

27/4/2009

Nota de CRG-UPF

## **La secuenciación del genoma bovino ayudará en la comprensión de la evolución de los mamíferos y mejorará la eficiencia de la explotación ganadera**

*Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) y de la Universitat Pompeu Fabra (UPF) participan en la primera secuenciación del genoma de un animal de ganadería: una vaca de la raza Hereford. El genoma bovino, formado por más de 22.000 genes, es más similar al de los humanos que el de ratón o de rata. Los bioinformáticos Roderic Guigó y Eduardo Eyras ya participaron en los proyectos de secuenciación del genoma de otros mamíferos (humano, ratón y rata) y ahora han colaborado en este nuevo.*

La revista Science publica el estudio que presenta la secuenciación del genoma bovino. El equipo de investigadores internacional que lo ha llevado a cabo espera que este trabajo proporcione nuevas claves para entender la evolución de los mamíferos y aporte más información sobre la biología específica de los bovinos. A su vez, de este descubrimiento podrían derivar resultados como una explotación ganadera más sostenible y eficiente.

El proyecto de secuenciación del genoma bovino ha implicado a unos 300 investigadores de 25 países diferentes. Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) y de la Universitat Pompeu Fabra han jugado un papel destacado en este proyecto. Francisco Cámara, Tyler Alioto y Roderic Guigó, del CRG, han contribuido a la identificación de los genes en el genoma bovino, mientras que Roderic Guigó ha liderado el equipo internacional que llevó a cabo la verificación experimental.

Mireya Plass y Eduardo Eyras, de la UPF, han colaborado en el estudio de la conservación de la estructura de los genes entre el genoma bovino y los genomas humano, de ratón y de perro. Eduardo Eyras ha liderado el equipo internacional que verificó este estudio de genómica comparativa.

El proyecto ha durado seis años. En este tiempo, se ha secuenciado y analizado el genoma de un ejemplar de vaca Hereford (*Bos taurus*), llamada L1 Dominette. La raza Hereford es originaria de Inglaterra y es una de las razas productoras de carne más importantes del mundo que se caracteriza por la ausencia de cuernos. Hasta el momento, los mamíferos que se habían secuenciado eran animales de laboratorio y humanos. La secuenciación del genoma de la vaca supone la primera secuenciación de un animal de interés ganadero.

“El próximo objetivo será explorar la secuencia del genoma bovino en profundidad para entender las bases genéticas del éxito evolutivo de los rumiantes y tener la oportunidad de resolver algunos temas cruciales de actualidad, como la producción alimenticia eficiente y sostenible para una población que crece rápidamente”, comenta el Dr. Richard Gibbs, director del BCM Human Genome Sequencing Centre e investigador principal del proyecto.

Los investigadores han observado que el genoma bovino, formado por más de 22.000 genes, es más similar al de los humanos que el de ratón o de rata y que la mayoría de cromosomas del ganado se corresponden, en parte o totalmente, a los de los humanos, aunque el ADN varíe su localización en algunas áreas.

El estudio muestra que el genoma humano y el de la vaca comparten sobretudo la organización en la arquitectura de sus cromosomas. Eso es lo que los hace próximos distanciando el genoma humano del de ratón. Parece que existe un gran número de segmentos duplicados y otros cambios en la disposición de los cromosomas.

Algunos de estos cambios parecen importantes para la biología del ganado puesto que afectan a

genes implicados en el sistema inmunitario, la lactancia, el metabolismo y la digestión. Dichos cambios podrían explicar la excepcional capacidad del ganado para convertir de forma eficiente un forraje de baja calidad en carne y leche altamente energéticas. Por ejemplo, una de estas variaciones afecta al gen de la histatina en el tejido mamario, el cual experimenta una regulación especial durante la lactancia generando una nueva proteína en la leche que tiene acción antimicrobiana. Así da una protección al ternero y también a la vaca de posibles infecciones en un tejido muy expuesto. Otro de estos cambios se da en el paso de inmunoglobulina G a la leche. La proteína, presente en la leche, dará inmunidad a los terneros al mamar de sus madres.

Los investigadores afirman que el estudio "facilita la identificación de nuevas funciones y sistemas de regulación de gran importancia para los mamíferos". El proyecto del genoma bovino nos da algunas claves para la comprensión de la evolución de los mamíferos y también ayuda a mejorar la explotación ganadera.

Con ocho grupos de investigación en Genómica Computacional, el entorno del Parque de Investigación Biomédica de Barcelona (PRBB), sede del CRG y de la UPF, ocupa una posición excepcional en Europa en esta importante disciplina científica. En este contexto, el anunciado despliegue de la plataforma de secuenciación genómica en Barcelona, tiene que situar a nuestro país entre los abanderados en el ámbito de la genómica, una de las disciplinas científico-tecnológicas clave en el siglo XXI.

*Referencia bibliográfica:*

*The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, Christine G. Elsik, Ross L. Tellam, Kim Worley. "The Genome Sequence of Taurine Cattle: A Window to Ruminant Biology and Evolution". Science, vol. 324, doi: 10.1126/science.1169588 (2009).*

[Más información sobre vacuno](#)

---

Con la excepción de las disposiciones legales, está expresamente prohibida la reproducción y redifusión sin nuestro permiso expreso de todo o parte del material contenido en esta web, incluyendo como tal la hipervinculación en páginas de marcos.