

Genoma del arroz

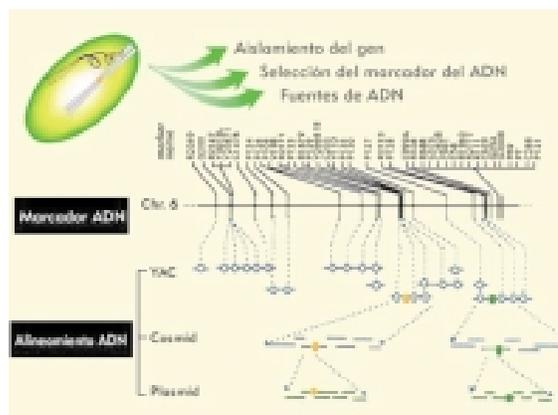
El Instituto Torrey Mesa de la Jolla presentó a comienzos del año el mapa genómico del arroz, el primero de una especie cultivable

Genoma: código de un organismo vivo en el que están configuradas todas las unidades de información genética de un ser vivo.

El Instituto Torrey Mesa de la Jolla, considerado como el centro de investigación genética de Syngenta, ha presentado el mapa genómico del arroz, el primero de una especie cultivable (www.neptuno.net).

La inquietud por descifrar la secuencia del genoma del arroz es un reto que se plantearon tanto la empresa privada como las entidades públicas de investigación. El esfuerzo de las empresas privadas es liderado por Syngenta (una importante compañía de productos químicos para la agricultura y semillas ubicada en Suiza y conformada por la fusión de las ramas agrícolas desprendidas de Novartis y Astra Zeneca), Myriad Genetics Inc de Salt Lake City y Monsanto que patrocina un grupo de científicos de la Universidad de Washington en Seattle dirigidos por el Dr. Leroy Hood.

Por su parte, el esfuerzo que realizan las entidades públicas de investigación de EE.UU., Japón, China, Corea, Francia, Reino Unido, Taiwán, Tailandia, Canadá e India se encuentra agrupado bajo el nombre de Proyecto Internacional de Secuenciación del Genoma del Arroz (IRGSP, su sigla en inglés) creado en septiembre de 1997.



¿En qué consiste este descubrimiento?

El arroz tiene un mapa genético simple en comparación con otras plantas. Está conformado por 12 cromosomas que a su vez contienen alrededor de 50 mil genes. Estos genes están conformados por 430 millones de pares de bases de AND y fue precisamente esta secuencia la que descifraron los científicos de Syngenta.

El trabajo de los científicos consistió en resolver la secuencia de aproximadamente 430 millones de letras del código genético y en estimar la ubicación de los genes en esta mezcla de letras. La variedad estudiada fue una de tipo japónica que se cultiva principalmente en Japón, Corea y en algunas zonas de China y EE.UU. Sin embargo, muchos de los descubrimientos se aplicarán a la variante índica, la más cultivada en sudeste asiático.

La investigación incluye también la clasificación de los genes de acuerdo con su importancia agronómica, la construcción del mapa genético del arroz realizado con alta precisión para analizar la información genética, la estructura del genoma y el aislamiento de los genes de mayor importancia agronómica.

