

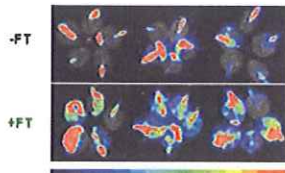
Un paso adelante para desvelar el funcionamiento de los genes de plantas

Lunes, 18 de Julio, 2011



UNIVERSIDAD POLITÉCNICA DE MADRID

Investigadores del [CBGP-UPM](#) describen un novedoso sistema muy poderoso para desvelar mecanismos moleculares implicados en el control de procesos fisiológicos en [plantas](#)



La cantidad de luz emitida por las hojas de la planta aumenta cuando se le suministra el FT adecuado.

El conocimiento del genoma completo de la planta modelo [Arabidopsis thaliana](#) ha desvelado que existen unos 1.500 [genes](#) en este organismo, llamados [factores de transcripción \(FT\)](#), encargados de regular a los más de 25.000 [genes](#) que contiene esta planta. Esta regulación es muy compleja y suele estar mediada por combinaciones específicas entre FTs y [ADN](#) de promotores de los [genes](#) que regulan ([genes](#) diana). [Investigadores](#) del Centro de Biotecnología y Genómica de [Plantas \(CBGP\)](#) y del Departamento de Biotecnología de la [Universidad](#) Politécnica de Madrid, han participado en el desarrollo de un sistema que acelerará el descubrimiento y caracterización de estas complejas redes transcripcionales, así como la mejora de las características agronómicas de las [plantas](#).

Los resultados de esta investigación se han recogido en un trabajo publicado en la revista [PLoS ONE](#), bajo la coordinación del doctor Luis Oñate Sánchez, en colaboración con la profesora Pilar Carbonero, ambos [investigadores](#) del [CBGP UPM-INIA](#), y con la participación de grupos de reconocido prestigio españoles (J. Paz-Ares - Centro Nacional de Biotecnología), franceses (A. Lecharny - Centre National de la Recherche Scientifique) y alemanes (G. Coupland / F. Turck - Max Planck Institute). El impacto de este trabajo en la comunidad científica de [plantas](#) se ha visto reflejado en el elevado número de laboratorios nacionales y extranjeros que han empezado a utilizar este sistema, además de otra decena que han mostrado su interés en establecer colaboraciones con el grupo del [CBGP](#).

Resumen de la investigación

El desarrollo de las [plantas](#), así como sus respuestas y adaptaciones a factores ambientales están bajo el control de complejos mecanismos de regulación de la expresión génica. Estos mecanismos determinan cuándo, dónde y cuánto ha de expresarse un gen para permitir el correcto desarrollo de las [plantas](#). Uno de estos mecanismos, el control de la transcripción, está mediado por [genes](#) que codifican proteínas tipo [FT](#). Estas proteínas se unen a secuencias específicas de [ADN](#), presentes en las regiones promotoras que preceden a los [genes](#) que están bajo su control. La regulación ejercida por los FTs puede ser modificada a su vez en función de su capacidad para interaccionar entre sí.

Los FTs han jugado un papel crucial durante la evolución de las [plantas](#) y en la domesticación y mejora de las características agronómicas de los cultivos tales como las diferencias morfológicas existentes entre el maíz actual y su ancestro, el teosinte, que permiten una recolección más eficiente, o del aumento del rendimiento en trigo y arroz en la [revolución verde](#). Los FTs también tienen un enorme potencial biotecnológico, ya que han permitido mejorar el contenido nutricional, resistencia a sequías, frío y salinidad, etc.

En el estudio publicado, se han utilizado secuencias de [ADN](#) de promotores de interés para compararlas con las de los promotores equivalentes en otras especies de Brasicas con diferentes grados de relación evolutiva con *A. thaliana*. Tras identificar secuencias de [ADN](#) conservadas entre los promotores comparados y comprobar que las mismas tenían un papel relevante en la función de los [genes](#) estudiados, dichas secuencias fueron utilizadas como [cebos](#) para identificar FTs capaces de unirse a ellas. Para ello, los autores han construido una colección de casi 1.200 FTs de *A. thaliana* que fue cribada mediante el uso de la levadura *S. cerevisiae* como [tubo de ensayo](#). Se demostró que las interacciones entre [FT](#) y [ADN](#) identificadas en los cribados tenían una relevancia funcional en la planta. Adicionalmente, este sistema también ofrece la ventaja de poder utilizar proteínas como [cebo](#), en lugar de fragmentos de [ADN](#), para identificar interacciones cooperativas entre diferentes FTs que pueden modificar la regulación ejercida sobre sus [genes](#) diana.

Perfil de Luis Oñate-Sánchez

El Doctor [Luis Oñate-Sánchez](#) se doctoró en la [Universidad](#) Politécnica de Madrid bajo la dirección de la profesora Pilar Carbonero. Realizó estancias posdoctorales y como científico investigador en prestigiosos centros extranjeros como la [Universidad](#) de California en Los Angeles (UCLA-USA) y la Commonwealth Scientific Industry and Research Organization (CSIRO-Australia) en el grupo del Prof. Karam Singh durante seis años. Tras regresar con un contrato Ramón y Cajal a la [UPM](#), actualmente es profesor contratado doctor del programa I3 en el Centro de Biotecnología y Genómica de [plantas \(CBGP-UPM/INIA\)](#) e Investigador Principal de un proyecto del Ministerio de Ciencia e Innovación (MICINN).

Más información

Castillo G, Turck F, Leveugle M, Lecharny A, Carbonero P, Coupland G, Paz-Ares J and Oñate-Sánchez L (2011) Speeding Cis-Trans Regulation Discovery by Phylogenomic Analyses Coupled with Screenings of an Arrayed Library of Arabidopsis Transcription Factors. [PLoS ONE](#) 6(6): e21524.

NOTICIAS MÁS LEÍDAS

- Investigadores de la Complutense hallan un nuevo planeta extrasolar, el más joven descubierto alrededor de una estrella
- EL CURSO ACADÉMICO 2010-2011 COMENZARÁ EL 6 DE SEPTIEMBRE EN LA UNIVERSIDAD DE LA RIOJA
- El Forum Deusto, en colaboración con Deusto Business School, analiza la aportación del pensamiento social cristiano a la gestión empresarial de la mano de expertos como Michel Camdessus
- La prestigiosa revista "NATURE GENETICS" publica los resultados de una investigación de la UMA sobre regeneración cardiaca
- Los guionistas estadounidenses introducen cada vez más el español en los diálogos de series y películas, según un estudio de la UPO

NOTICIAS MÁS COMENTADAS

No commented posts yet