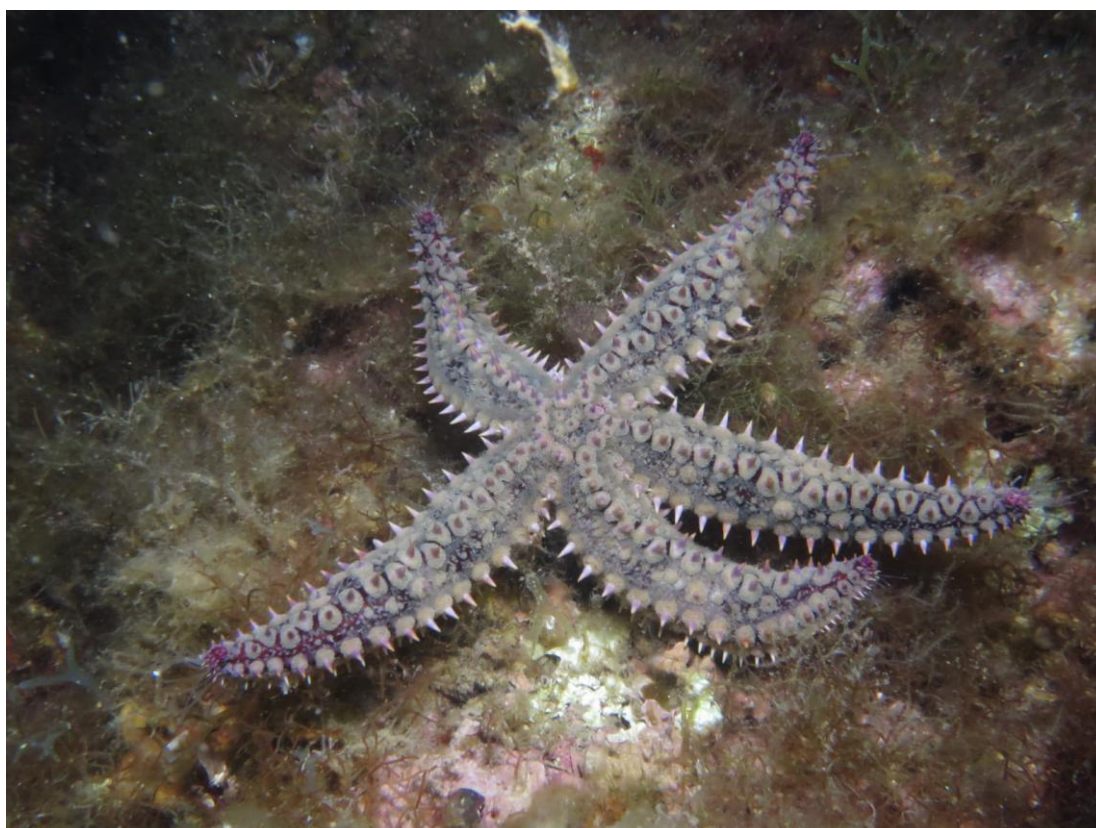


NOTA DE PRENSA

La estructura del genoma de una estrella de mar podría explicar cómo consigue adaptarse a ambientes marinos muy diversos

Un equipo científico de la Estación Biológica de Doñana y la Universidad de Barcelona ha descubierto que casi una quinta parte del genoma de la estrella de mar espinosa está organizada de formas distintas según el ambiente en el que viven.



La estrella de mar espinosa (Marthasterias glacialis) habita entornos rocosos desde el Atlántico nororiental hasta los archipiélagos de la Macaronesia y en todo el Mar Mediterráneo. Crédito: Xavier Salvador

Sevilla, 31 de agosto de 2026. A simple vista, las poblaciones de estrella de mar espinosa que habitan el Mediterráneo y las que viven en las frías aguas de las Islas Británicas parecen pertenecer a una misma especie sin grandes diferencias. Sin embargo, su genoma cuenta otra historia. Un equipo científico liderado desde la Estación Biológica de Doñana y la Universidad de Barcelona ha descubierto que esta especie presenta un número inusualmente elevado de inversiones cromosómicas, grandes fragmentos de cromosomas que aparecen “del revés” en algunos individuos. Estas inversiones afectan al 18,6% de su genoma y parecen estar asociadas a distintas condiciones ambientales.

“Lo más interesante es que las variantes de estas inversiones no se distribuyen al azar entre las poblaciones estudiadas, sino que aparecen asociadas a distintas regiones geográficas”, explica Carlos Leiva, investigador de la Estación Biológica de Doñana. “Muchas de ellas son más frecuentes en regiones cálidas y salinas como el Mediterráneo, mientras que otras aparecen asociadas a zonas más frías, como las Islas Británicas”.

Dentro de estas regiones inversas se han encontrado genes relacionados con respuesta al estrés térmico, osmorregulación, respuesta inmune y percepción ambiental, un fenómeno que será necesario validar con estudios experimentales. No obstante, estos resultados apuntan a que, además de las mutaciones puntuales, la forma en que está organizado el genoma puede ser especialmente importante para entender cómo una especie se adapta a ambientes diferentes, incluso cuando sus poblaciones están muy conectadas entre sí, como es el caso de la estrella de mar espinosa.

Un mecanismo para conservar adaptaciones locales

El hallazgo resulta especialmente llamativo por un fenómeno habitualmente frecuente en organismos marinos: la movilidad de sus larvas a grandes distancias. Aunque las estrellas de mar adultas tienen una movilidad más reducida, sus larvas pueden recorrer cientos de kilómetros impulsadas por las corrientes oceánicas, mezclando continuamente a sus poblaciones. En teoría, esa conexión debería dificultar que aparezcan grandes diferencias adaptativas entre regiones. Sin embargo, el estudio demuestra que existen zonas del genoma que escapan a esa mezcla.

El estudio revela que determinadas regiones del genoma se recombinan, se “mezclan”, mucho menos que el resto, lo que hace que se mantengan diferenciadas entre poblaciones. “Estas regiones actúan como bloques que se heredan conjuntamente, conservando así combinaciones de genes beneficiosas para vivir en condiciones ambientales concretas, con diferencias de temperatura o salinidad”, explica Marta Martín Huete, investigadora predoctoral de la Universidad de Barcelona.

Casi 300 ejemplares estudiados a lo largo del Atlántico y el Mediterráneo

Para averiguar si existían diferencias ocultas en el genoma de la especie, el equipo científico analizó muestras de casi 300 ejemplares de *Marthasterias glacialis* procedentes de 19 localidades distribuidas por

el Atlántico nororiental y el Mediterráneo occidental, incluyendo las Islas Británicas, las Azores, la costa atlántica europea y el Mediterráneo.

El equipo analizó miles de marcadores distribuidos por todo el genoma y los comparó con un genoma de referencia de la especie. Este enfoque permitió identificar las regiones compatibles con inversiones cromosómicas y estudiar cómo se distribuían entre las distintas poblaciones. Además, los datos genéticos se combinaron con información ambiental sobre temperatura y salinidad, lo que permitió explorar si las inversiones cromosómicas podrían estar relacionadas con adaptaciones locales.

Implicaciones para la conservación de la biodiversidad marina

El trabajo también revela que una especie ampliamente distribuida, con poblaciones conectadas y aparentemente homogéneas puede esconder una importante diversidad adaptativa en su genoma. Esto sugiere que distintas poblaciones de una misma especie podrían responder de manera diferente a fenómenos como el calentamiento del océano o los cambios en la salinidad.

Además, los resultados aportan una nueva perspectiva sobre los mecanismos que impulsan la evolución de la biodiversidad marina. El estudio pone de manifiesto que los cambios en la estructura del genoma pueden ser tan importantes como las diferencias puntuales en el ADN para favorecer la adaptación de las especies.

“Estos resultados abren la puerta a nuevos estudios para comprobar si estas inversiones cromosómicas se traducen efectivamente en diferencias biológicas entre individuos, como una mayor tolerancia al calor, resistencia a cambios de salinidad, variaciones en el crecimiento o la reproducción”, explica Carlos Leiva.

Lo que comenzó como un estudio sobre una estrella de mar ha revelado una nueva forma de entender cómo evolucionan los organismos marinos. Si futuras investigaciones confirman que estas inversiones cromosómicas determinan la capacidad de adaptarse al calor o a la salinidad, *Marthasterias glacialis* podría convertirse en un modelo para estudiar cómo muchas especies marinas pueden responder en un futuro a un océano marcado por el cambio climático.

En el estudio ha participado personal investigador de la Estación Biológica de Doñana, la Universidad de Barcelona (UB), el Institut de Recerca de la Biodiversitat (IRBio-UB), así como de la Universidad de Guam, del Institut Botànic de Barcelona (IBB-CSIC) y la Universidad de Rennes

Referencia del artículo:

Martín-Huete M., García-Berro A., Mérot C., Pérez-Portela R., Leiva C. (Accepted) Hidden genomic structure and widespread structural polymorphism across environmental gradients in the spiny sea star *Marthasterias glacialis*. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*.

<https://www.doi.org/10.1098/rspb.2026.0791>