

20/3/2013

Nota del CRG

Secuenciado el genoma del alga roja, usada como espesante en la industria alimentaria

Un consorcio internacional de científicos que incluye investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) en Barcelona ha secuenciado el genoma de la alga roja común, musgo de Irlanda (*Chondrus crispus*). Con este trabajo, ahora conocemos más cosas de su funcionamiento, sus biomoléculas y la evolución de las plantas y las algas. Los resultados se publican esta semana en la revista *Proceedings of the National Academy of Sciences*.

Paseando por la zona rocosa intermareal de la costa podemos ver un paisaje fascinante a menudo dominado por algas de diferentes tipos. Es un ambiente precioso lleno de fantásticos descubrimientos como las enigmáticas algas marinas. Aunque no tengan flores, no falta color entre las algas. El color verde, más común en el césped y las hierbas, aquí es sustituido por el rojo y el marrón. Son las algas rojas las que causan este efecto. Las algas rojas son, en la evolución, un grupo hermano de todas las plantas verdes y algas con quien comparten un ancestro común hace 1.500 millones de años. En comparación con las plantas verdes, sabemos muy poco de las algas rojas. Para conocer algo más de estas misteriosas plantas, un consorcio internacional ha analizado el genoma de *Chondrus crispus*, o musgo de Irlanda. El consorcio está liderado por la Estación Biológica de Roscoff en Brittany, Francia y pertenece al Centre national de la recherche scientifique (CNRS) y a la Université Pierre et Marie Curie (UPMC). El genoma se secuenció y anotó en el Centro Nacional de Secuenciación de Francia, Genoscope. En España, investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) han contribuido en el análisis comparativo de este nuevo genoma secuenciado comparándolo con otros genomas de plantas y algas existentes.

Chondrus es una alga roja de cerca de 20 cm que a menudo se encuentra en la costa rocosa del Atlántico norte pero también a lo largo de toda la costa Atlántica Europea y al sur de España. Esta especie se utiliza para cocinar un postre típico que se elabora hirviendo el musgo de Irlanda con leche y azúcar. El compuesto que espesa la leche, el carragaén, se utiliza a menudo en la industria alimentaria (E407) en productos como los helados o el pudín. En general, las algas rojas se utilizan para la alimentación y como espesante, y representan un volumen de negocio de cerca de 2.000 millones de dólares americanos al año.

“Lo que hemos descubierto al analizar el genoma es que las algas rojas son muy diferentes a sus parientas verdes: tienen menos genes que la mayoría de sus relativos verdes, los genes son más compactos y hay muchos genes que no se encuentran en ambos grupos”, explica Jonas Collén, investigador principal del proyecto. La secuenciación del genoma ha ayudado también a conocer la evolución de las plantas. “Una de las cuestiones más importantes que hemos abordado con este proyecto ha sido identificar qué genes de las algas rojas se pueden encontrar también en otras especies. Existen linajes completos de

organismos protozoarios que establecieron relaciones de simbiosis con los ancestros de Chondrus y se cree que ello les permitió adquirir nuevos genes”, añade Toni Gabaldón, jefe del grupo Genómica Comparativa en el CRG. Los resultados de la investigación sugieren que las algas rojas pasaron por un cuello de botella durante su evolución, perdiendo muchos de sus genes y reduciendo su tamaño. Las plantas terrestres de hoy y los árboles son verdes, sin este cuello de botella, quién sabe si hoy nuestros árboles y plantas serían rojos...

El genoma también ayuda a comprender la relación entre las algas rojas y el resto de organismos, cómo viven en su ambiente y cómo producen sus biomoléculas, por ejemplo, el carragaén. También acelera los esfuerzos para comprender la biología de estos fascinantes organismos.

El consorcio de Chondrus incluye laboratorios de Francia, Alemania, el Reino Unido, la República Checa, España, Egipto, Noruega y Grecia. Genoscope ha aportado la mayoría de la financiación, apoyo informático y de secuenciación.

Referencia:

Genome structure and metabolic features in the red seaweed Chondrus crispus shed light on evolution of the Archaeplastida. Jonas Collén, Betina Porcel, Wilfrid Carré, Steven G. Ball, Cristian Chaparro, Thierry Tonon, Tristan Barbeyron, Gurvan Michel, Benjamin Noel, Klaus Valentin, Marek Elias, François Artiguenave, Alok Arun, Jean-Marc Aury, José F. Barbosa-Neto, John H. Bothwell, François-Yves Bouget, Loraine Brillet, Francisco Cabello-Hurtado, Salvador Capella-Gutiérrez, Bénédicte Charrier, Lionel Cladière, J. Mark Cock, Susana M. Coelho, Christophe Colleoni, Mirjam Czjzek, Corinne Da Silva, Ludovic Delage, France Denoeud, Philippe Deschamps, Simon M. Dittami, Toni Gabaldón, Claire M. M. Gachon, Agnès Groisillier, Cécile Hervé, Kamel Jabbari, Michael Katinka, Bernard Kloareg, Nathalie Kowalczyk, Karine Labadie, Catherine Leblanc, Pascal J. Lopez, Deirdre H. McLachlan, Laurence Meslet-Cladiere, Ahmed Moustafa, Zofia Nehr, Pi Nyvall Collén, Olivier Panaud, Frédéric Partensky, Julie Poulain, Stefan A. Rensing, Sylvie Rousvoal, Gaëlle Samson, Aikaterini Symeonidi, Jean Weissenbach, Antonios Zambounis, Patrick Wincker and Catherine Boyen, Proceedings of the Natural Academy of Sciences (PNAS). Publicado online la semana del 11 de marzo de 2013.

[Más información sobre alimentación](#)

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.