

Martes, 23 de febrero de 2010

Acerca de SINC FAQ Contacto Mapa del sitio Palabras clave RSS


SINC Servicio de Información y Noticias Científicas


Ciencias Naturales | Tecnologías | Biomedicina y Salud | Matemáticas, Física y Química | Humanidades y Arte | Ciencias Sociales y Jurídicas | Política Científica

[SINC / En exclusiva / Embargos / La secuenciación del genoma del pulgón aporta nuevas pistas sobre la evolución...](#)

Inicio

Noticias

Alertas de publicaciones

Reportajes

Entrevistas

Actividades

Vídeos

Imágenes

Tribuna

Conectar

usuario

contraseña

Recordar contraseña

Entrar

Registro

Para instituciones

Para periodistas

Para invitados


Ciencias Naturales | Ciencias de la Vida

Investigadores españoles participan en la secuenciación del genoma del pulgón 'A. Pisum'

El genoma del pulgón *Acyrtosiphon pisum*, un parásito de plantas leguminosas que causa graves plagas agrícolas y pérdidas económicas en la agricultura, ha sido secuenciado por el International Aphid Genomics Consortium (IAGC), un consorcio internacional que agrupa a científicos de todo el mundo y en el que participan investigadores catalanes y valencianos.

SINC | España | 23.02.2010 02:00



La secuenciación del genoma del pulgón, que aparece en el próximo número de la revista *Plos ONE* y que se complementa con más de 30 artículos de investigación, se ha llevado a cabo por un consorcio internacional, el "Aphid Genomics Consortium", liderado desde el Human Genome Sequencing Center del Baylor College of Medicine (Houston, EE UU) y formado por más de 50 grupos de investigación, entre ellos, el Centro de Regulación Genómica de Barcelona (CRG), la Universidad de Barcelona (UB), el Instituto Cavanilles de Biodiversidad y Biología Evolutiva (perteneciente a la Universidad de Valencia) y el Centro Superior de Investigación en Salud Pública de la Generalitat valenciana.

El *A. pisum* es el primer pulgón utilizado en estudios genéticos por su rápida reproducción y fácil manipulación, y es el primer caso de insecto hemíptero con metamorfosis incompleta que tiene un genoma secuenciado. El ciclo de vida del pulgón es complejo, alterna ciclos de reproducción sexual y asexual, y es un ejemplo de alta plasticidad fenotípica en respuesta a las condiciones ambientales (polifenismo).

Primer secuenciación de un organismo con un simbiote

Al ser el primer genoma secuenciado de un organismo con un simbiote obligado (la bacteria *Buchnera aphidicola*) que ha coevolucionado con él, el trabajo revela que los genomas del huésped y del simbiote están coordinados en relación a los genes implicados en el metabolismo. El genoma del pulgón presenta algunos genes de origen bacteriano que podrían tener un papel en la regulación de la simbiosis con su bacteria *Buchnera*.

El análisis de su genoma da algunas pistas sobre la ecología de estos animales y los científicos esperan ahora nuevos puntos de vista para la comprensión de los mecanismos evolutivos y que pueda servir para mejorar el desarrollo de herramientas de prevención en el tratamiento de plagas agrícolas.

Los dos grupos del CRG (grupo de **Bioinformática y Genómica** liderado por Roderic Guigó y de **Genómica Comparativa** liderado por Toni Gabaldón) compararon el genoma secuenciado con el de numerosas especies de insectos y otros organismos por lo que llegaron a conclusiones "muy interesantes".

"El pulgón se ha expandido con duplicaciones más de 2.000 familias de genes (cerca del 30% del genoma), eso representa el récord de expansión genómica entre los insectos", comenta Gabaldón.

Para este experto, "la expansión de algunas familias génicas en el pulgón ha permitido diversificar sus funciones para adaptarse mejor a sus necesidades específicas, como poder vivir a partir de una dieta basada sólo en la savia vegetal, o poder regular su ciclo vital de acuerdo con las diferentes estaciones anuales".

Los científicos consideran que estas duplicaciones podrían haber aparecido ya en el origen de estos insectos. De esta forma, los genes duplicados estarían implicados en funciones como la modificación de la cromatina, la síntesis de miRNA y el transporte del azúcar. Además, algunos de los patrones del desarrollo en pulgones y su gran plasticidad fenotípica vendrían dados por las duplicaciones de genes relacionados con el desarrollo.

Genética del sistema que capta las señales olfativas

Por su lado, el equipo científico de la UB, que también participó en la secuenciación del genoma de la mosca *Drosophila*, ha analizado con técnicas bioinformáticas los genes relacionados con el sistema de quimiorrecepción del insecto, en concreto, con las familias multigénicas de las proteínas de unión a odorantes (OBP) y de las quimiosensoriales (CSP).

Para Julio Rozas y Filipe G. Vieira, coautores del estudio e investigadores del Departamento de Genética de la Facultad de Biología y del Instituto de Investigación de la Biodiversidad de la UB, "el sistema quimiorreceptor del insecto es básico para reconocer el entorno y reaccionar a las señales químicas del entorno ambiental, encontrar alimento, reproducirse, o alimentarse". Las proteínas OBP tienen un papel esencial en el proceso de la captación de las señales olfativas: son el primer punto de contacto entre el insecto y el medio externo, y modulan la relación del insecto con su entorno ambiental.

El equipo de la UB, que estudia la dinámica evolutiva de esta familia de genes en varios organismos, ha descubierto que el pulgón tiene menos genes codificadores de las OBP, en comparación con otras especies de insectos.

Un modelo de recambio de genes

El trabajo también revela que la evolución de estas familias de genes se ajusta al denominado modelo de "nacimiento y muerte", un proceso evolutivo muy dinámico de generación y pérdida continua de genes. "Uno de los grandes descubrimientos del trabajo es este importante recambio de genes, que podría tener gran importancia biológica para la adaptación de las especies", explica Rozas.

Según Rozas, "el modelo de nacimiento y muerte, con genes que nacen por duplicación y que se pierden por delección del genoma, podría ser un fenómeno mucho más importante de lo que se pensaba hace pocos años".

Para Filipe G. Vieira, coautor del estudio y catedrático del Departamento de Genética de la Facultad de Biología y del Instituto de Investigación de la Biodiversidad de la UB, "desde el punto de vista filogenético, es muy próximo a otras especies de pulgones muy nocivas para los cultivos, como el pulgón verde del melocotonero y el pulgón ruso del trigo. Conocer su genoma nos puede ayudar a diseñar mecanismos para evitar estas plagas y explorar modelos de resistencia en insecticidas. También nos permitirá trabajar con otras especies próximas filogenéticamente, como la filoxera, que a finales del siglo XIX atacó las viñas de toda Europa".

Un pequeño insecto vegetariano

Hasta ahora, se ha secuenciado el genoma de una veintena de artrópodos en todo el mundo. El *A. Pisum*, en concreto, tiene un genoma



El pulgón *Acyrtosiphon Pisum* tiene un genoma haploide de dimensiones pequeñas (464 Mb) y con cuatro cromosomas holocéntricos. Foto: Andrew Jensen.

El pulgón es una de las plagas más extendidas en los campos de cultivo. Las pérdidas mundiales en cultivos causadas por este insecto ascienden a centenares de millones de dólares americanos. Este pequeño insecto se alimenta exclusivamente de plantas. Gracias a su mandíbula especializada, sorbe la savia de la planta que es muy rica en azúcares. Ello causa daños directamente a la planta porque la debilita. Además, el insecto acostumbra a actuar como vector de virus que infectarán la planta.

"El conocimiento de su genoma permitirá avanzar en la comprensión de aspectos muy interesantes de la biología de estos insectos chupadores de savia de las plantas", argumenta Andrés Moya, coautor también del trabajo y jefe del área de investigación en Genómica y Salud, una unidad mixta de investigación del Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva de la Universitat de València y el Centro Superior de Investigación en Salud Pública (CSISP).

Además, este pulgón puede reproducirse sexual y asexualmente. Estos insectos han evolucionado hasta obtener diversos ciclos vitales de forma que, los mismos organismos pueden dar lugar a individuos con fenotipos o aspectos muy diferentes según las condiciones ambientales. Por ejemplo, pueden dar lugar a hembras con alas o sin ellas según la necesidad de dispersión que haya en el momento de la reproducción.

El papel de los consorcios internacionales

Equipos científicos de todo el mundo crearon en París en el año 2003 el International Aphid Genomics Consortium (IAGC), para estudiar los pulgones o áfidos como modelo de referencia a escala molecular, celular y biológica, igual que se ha hecho con otros insectos modelo en genética y evolución (*Drosophila*, etc).

Este consorcio, liderado por un equipo del Human Genome Sequencing Center del Baylor College of Medicine (Houston, EE UU), cuenta con la participación del equipo de la Universidad de Barcelona y de expertos del Centro de Regulación Genómica (CGR-UPF), Universidad de Valencia y la Consejería de Sanidad de la Generalitat Valenciana, entre otros.

Referencia bibliográfica:

The International Aphid Genomics Consortium. "Genome Sequence of the Pea Aphid *Acyrtosiphon pisum*" *PLoS Biology* (2010). doi: 10.1371/journal.pbio.1000313.

Fuente: CRG/ UB / UV

Comentarios

[Conectar](#) o [crear una cuenta de usuario](#) para comentar.

Aviso legal. Política de privacidad
Desarrollado con **eZ Publish™**