

LA VANGUARDIA.COM | vida

Los científicos secuencian por primera vez el genoma de remolacha azucarera

Vida | 18/12/2013 - 19:27h

Barcelona, 18 dic (EFE).- Investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona han logrado secuenciar y analizar por primera vez el genoma de la remolacha azucarera, lo que permitirá mejorar el rendimiento de las plantaciones de este cultivo, que supone el 30 % de la producción anual de azúcar en el mundo.

El estudio, que se publica hoy en la revista científica "Nature", describe por primera vez la secuencia de referencia del genoma de la remolacha azucarera generada por los investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG), del Instituto Max Planck de Genética Molecular de Berlín y de la Universidad de Bielefeld, en cooperación con otros centros y agricultores.

Según el CRG, la secuencia del genoma de la remolacha azucarera proporciona información detallada sobre cómo el genoma ha sido formado por selección artificial a lo largo del tiempo, de forma que se trata de una de las plantas con una mayor propiedad edulcorante.

El trabajo ha sido liderado por Heinz Himmelbauer, jefe de la Unidad de Genómica del CRG, quien ha explicado que "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 -según los investigadores- 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".

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.

Los científicos 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", ha dicho Bernd Weisshaar, uno de los investigadores de la Universidad de Bielefeld.

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 y han visto que los genes implicados en estas funciones son particularmente plásticos.

En su trabajo, los investigadores han descubierto 7 millones de variantes en todo el genoma de la remolacha, aunque la variación no se distribuye de manera uniforme ya que 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", han comentado Juliane Dohm y André Minoche, otros dos de los científicos involucrados en el estudio.

Los investigadores también realizaron un análisis de la evolución de cada gen de la remolacha azucarera para 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.

El trabajo, que también proporciona una primera secuencia del genoma de las espinacas, que es un pariente cercano de la remolacha azucarera, permitirá, entre otras cosas, dar nuevos enfoques biotecnológicos para personalizar el cultivo a diferentes usos en la producción de azúcar y otros productos naturales.

Aviso a los lectores:

El funcionamiento del sistema de comentarios en LaVanguardia.com está sufriendo algunos problemas desde hace un tiempo, que nuestro equipo técnico está en proceso de solucionar. Mientras se resuelve esta incidencia, os pedimos disculpas por los inconvenientes que os pueda causar a la hora de comentar o ver publicado vuestro comentario. **Esperamos poder daros buenas noticias sobre esta cuestión muy pronto.**