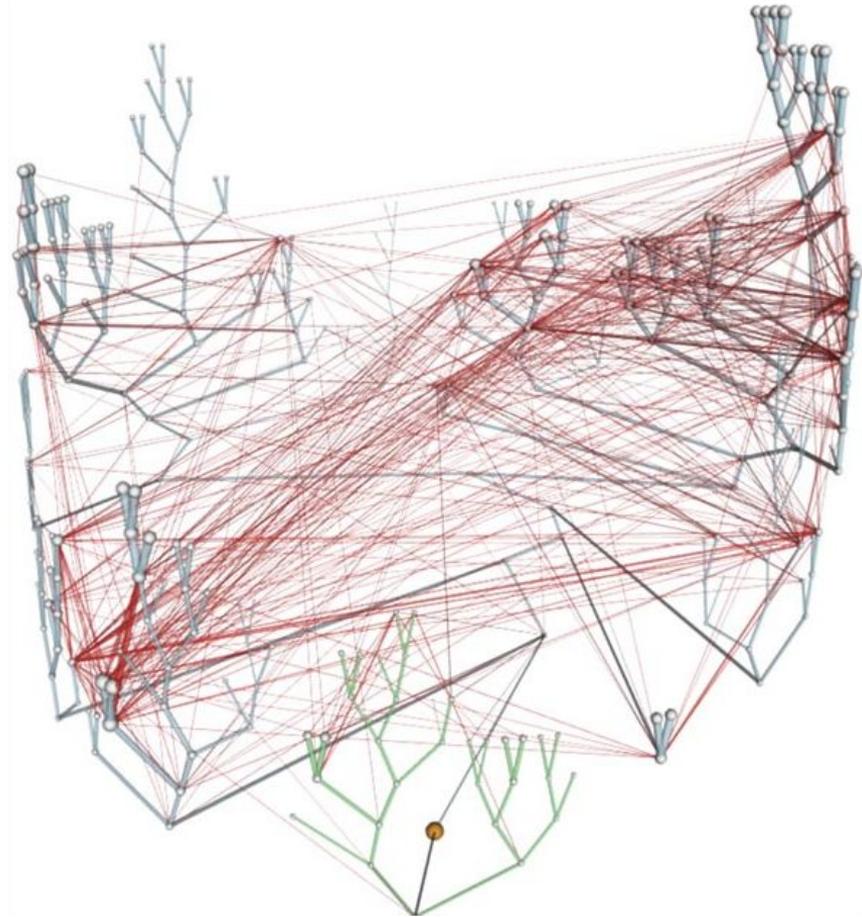
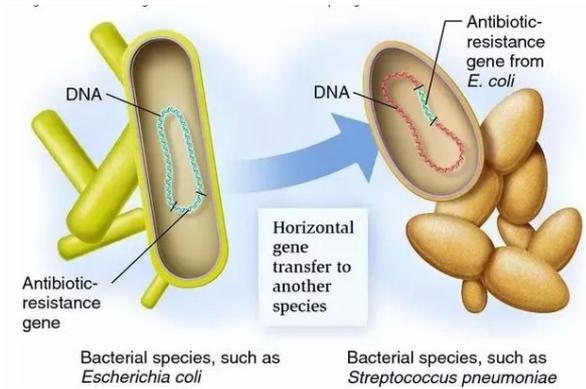




# Modulación del tamaño genómico

- + HGT
- + Elementos transponibles
- + Duplicaciones
- + Deleciones

# HGT





# HGT

## Horizontal Transfer, Not Duplication, Drives the Expansion of Protein Families in Prokaryotes

Todd J. Treangen<sup>1,2,3\*</sup>, Eduardo P. C. Rocha<sup>1,2,3</sup>

**1** Institut Pasteur, Microbial Evolutionary Genomics, Département Génomes et Génétique, Paris, France, **2** CNRS, URA2171, Paris, France, **3** UPMC Université Pierre et Marie Curie, Atelier de Bioinformatique, Paris, France

+ Expansión y contracción de familias -> variación de tamaño genómico (procariotas)

### Duplicaciones

- cerca del gen del que provienen
- requieren neo o sub-funcionalización
- se expresan más
- conservados en secuencia, redes regulatorias y interacciones físicas

### Xenólogos

- pueden conferir una ventaja en el momento que son adquiridos
- expresión media
- menor proporción de deleciones - tienden a persistir por más tiempo en las poblaciones

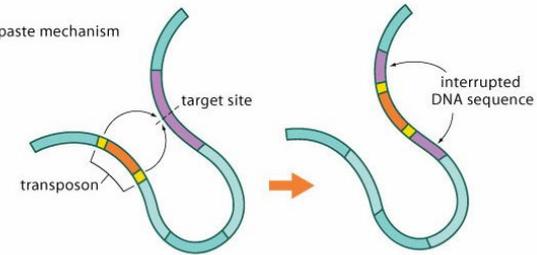
# Elementos transponibles (móviles)

- + Transposones de ADN (cut and paste)
- + Retrotransposones (copy and paste)
- Autónomos
- No autónomos

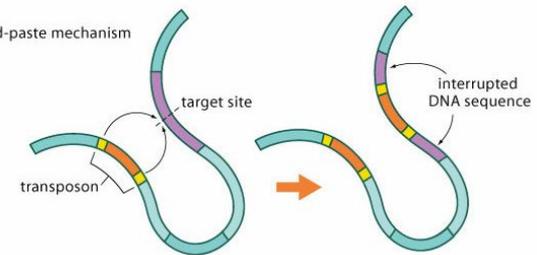
El 30% del genoma humano son TE autónomos (entre 6 y 16Kb)  
y el 13% no autónomos

## Two methods of transposition:

### 1. Cut-and-paste mechanism



### 2. Copy-and-paste mechanism



## Genome Size Evolution: Small Transposons with Large Consequences

Alexander Suh

Department of Evolutionary Biology, Evolutionary Biology Centre (EBC), Science for Life Laboratory, Uppsala University, SE-752 36, Uppsala, Sweden

Correspondence: [alexander.suh@ebc.uu.se](mailto:alexander.suh@ebc.uu.se)  
<https://doi.org/10.1016/j.cub.2019.02.032>

Transposable elements (TEs) heavily influence genome size variation between organisms. A new study on larvacean tunicates now shows that even non-autonomous TEs — small TEs that parasitize the enzymatic machinery of large, autonomous TEs — can have a large impact on genome size.



Review

## Genome Size Diversity and Its Impact on the Evolution of Land Plants

Jaume Pellicer<sup>\*✉</sup>, Oriane Hidalgo, Steven Dodsworth and Ilia J. Leitch<sup>✉</sup>

Department of Comparative Plant and Fungal Biology, Royal Botanic Gardens, Kew TW9 3DS, UK; [o.hidalgo@kew.org](mailto:o.hidalgo@kew.org) (O.H.); [s.dodsworth@kew.org](mailto:s.dodsworth@kew.org) (S.D.); [i.leitch@kew.org](mailto:i.leitch@kew.org) (I.J.L.)

\* Correspondence: [j.pellicer@kew.org](mailto:j.pellicer@kew.org); Tel.: +44-208-332-5337

Received: 10 January 2018; Accepted: 5 February 2018; Published: 14 February 2018



### RESEARCH ARTICLE

### Open Access

Small, but surprisingly repetitive genomes: transposon expansion and not polyploidy has driven a doubling in genome size in a metazoan species complex

J. Blommaert<sup>1</sup>, S. Riss<sup>1</sup>, B. Hecox-Lea<sup>2</sup>, D. B. Mark Welch<sup>2</sup> and C. P. Stelzer<sup>1\*</sup>



### Current Biology Report

CellPress

## Massive Changes of Genome Size Driven by Expansions of Non-autonomous Transposable Elements

Magali Naville,<sup>1,5</sup> Simon Henriët,<sup>2,5</sup> Ian Warren,<sup>1</sup> Sara Sumic,<sup>2</sup> Magnus Reeve,<sup>2,4</sup> Jean-Nicolas Volff,<sup>1,\*</sup> and Daniel Chourrout<sup>2,3,6,\*</sup>



# Duplicaciones

- + Duplicaciones segmentales
  - + De 1000 a >200.000 nt
  - + Intra-cromosoma / inter-cromosomas
- + Duplicación cromosómica o genómica
  - + Aumenta el tamaño genómico
  - + Proveen variabilidad
  - + Neofuncionalización



# Deleciones

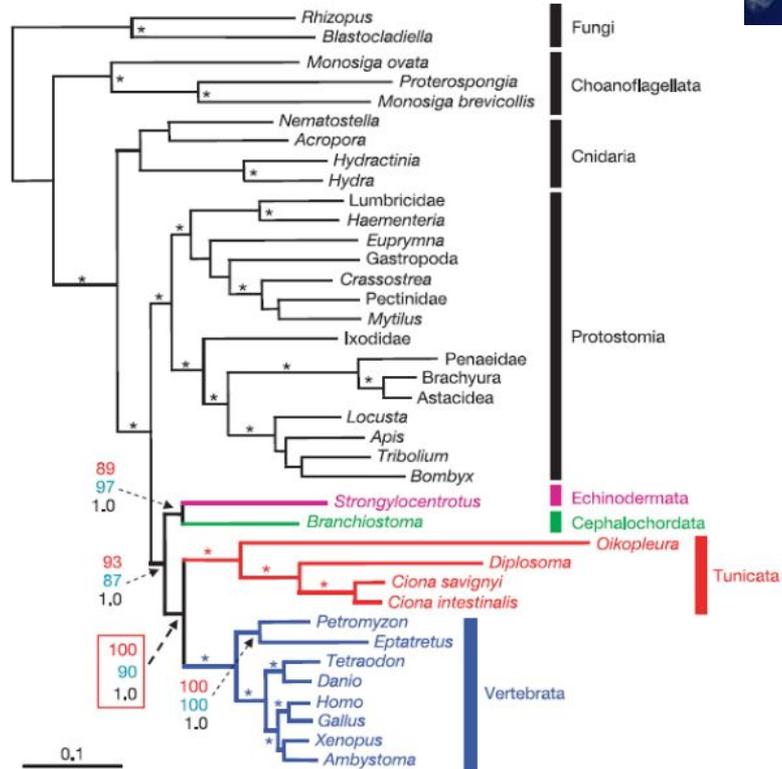
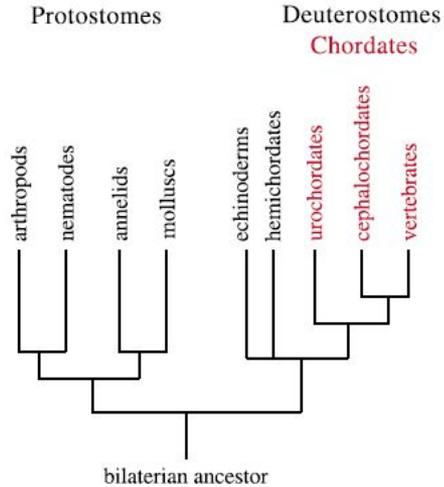
- + Pérdida de genes
  - + Pérdida de intrones
  - + compactación
- 
- Recombinación homóloga desigual
  - Strand slippage durante la replicación
  - Double strand breaks

# Reducción del GENOMA



2 EJEMPLOS

# Reducción del GENOMA



OLFACTORIOS

Luisa Berná<sup>1,2</sup> and Fernando Alvarez-Valín<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup>Sección Biomatemática, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

<sup>2</sup>Unidad de Biología Molecular, Institut Pasteur Montevideo, Montevideo, Uruguay

\*Corresponding author: E-mail: falvarez@fcien.edu.uy.

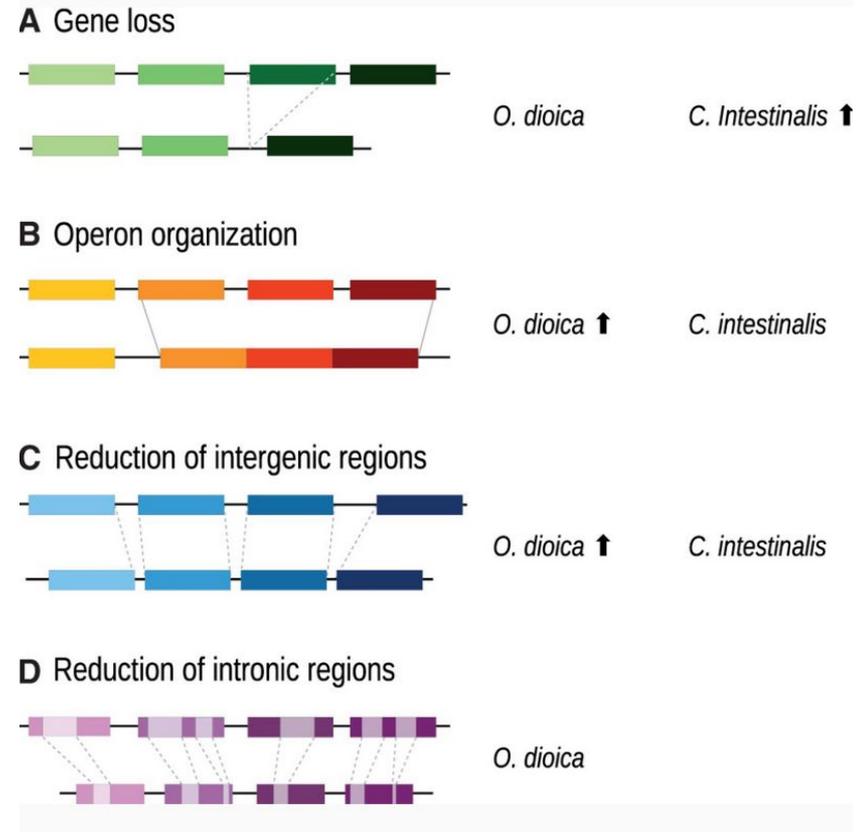
## Plasticidad genómica en Tunicados

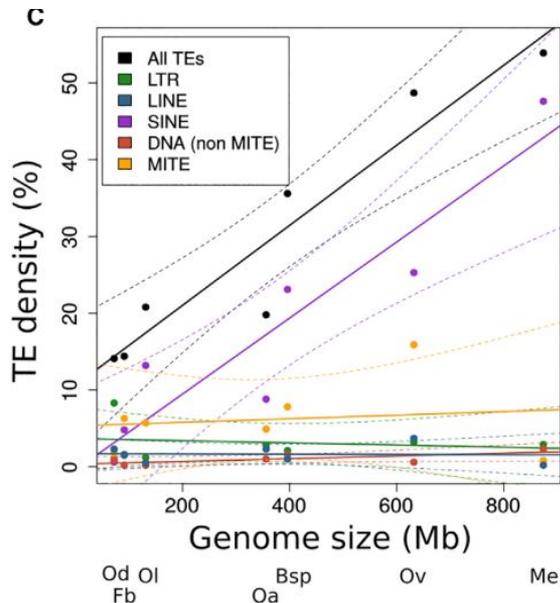
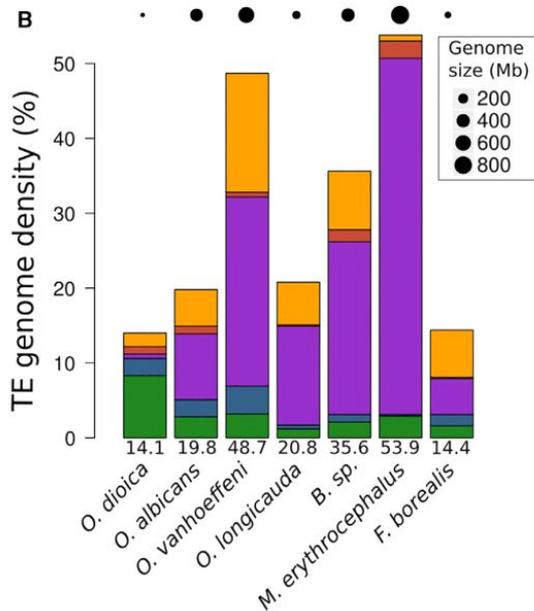
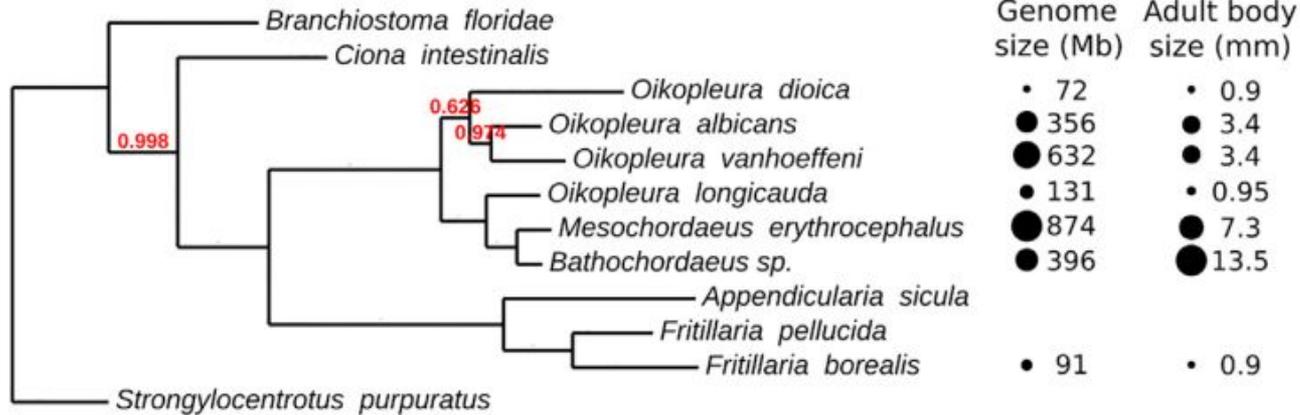
	<i>Oikopleura dioica</i>	<i>Ciona intestinalis</i>
Genome size	70 Mb	160Mb (190Mb <i>C. savignyi</i> )
Predicted number of genes	~18,000	~15,300 (12,600 <i>C. savignyi</i> )
Gene density	One gene per 3.9 kb	One gene per 10.5 kb (1/15kb <i>C. savignyi</i> )
Genome organized in operons	27% (4,997 genes in 1,761 operons)	19% (2,909 genes in 1,310 operons)
Intron size	Very small introns (peak at 47 bp).	Longer introns (peak at 300bp and a thinner peak at 60 bp)
Atypical intron boundaries	GA/AG (12% of genes)	GC/AG (512 introns, 0.53%)
Gene loss	Specific gene loss	Massive gene loss

# Plasticidad genómica en Tunicados

- Pérdida de genes en Ciona
- Reducción genómica en Oikopleura
  - Organización en operones
  - Reducción de regiones intergénicas
  - Reducción de regiones intrónicas
  - Pérdida de elementos transponibles

**Pérdida ≠ compactación**





# Cryptosporidium

Patógeno intracelular (humanos/animales)

Causa

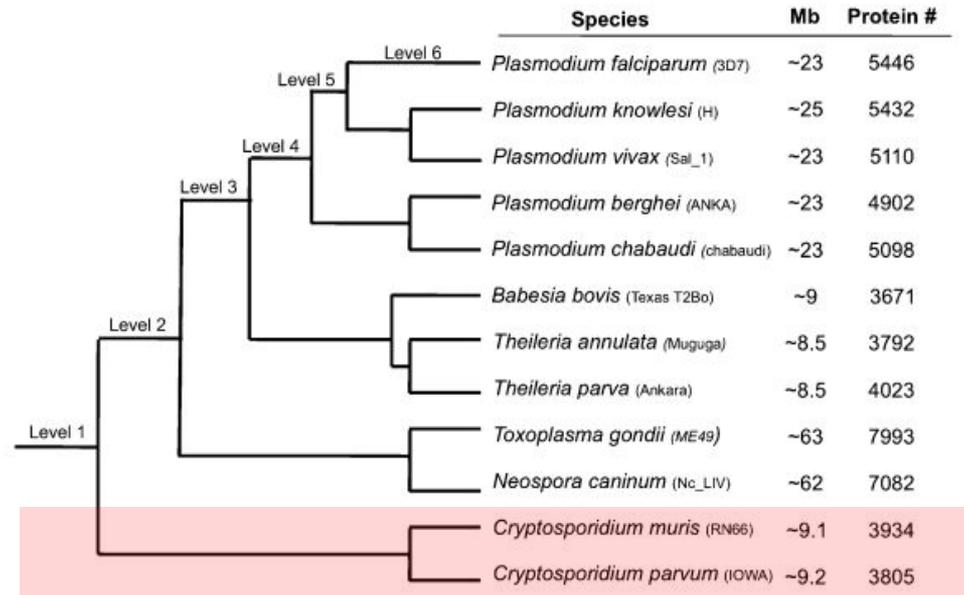
- Diarrea severa
- Infección prolongada y potencialmente mortal e pacientes inmunodeprimidos

*C. parvum* presenta 8Chr 9 .1Mb

La diferencia de tamaño genómico es el resultado

- Reducción de regiones intergénicas
- Pérdida y acortamiento de intrones
- Reducción del largo génico
- Menor cantidad de genes

## Apicomplejos



## Complete Genome Sequence of the Apicomplexan, *Cryptosporidium parvum*

Mitchell S. Abrahamsen,<sup>1,2\*†</sup> Thomas J. Templeton,<sup>3†</sup>  
Shinichiro Enomoto,<sup>1</sup> Juan E. Abrahante,<sup>1</sup> Guan Zhu,<sup>4</sup>  
Cheryl A. Lancto,<sup>1</sup> Mingqi Deng,<sup>1</sup> Chang Liu,<sup>1‡</sup>  
Giovanni Widmer,<sup>5</sup> Saul Tzipori,<sup>5</sup> Gregory A. Buck,<sup>6</sup> Ping Xu,<sup>6</sup>  
Alan T. Bankier,<sup>7</sup> Paul H. Dear,<sup>7</sup> Bernard A. Konfortov,<sup>7</sup>  
Helen F. Spriggs,<sup>7</sup> Lakshminarayan Iyer,<sup>8</sup> Vivek Anantharaman,<sup>8</sup>  
L. Aravind,<sup>8</sup> Vivek Kapur<sup>2,9</sup>

Preview

Reduction and Compaction in the Genome of the  
Apicomplexan Parasite *Cryptosporidium parvum*

Patrick J. Keeling 

# Cryptosporidium

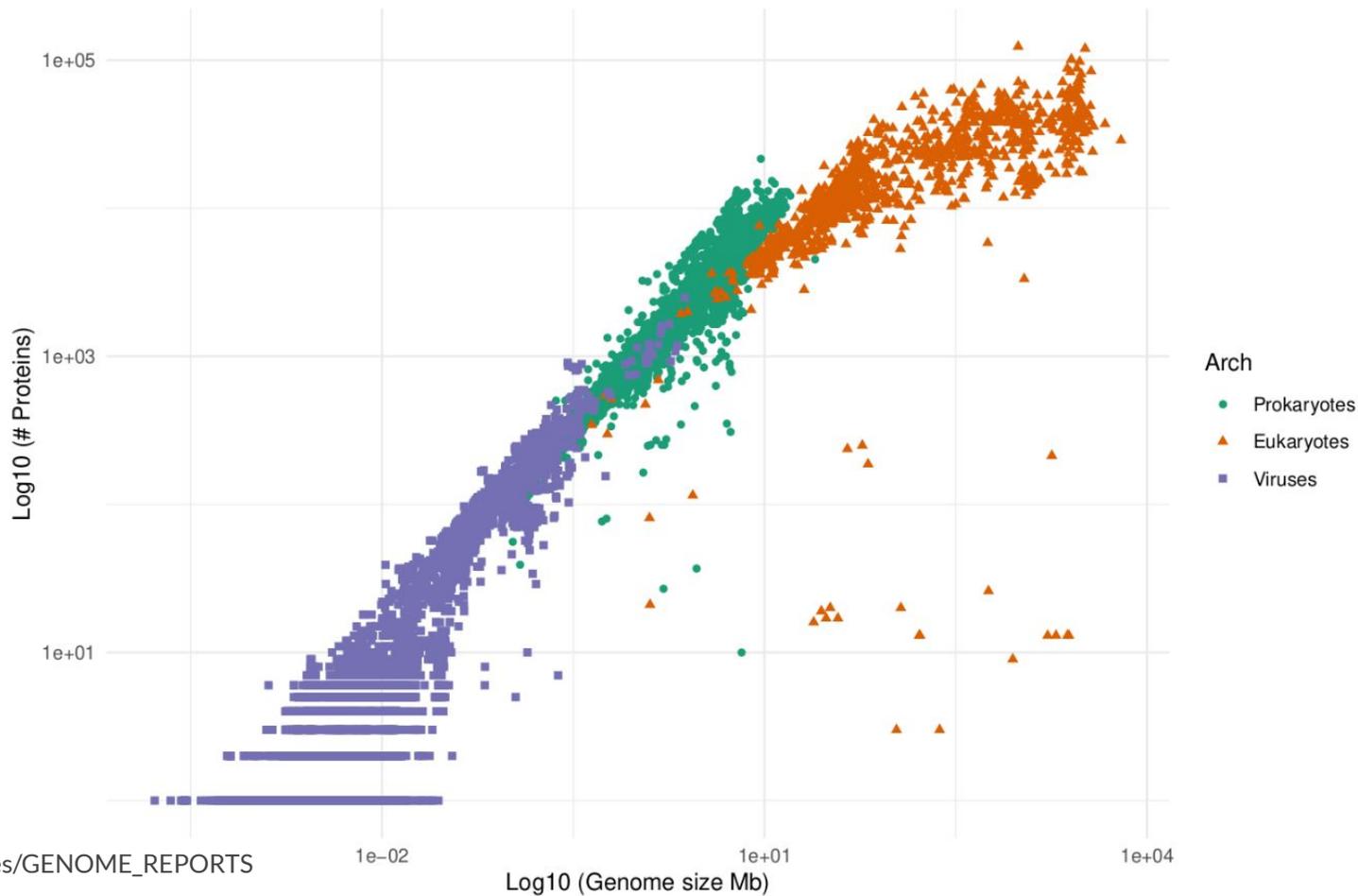
**Table 2.** Comparison between predicted *C. parvum* and *P. falciparum* proteins.

Feature	<i>C. parvum</i>	<i>P. falciparum</i> *	Common†
Total predicted proteins	3807	5268	1883
Mitochondrial targeted/encoded	17 (0.45%)	246 (4.7%)	15
Apicoplast targeted/encoded	0	581 (11.0%)	0
<i>var/rif/stevor</i> ‡	0	236 (4.5%)	0
Annotated as protease§	50 (1.3%)	31 (0.59%)	27
Annotated as transporter	69 (1.8%)	34 (0.65%)	34
Assigned EC function¶	167 (4.4%)	389 (7.4%)	113
Hypothetical proteins	925 (24.3%)	3208 (60.9%)	126

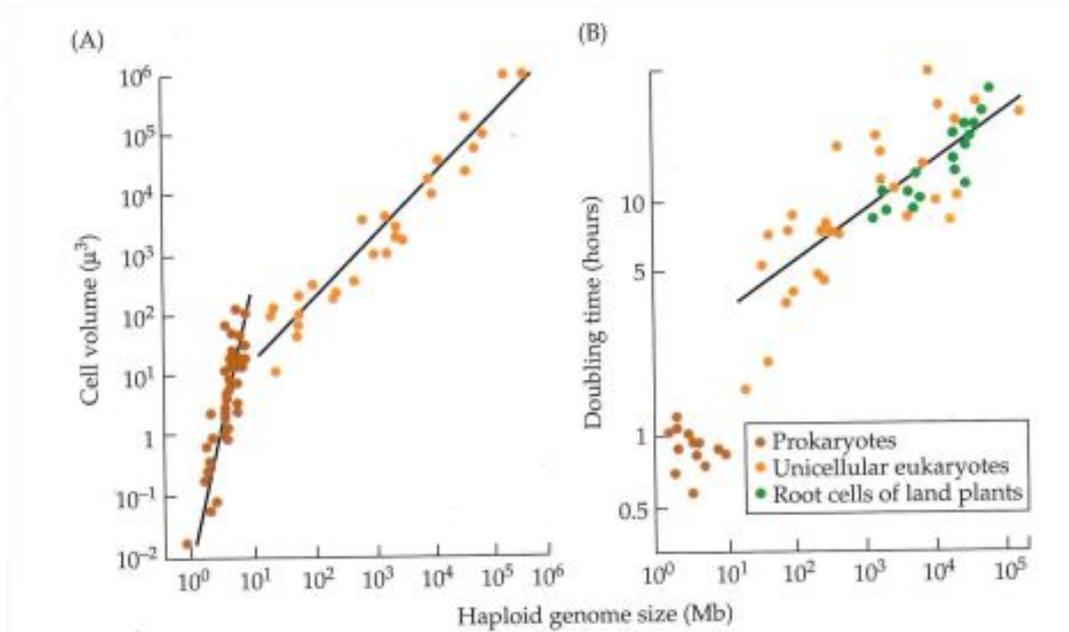
Datos recientes



10.000 Virus  
97.000 Procariotas  
1.563 Eucariotas



# ADN egoísta y de relleno...



- Selfish DNA (Doolittle and Sapienza, Orgel and Crick)'80

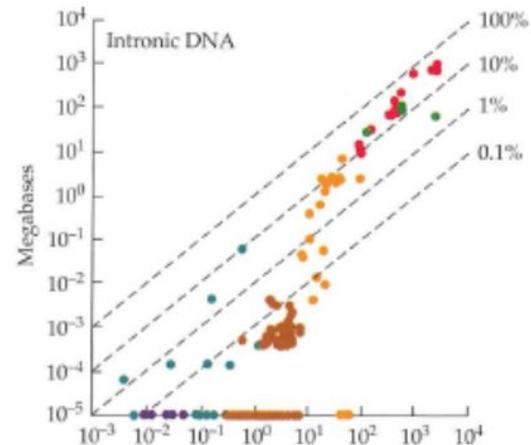
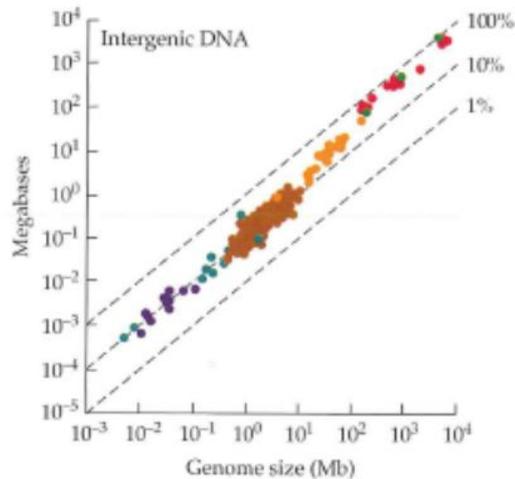
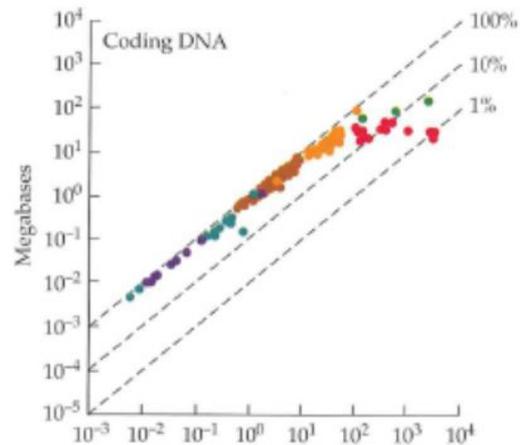
Aumento del tamaño genómico por expansión de EM

- Bulk DNA (Commoner, Benett, Cavalier-Smith)'60 '70

Aumento del tamaño producto directo de la selección natural

- Volumen nuclear
- Tamaño celular
- Tasa de división celular

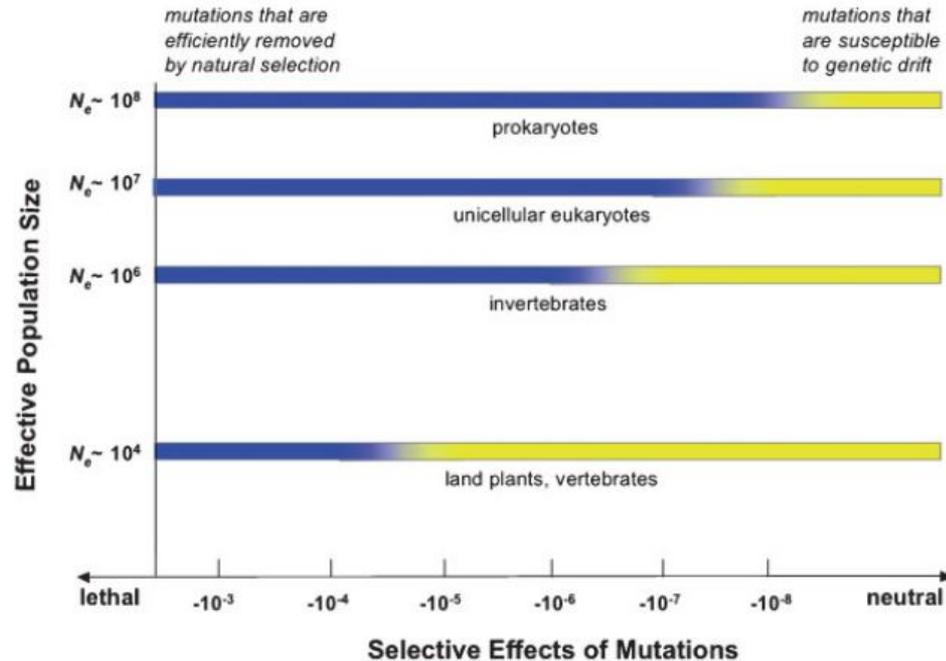
# Lynch



- Land plant nuclear genome
- Animal nuclear genome
- Unicellular eukaryote nuclear genome
- Prokaryote
- Eukaryotic DNA virus
- Bacteriophage

*“en última instancia el tamaño genómico es la consecuencia neta de ganancia y pérdida de ADN. O sea en las tasas relativas de inserciones y deleciones y la habilidad de la selección natural de promover, o eliminar dichos cambios”*

# Lynch





## What's in a genome? The C-value enigma and the evolution of eukaryotic genome content

Tyler A. Elliott and T. Ryan Gregory

Department of Integrative Biology, University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada N1G 2W1

Some notable exceptions aside, eukaryotic genomes are distinguished from

Analizan el tamaño de 502 genomas

148 animales

81 plantas

202 hongos

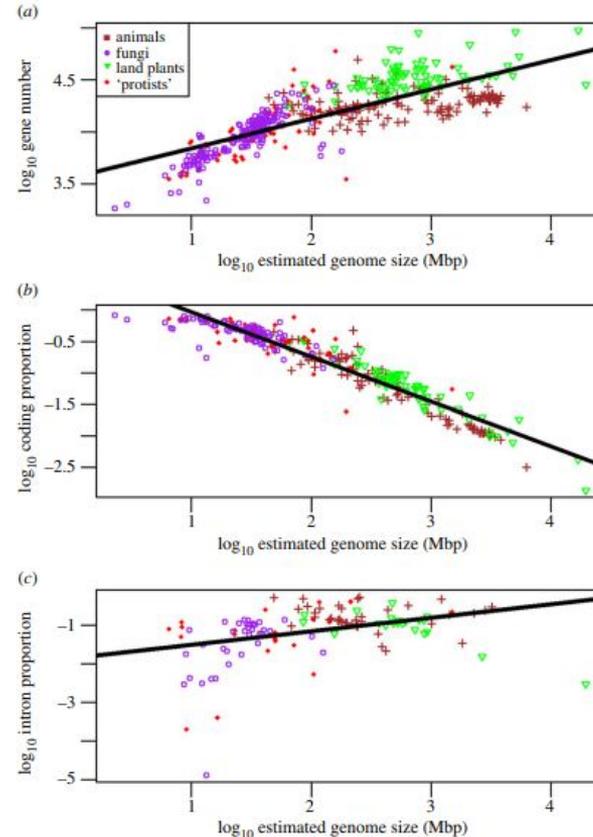
70 protistas

Correlación entre el tamaño genómico

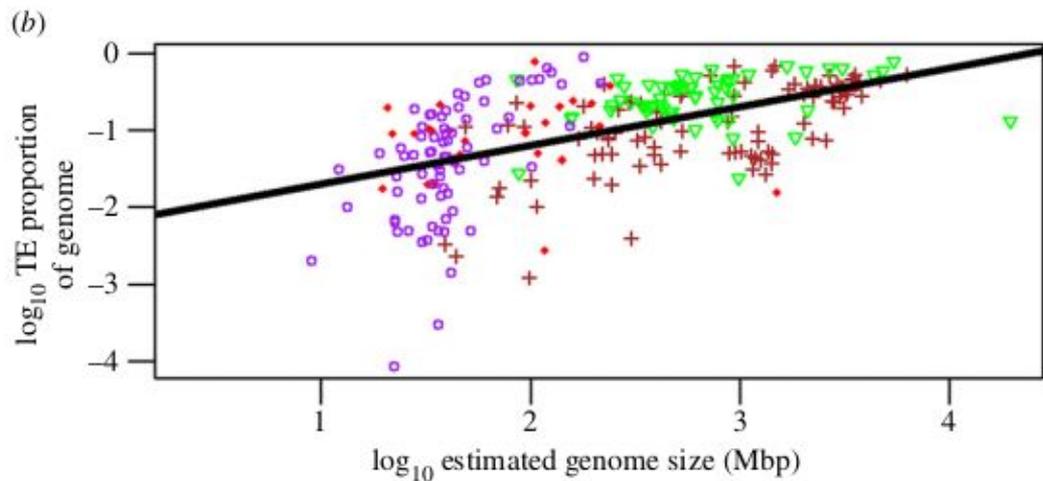
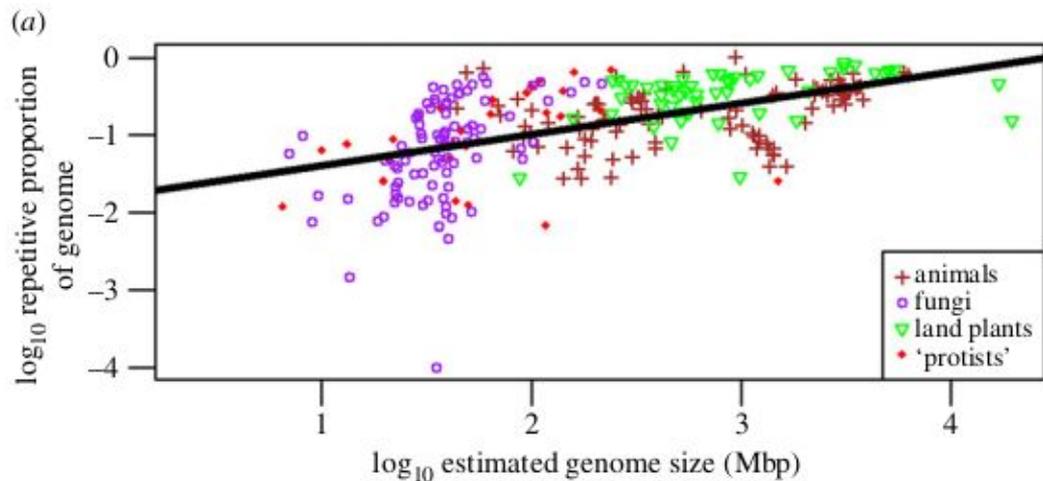
El número de genes codificantes

El número de genes y regiones codificantes

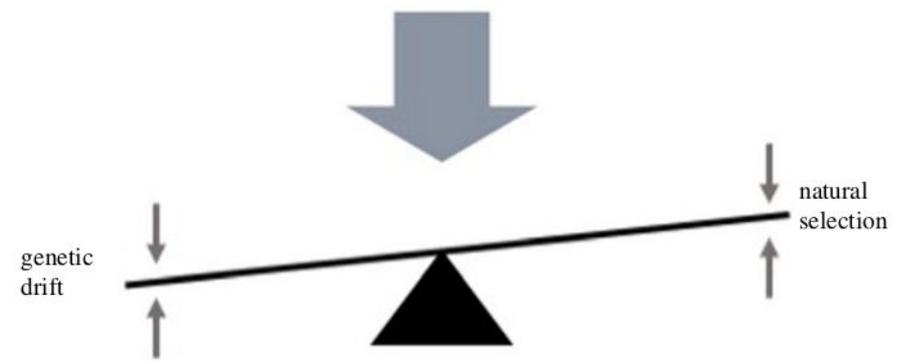
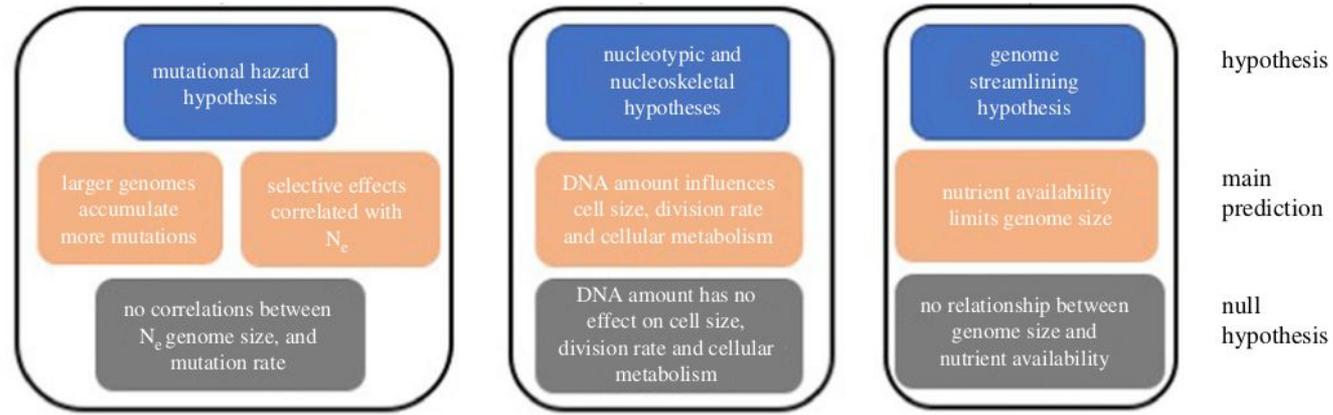
El número de intrones y contenido intrónico



**Figure 2.** Relationships between genome size and (a) gene number, (b) percentage of the genome consisting of protein-coding genes, and (c) proportion of the genome consisting of introns. (Online version in colour.)



# Hipótesis evolutivas





# C-value paradox // C-value enigma

- + Contenido de ADN no codificante, resuelve el paradigma

Qué tipo de secuencias están presentes en los genomas eucariotas?

Cómo contribuyen en la variabilidad del tamaño genómico?

Cómo estos elementos se acumulan o se pierden a lo largo de la evolución?

Estas regiones no codificantes tienen una función en la biología de los organismos?

Por qué algunos genomas se mantienen racionalizados y otros adquieren un inmenso tamaño?