



NOTA DE PRENSA

@mncn_csic

www.mncn.csic.es

Los resultados acaban de publicarse en la revista [PNAS](#)

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

- ♦ Los virus evolucionan en distintos entornos mediante la exploración de enormes redes genéticas estructuradas de manera fractal y jerárquica
- ♦ Los virus de ARN permiten observar en tiempo real procesos evolutivos que en otros organismos tardan miles o millones de años

Madrid, 6 de abril de 2026 Un nuevo estudio liderado por investigadores Museo Nacional de Ciencias Naturales (MNCN) y el Centro Nacional de Biotecnología (CNB), ambos del 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.

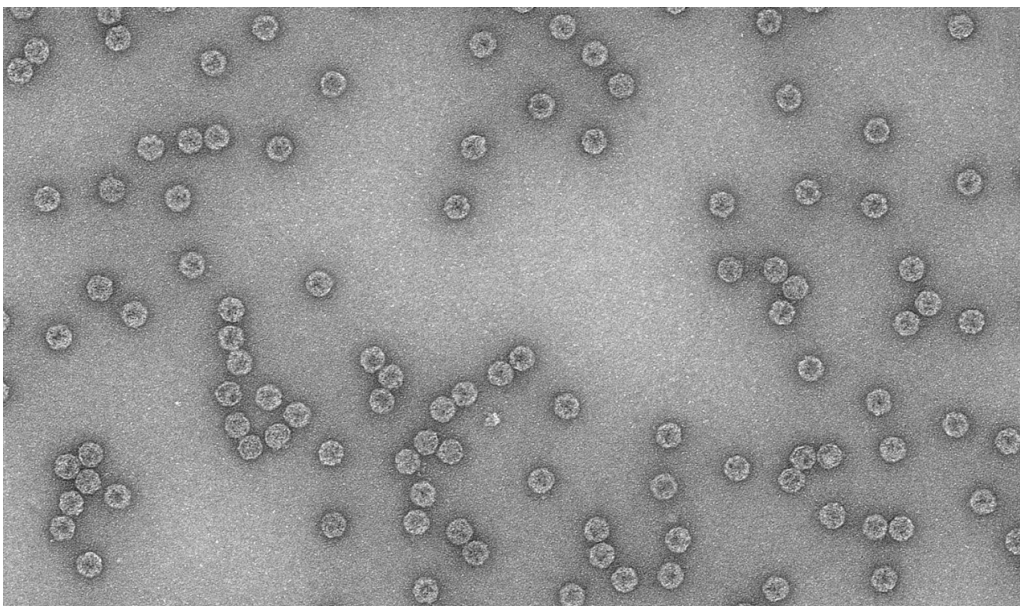


Imagen de microscopía electrónica del bacteriófago Qβ. / Mara Laguna (CNB)



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 MNCN y el CNB. “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 Luíís 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.

Luís F Seoane, Henry Secaira-Morocho, Pilar Somovilla, Ester Lázaro, Susanna Manrubia. Hierarchical genotype networks and incipient ecological speciation in Q β phage quasispecies. *PNAS*. DOI: doi.org/10.1073/pnas.2512150123