

CIENCIAS NATURALES: Ciencias de la Vida

Su azúcar supone casi el 30% de la producción anual en el mundo

Secuenciado el genoma de la remolacha azucarera


 3

 7

 19

Investigadores del Centro de Regulación Genómica, el Instituto Max Planck de Genética Molecular y de la Universidad de Bielefeld, en cooperación con otros centros y agricultores, publican en la revista *Nature* la descripción de la secuencia de referencia del genoma de la remolacha azucarera. La secuencia de su genoma proporciona información detallada sobre cómo ha sido formado por selección artificial a lo largo del tiempo.

Más información sobre: [remolacha](#) [azúcar](#) [genoma](#) [genómica](#) [secuenciación](#)

CRG | [Seguir a @CRGenomica](#) | 18 diciembre 2013 19:00



Cosecha de remolacha azucarera. / Heather.

¿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

LO ÚLTIMO

[Los trastornos mentales limitan más la actividad diaria que los físicos](#)

[El CSIC presenta su colección de variedades de vid](#)

[Cuatro innovadoras aplicaciones de diagnóstico rápido](#)

[La misión Gaia despegará para retratar mil millones de estrellas en nuestra galaxia](#)

[Demuestran un mecanismo sobre la movilidad del hidrógeno en el agua](#)

[Hallan en Atapuerca una musaraña propia del Pleistoceno inferior](#)

[Diseñan un nuevo catalizador para producir hidrógeno con agua y sol](#)

[La narcolepsia podría ser una enfermedad autoinmune](#)

[Secuenciado el genoma de la remolacha azucarera](#)

[Retransmisión del lanzamiento de la misión Gaia](#)

LO MÁS VISTO

1. Los anuncios de juguetes siguen transmitiendo valores diferentes para niños y niñas [English](#)
2. Una aplicación ayuda a mejorar en matemáticas con sesiones de quince minutos
3. Indra crea una aplicación para ayudar a conservar recuerdos a personas con alzhéimer
4. Tiempo de espera en el LHC
5. El primer ronroneo de un gato a un humano ocurrió hace 5.000 años

Síguenos en 

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.

Variaciones genéticas de la remolacha

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 del CRG 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.

Genoma de espinacas

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".

Referencia bibliográfica:

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>

Zona geográfica: Cataluña

Fuente: Centro de Regulación Genómica

Comentar

Esta planta representa casi el 30% de la producción anual de azúcar del mundo

Tweets Seguir

sinc Agencia SINC @agencia_sinc 1h
Hallan en Atapuerca una musaraña propia del Pleistoceno Inferior bit.ly/1bSdxr3
Abrir

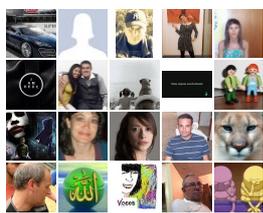
sinc Agencia SINC @agencia_sinc 2h
La gripe se ha asociado con la narcolepsia. Científicos de Stanford creen que podría ser una enfermedad autoinmune bit.ly/1jGIXM
Abrir

sinc Agencia SINC @agencia_sinc 3h
Un robot de bajo coste extremeño-andaluz asiste a personas en sus domicilios bit.ly/19ym7Ue
Abrir

sinc Agencia SINC @agencia_sinc 4h
Conoce más sobre la misión #Gaia, que ha despegado para retratar mil millones de estrellas en nuestra galaxia bit.ly/1cTOFKu
Abrir

sinc Agencia SINC Like

11,719 people like Agencia SINC.



Facebook social plugin

Log In Log in to Facebook to see your friends' recommendations.

 Cuatro innovadoras aplicaciones de diagnóstico rápido / Noticias / SINC
One person recommends this.

 El virus del sida recluta bacterias malignas de la flora intestinal para progresar / Noticias / SINC
3 people recommend this.

 Secuenciado el genoma de la remolacha azucarera / Noticias / SINC
4 people recommend this.

 Ramón Ramos Torre, nuevo presidente del CIS / Noticias / SINC
One person recommends this.

Facebook social plugin

QUEREMOS SABER TU OPINIÓN

Por favor, ten en cuenta que SINC no es un consultorio de salud. Para este tipo de consejos, acude a un servicio médico.

Nombre *

Email *

Comentar *

Acepto las [normas de uso](#)

Captcha *



[Privacy & Terms](#)