



## La reproducción sexual como motor para la aparición de nuevas combinaciones víricas en cepas *killer* de *Saccharomyces cerevisiae*

Juan Quintero Blanco, Juan Jiménez Martínez, Andrés Garzón Villar

*Departamento de Biología Molecular e Ingeniería Bioquímica, Centro Andaluz de Biología del Desarrollo, Universidad Pablo de Olavide/CSIC, Sevilla, España. E-mail: jquibla@upo.es*

Las levaduras con fenotipo *killer* exportan toxinas al medio con la capacidad de matar competidoras sensibles a la toxina. En *Saccharomyces cerevisiae*, este fenotipo depende de dos virus citoplasmáticos de genoma lineal de ARN2c de la familia *Totiviridae*: el virus L-A que codifica para la cápsida y polimerasa, indispensables para el mantenimiento de ambos virus, y el virus M que codifica para la toxina. Hasta la fecha, se han descubierto 4 tipos de virus L-A (L-A-1, L-A-2, L-A-lus y L-A-28) asociados a 4 tipos de virus M (M1, M2, Mlus y M28). Estudios recientes demuestran que la relación entre estas parejas no es tan estricta como se creía, pudiéndose encontrar variantes no canónicas L-A-lus/M2 en determinadas cepas silvestres de *S. cerevisiae*. En este trabajo, demostramos que las variantes no canónicas L-A-lus/M2 pueden surgir de forma natural a partir de la interacción sexual entre dos cepas con variantes canónicas L-A-2/M2 y L-A-lus/Mlus. Además, la secuenciación y el análisis filogenético de los totivirus M2 de 41 cepas víricas de *S. cerevisiae* muestra una clara divergencia evolutiva caracterizada por la capacidad de cada M2 de asociarse a L-A-lus y L-A-2 o solamente a L-A-2. La secuenciación y el análisis filogenético de virus L-A-lus y L-A-2 asociados a algunos de estos M2 muestran, a su vez, que las combinaciones L-A-lus/M2 se han formado de forma más reciente que las combinaciones L-A-2/M2, reforzando la idea de la conjugación como motor para la aparición de combinaciones no canónicas.

