

ACTUALIDAD CAÑERA

¡Avance científico en Biología Molecular marca un hito en la investigación de la caña de azúcar!

Desde DIECA, nos complace compartir un importante logro en el campo de la genómica vegetal que promete transformar el futuro del cultivo de caña de azúcar.

El genoma de un organismo en particular corresponde a la secuencia total de ADN que codifica sus características físicas y su funcionamiento. el genoma se encuentra organizado en paquetes que se denominan cromosomas y su número es característico para cada especie de organismo.

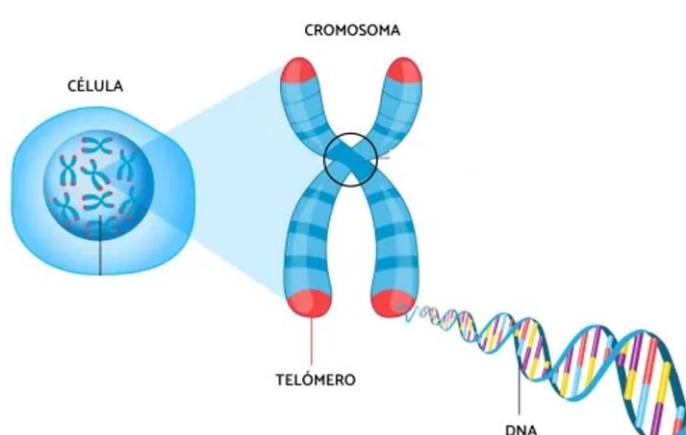


Figura 1. Representación de la secuencia de ADN, un cromosoma y una célula.

La complejidad del genoma de esta planta ha sido un desafío para la comunidad científica durante décadas. A diferencia de otros cultivos, la caña de azúcar posee 10 cromosomas, de los cuales pueden existir hasta 12 copias de cada uno, lo que la convierte en una especie con una arquitectura genética altamente compleja.

Sin embargo, en el año 2024, un grupo de investigadores logró un avance histórico: descifrar por completo la arquitectura del genoma de la variedad R570, un logro sin precedentes que ofrece, por primera vez, un genoma de referencia para esta planta.

Este importante insumo abre nuevas oportunidades para el mejoramiento genético de la caña de azúcar, contribuyendo al desarrollo de variedades con mayor rendimiento, resistencia a enfermedades emergentes y una mejor adaptación a las condiciones climáticas actuales.



Figura 2. Fotografía de la variedad R570 generada en Argentina (Healey et al. 2024).

En DIECA, y particularmente desde nuestra Unidad de Biotecnología, nos permitirá continuar con el proyecto de edición de genomas mediante la herramienta CRISPR Cas 9 así como en la investigación de genes de resistencia a enfermedades, con el objetivo de impulsar la mejora continua del cultivo de caña de azúcar en Costa Rica, fortaleciendo la sostenibilidad y productividad del sector.



Figura 3. Equipo de trabajo del Laboratorio de Biología Molecular de DIECA-LAICA.

Referencia:

Healey, A., Garsmeur, O., Lovell, J., Shengquiang, S., Sreedasyam, A., Jenkins, J., Plott, C., Piperidis, N., Pompidor, N., Llaca, V., Metcalfe, C., Dolezel, J., Cápál, P., Carlson, J., Hoarau, J., Hervouet, C., Zini, C., Dievart, A., Lipzen, A., Williams, M., Boston, L., Webber, K., Keymanesh, K., Tejomurthula, S., Rajasedar, S., Suchecki, R., Furtado, A., May, G., Parakkal, P., Simmons, B., Barry, K., Henry, R., Grimwood, K., Aitken, K., Schmutz, J. y A. D' Hont. 2024. The Complex polyploid genome architecture of sugarcane. Nature.