



19/12/2013

El genoma de la remolacha azucarera secuenciado por primera vez

¿Qué tienen en común alimentos como las magdalenas, el pan o la salsa de tomate? Todos ellos contienen diferentes cantidades de azúcar blanco refinado. Pero, lo que quizás puede resultar sorprendente es que este azúcar probablemente proviene de una planta muy similar a las espinacas o las acelgas, pero mucho más dulce: la remolacha azucarera. De hecho, esta planta representa casi el 30% de la producción anual de azúcar del mundo, según la Organización para la Agricultura y la Alimentación de las Naciones Unidas (FAO). Durante los últimos 200 años, ha sido una planta cultivada en todo el mundo por su potente propiedad edulcorante.

Ahora, un equipo de investigadores del Centro de Regulación Genómica en Barcelona y el Instituto Max Planck de Genética Molecular (Berlín, Alemania), liderado por Heinz Himmelbauer, jefe de la Unidad de Genómica del CRG, junto con investigadores de la Universidad de Bielefeld y otros socios de la academia y el sector privado, han sido capaces de secuenciar y analizar por primera vez los dulces genes de remolacha. Los resultados del estudio, que se publicarán el próximo 18 de diciembre en la revista Nature, también aportan una nueva visión sobre cómo el genoma se ha ido forjando gracias a la selección artificial.

"La información que se encuentra en la secuencia del genoma será útil para una mayor caracterización de genes implicados en la producción de azúcar y la identificación de objetivos para los esfuerzos de mejora. Estos datos son fundamentales para la mejora del cultivo de la remolacha azucarera en relación con el rendimiento y la calidad y hacia su aplicación como un cultivo energético sostenible", sugieren los autores.

La remolacha azucarera es el primer representante con el genoma secuenciado de un grupo de plantas con flores llamado cariofilales, que comprende 11.500 especies. Este grupo incluye otras plantas de importancia económica, como la espinaca o la quinoa, así como las plantas con una biología interesante, como plantas carnívoras o plantas del desierto.

Se han descubierto 27.421 genes que codifican para proteínas dentro del genoma de la remolacha, más que los que codifican para proteínas en el genoma humano. "La remolacha azucarera tiene un menor número de genes que codifican para factores de transcripción que los que podemos encontrar en cualquiera de las plantas con flores secuenciadas hoy en día", añade Bernd Weisshaar, uno de los investigadores principales de la Universidad de Bielefeld que estuvo involucrado en el estudio. Los investigadores especulan que la remolacha podría acoger genes hasta ahora desconocidos que estarían implicados en el control transcripcional. Asimismo, las redes de interacción de genes podrían haber evolucionado de manera diferente en la remolacha azucarera en comparación con otras especies. Los investigadores también estudiaron los genes de resistencia a enfermedades (el equivalente al sistema inmunitario en animales) que se puede identificar gracias a los dominios de las proteínas. Los científicos han visto que los genes implicados en estas funciones son particularmente plásticos y, en la remolacha, se encuentran familias de genes con expansiones y otros que se han perdido.

Muchos de los proyectos de secuenciación de hoy en día que van dirigidos al análisis de nuevos genomas también se ocupan de la descripción de la variación genética dentro de las especies de interés. En general, "esto se consigue generando lecturas de secuencias obtenidas a partir de las tecnologías de secuenciación de alto rendimiento, seguido por la alineación de estas lecturas contra un genoma de referencia para identificar las diferencias", explica Heinz Himmelbauer, investigador principal de este estudio.

El trabajo actual, sin embargo, dio un paso más y generó agrupaciones del genoma entre cuatro líneas de remolacha azucarera adicionales. Esto permitió a los investigadores obtener una imagen mucho mejor de la variación interespecífica en la remolacha azucarera de lo que habría sido posible de otro modo. En resumen, se descubrieron 7 millones de variantes en todo el genoma. Sin embargo, la variación no se distribuye de manera uniforme: Los autores encontraron regiones con una alta variación, pero también hallaron otras con muy baja variación. "Esto refleja tanto el tamaño pequeño de la población sobre la que se estableció la muestra, como también la selección humana, que ha dado forma y ha modulado los genomas de las plantas. Además, los

números de genes variaban entre los diferentes cultivos de remolacha azucarera, que contenían hasta 271 genes que no comparten con ninguna de las otras líneas", comentan Juliane Dohm y André Minoche, dos de los científicos involucrados en el estudio.

Los investigadores también realizaron un análisis de la evolución de cada gen de la remolacha azucarera, a fin de ponerlos en contexto con los genes ya conocidos de otras plantas. Este análisis permitió identificar las familias de genes que expanden en la remolacha azucarera en comparación con otras plantas, pero también a las familias que están ausentes. "Cabe destacar que estas familias de genes se asocian con más frecuencia con la respuesta al estrés, o con resistencia a enfermedades", añade Toni Gabaldón, jefe de grupo en el programa de Bioinformática y Genómica en el CRG y profesor de investigación ICREA.

Finalmente, el trabajo también proporciona una primera secuencia del genoma de las espinacas, que es un pariente cercano de la remolacha azucarera.

Gracias a la secuencia del genoma de la remolacha azucarera realizado por los investigadores y los recursos asociados generados, se espera que en el futuro se desarrollen diversos estudios sobre la disección molecular de la selección natural y artificial, la regulación de genes y la interacción entre genes y medio ambiente, así como los enfoques biotecnológicos para personalizar el cultivo a diferentes usos en la producción de azúcar y otros productos naturales.

Asimismo, los autores afirman que "gracias a su posición taxonómica, el genoma de la remolacha azucarera será un importante pilar para estudios genómicos futuros que implican a plantas".

Artículo de Referencia: Juliane C. Dohm , André E. Minoche , Daniela Holtgräwe , Salvador Capella Gutiérrez , Falk Zakrzewski , Hakim Tafer , Oliver Rupp , Thomas Rosleff Sørensen , Ralf Stracke , Richard Reinhardt , Alexander Goesmann , Thomas Kraft , Britta Schulz , Peter F. Stadler , Thomas Schmidt , Toni Gabaldón , Hans Lehrach , Bernd Weisshaar , Heinz Himmelbauer . The genome of the recently domesticated crop plant sugar Beet (Beta vulgaris) Nature . Dec 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1038/nature12817>

[Más información sobre remolacha](#)

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.