

Descodifican el transcriptoma del corcón

El grupo de investigación Biología Celular en Toxicología Ambiental del departamento de Zoología y Biología Celular Animal de la UPV/EHU ha descodificado el transcriptoma del corcón. El director de dicho proyecto de investigación ha sido Ibon Cancio.

UPV/EHU

29/1/2010 11:48 CEST



Banco de corcones. Imagen: Nano Sánchez.

Probablemente, habréis oído más de una vez que el genoma es la biblioteca en donde se almacena toda la información de cada organismo. Dicha información se organiza en diversos genes, que guardan la información para sintetizar las proteínas que cumplen la mayoría de las funciones de las células. El genoma contiene, también, otro tipo de material, al margen de los genes. Pero, ¿qué es el transcriptoma? Es la parte del genoma que se transcribe o se lee. En la mayoría de los seres pluricelulares, suele ser más o menos el 1,5 % del genoma.

El citado grupo de la UPV/EHU acaba de descodificar el transcriptoma del corcón, tras medir, durante varios años, la calidad de las aguas de los ríos y de los mares. Necesitaban, para ello, un animal capaz de vivir en áreas contaminadas; entre otros, el corcón. El objetivo del estudio es medir la respuesta del citado animal frente a la contaminación, para conocer mejor la

calidad del agua de los alrededores. Además, el corcón es muy abundante en los ríos y mares del País Vasco. Así pues, según Cancio, es el animal adecuado, puesto que es muy abundante y es capaz de sobrevivir en áreas contaminadas.

Mas de la mitad de los genes

El trabajo de investigación comenzó en Ondarroa, con la recogida de ciertos ejemplares de corcones: machos, hembras, jóvenes etc. De cada ejemplar se extirparon ciertos órganos, como el hígado, las branquias, la gónada y el cerebro, y se extrajo el ARN mensajero. Dichos ARN mensajeros se mezclaron adecuadamente, para asegurarse de que la mayoría del transcriptoma de la especie se encontrase ahí. Después, el ARN mensajero se convierte en ADN complementario.

Los citados ADN complementarios fueron enviados a la Universidad de Newcastle, al servicio de secuenciación, para ser más precisos universidad, donde cuentan con un nuevo sistema de secuenciación en el que en un solo análisis, en siete horas y media, se pueden secuenciar 400.000 cDNA, cada uno de una longitud de 250 nucleótidos. Así ha obtenido el grupo de investigación de la UPV/EHU toda la información sobre el transcriptoma del corcón (126 millones de nucleótidos).

El trabajo más agotador viene después. Se trata de darle sentido a toda esa información, es decir, averiguar los genes propios de cada secuencia, ya que a partir del gene se puede conocer la función de la secuencia. Los Servicios Generales de Investigación (SGIker) de la UPV/EHU han sido de gran ayuda para dicho cometido.

Siguiendo dicho procedimiento, el grupo ha obtenido 18.332 genes, algo más de la mitad de los que posee un corcón. Con toda esta información, ha desarrollado un microchip DNA para investigar la respuesta de los citados genes frente a la contaminación.

El reto de este grupo de investigación de la UPV/EHU para el año que viene es decodificar el transcriptoma del limaco, para investigar la salud de los suelos.

TAGS

CORCÓN

TRANSCRIPTOMA

IBON

CANCIO

MAR

RÍO

Creative Commons 4.0

Puedes copiar, difundir y transformar los contenidos de SINC. [Lee las condiciones de nuestra licencia](#)