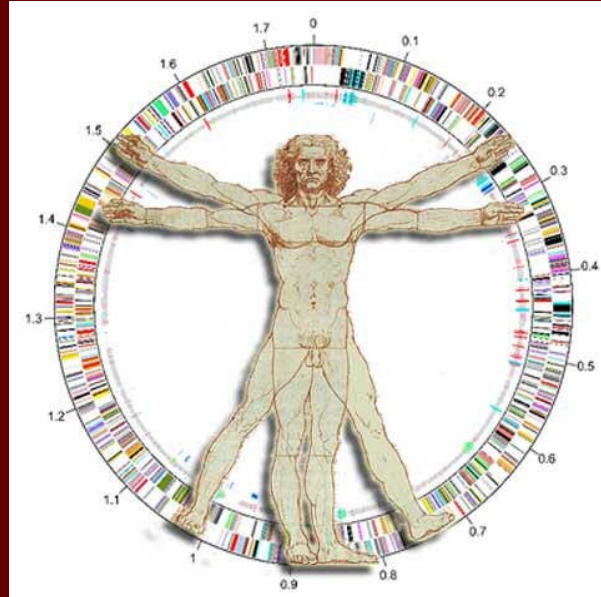


LA BIOTECNOLOGÍA Y LA INDUSTRIA AGROALIMENTARIA



Daniel Ramón Vidal (Biópolis SL)



Fronteras en la tecnología de alimentos
2010, Jul 04 -- Jul 09

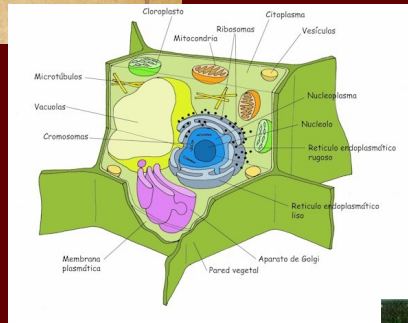
Organizadores:
J. M. Barat (UPV)
F. Morás (FIAB)
F. Tomás (CEBAS-CSIC)

Genética, genomas y genes

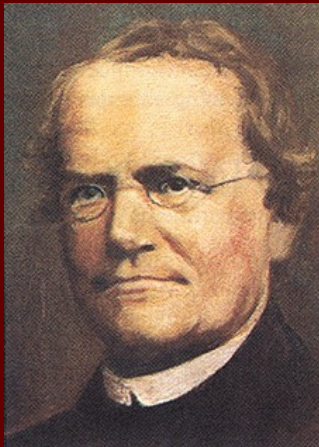
Organismos



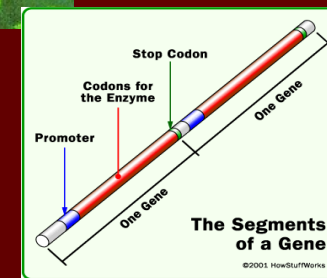
Tejidos y células



Cromosomas y genomas



Genes



La aparición de mutantes espontáneos



Col

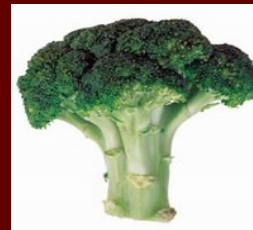


Coliflor

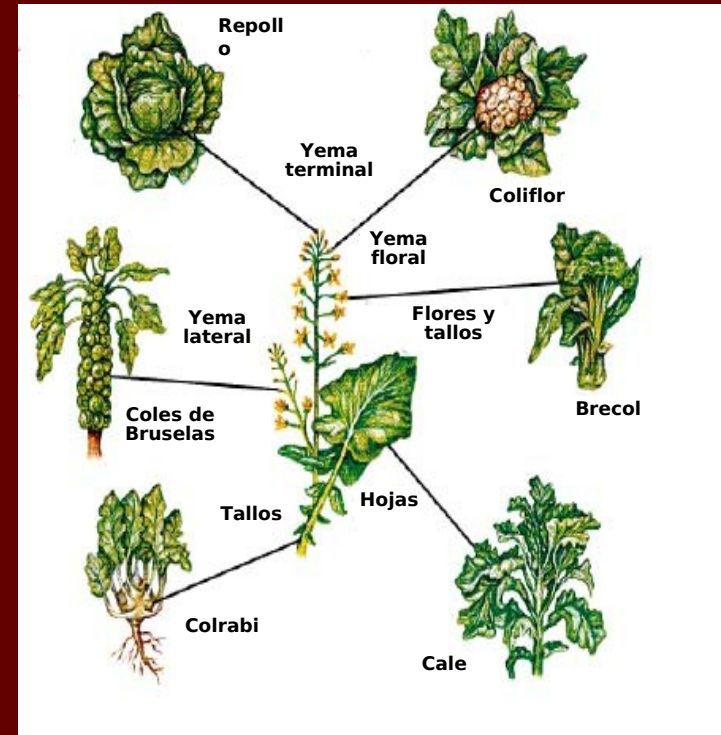
**Ancestr
o**



Col de
Bruselas



Brócoli



La hibridación

*Aegilops
longissima*

Triticum boeoticum



Triticum tauschii

*Triticum
dicoccoides*



Triticum macha

Triticum monococcum



Triticum aestivum

*Triticum
durum*



La irradiación

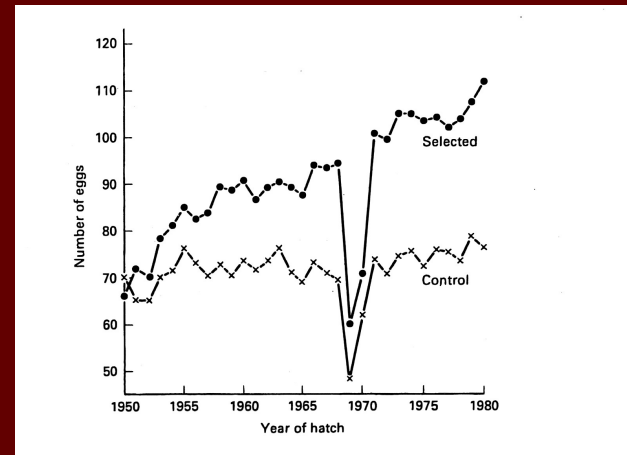
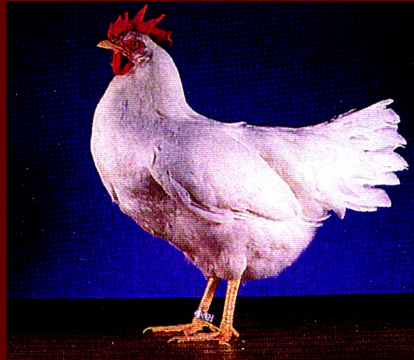
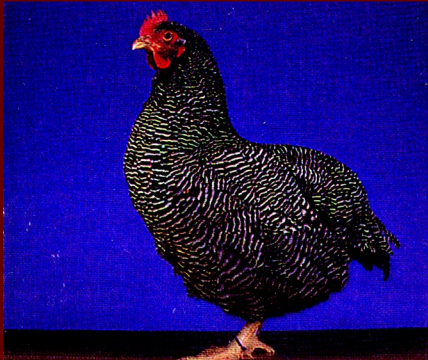
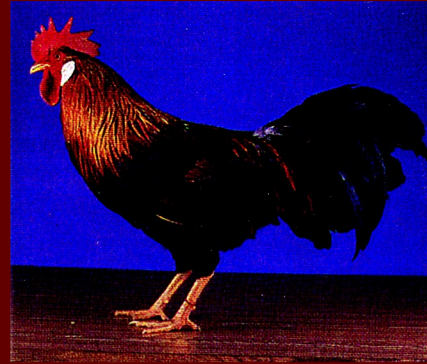
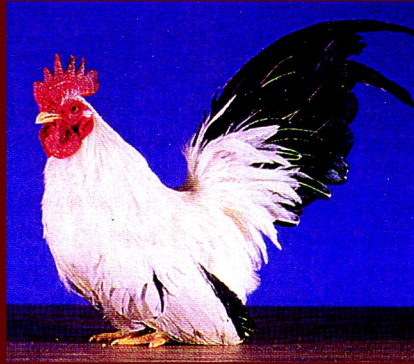
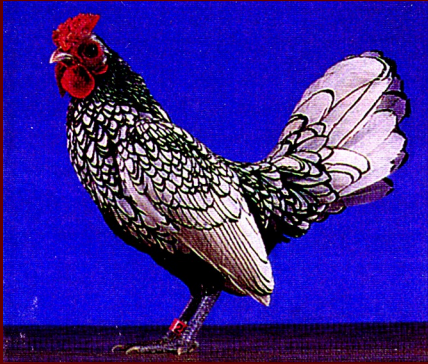


Pomelo Hudson



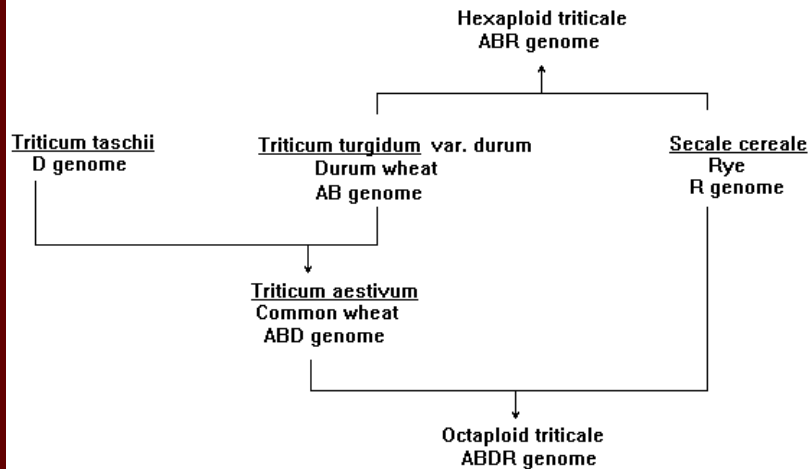
Pomelo Star Ruby

Pollos y gallinas ponedoras



Los triticales: una nueva especie

Interspecific combinations of wheat and rye that produces hexaploid and octaploid triticales.



JOURNAL OF AGRICULTURAL RESEARCH

VOL. 42 WASHINGTON, D. C., MARCH 15, 1931 No. 6

A GENETIC STUDY OF WHEAT×RYE HYBRIDS AND BACK CROSSES¹

By VICTOR H. FLORELL²

Associate Agronomist, Office of Cereal Crops and Diseases, Bureau of Plant Industry, United States Department of Agriculture

INTRODUCTION

A number of present-day wheat breeders are back crossing wheat × rye hybrids as a possible means of improving winter wheat. Although bread wheats are superior in quality to rye, some rye varieties possess certain characters, such as winter hardiness, which would be very valuable if they could be transferred to wheat. A limited degree of success in transferring rye characters to wheat has been achieved, but the manner of transmission is not definitely known. The high degree of sterility characteristic of wide crosses such as that between wheat and rye has not been overcome completely in the new strains possessing rye characters. The main objects of the experiments here reported were to obtain further information on the manner in which rye characters may be transferred to wheat and to study the degree and causes of sterility and the relationship of characters in successive generations of hybrids.

REVIEW OF LITERATURE

There is a considerable body of literature on experiments with wheat × rye hybrids. A fairly complete review of such experiments has been made by Bleier (2)³ and others. Only those references which have a bearing on the present paper will be cited here.

The wheat × rye cross⁴ usually is not difficult to accomplish, but until recently the reciprocal cross has been considered impossible. Many workers report only a low percentage of kernels from wheat × rye crosses, while others report a high percentage. Backhouse (1), using a Chinese wheat supplied by Biffen, reported percentages up to 80. Thompson (16), utilizing the same wheat, stated that it was not difficult to get 90 per cent of crossed kernels in P₁. Nina Meister and Tjumjakoff (13) reported up to 60 per cent. Leighty and Sando (10), also crossing a Chinese variety with rye, obtained a 90.5 per cent set of seed. The variety of Chinese wheat used by Leighty and Sando has a clavate spike and is redkerneled, while the one used by

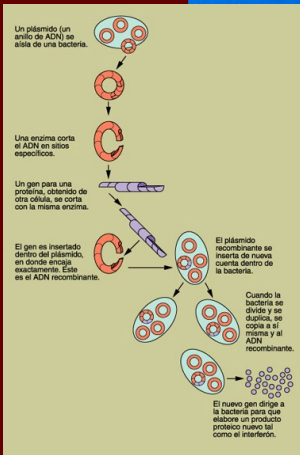
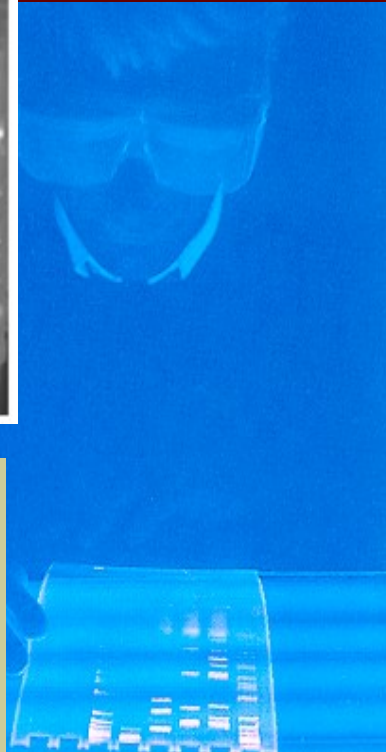
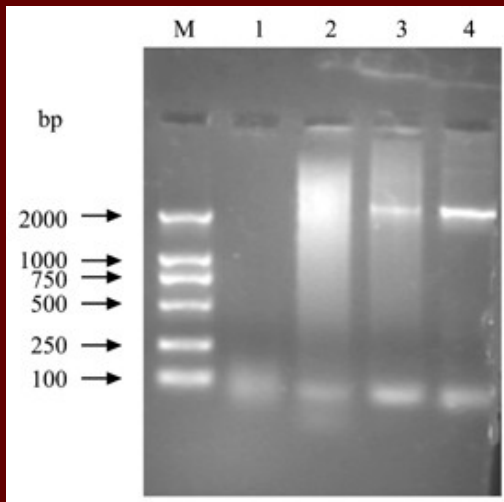
¹ Received for publication Nov. 17, 1930; issued March, 1931. Cooperative investigations, Agricultural Experiment Station of the University of California and Office of Cereal Crops and Diseases, Bureau of Plant Industry, U. S. Department of Agriculture. The study here reported was submitted in August, 1929, to the faculty of the graduate school of the University of California in partial fulfillment of the requirements for the degree of doctor of philosophy.

² The writer wishes to express appreciation to R. E. Clausen, professor of genetics, University of California, for his helpful suggestions in this experiment, and to J. Allen Clark, of the Office of Cereal Crops and Diseases, for suggestions as to crosses and parental material. G. A. Wiehe, assistant agronomist in charge of the cooperative cereal-agronomy investigations at University Farm, Davis, Calif., assisted materially in providing facilities for growing and harvesting F₄ material at Davis in 1929.

³ Reference is made by number (italic) to Literature Cited, p. 338.

⁴ In the designation of a cross the female parent will appear first throughout this paper.

Llega la ingeniería genética



- ✓ **Permite trabajar con genes aislados en lugar de hacerlo con genomas**
- ✓ **Las mejoras se direccionan: ya no hay azar**
- ✓ **Como consecuencia el conocimiento molecular de la modificación genética introducida es mucho más elevado**
- ✓ **Permite saltar la barrera de especie**

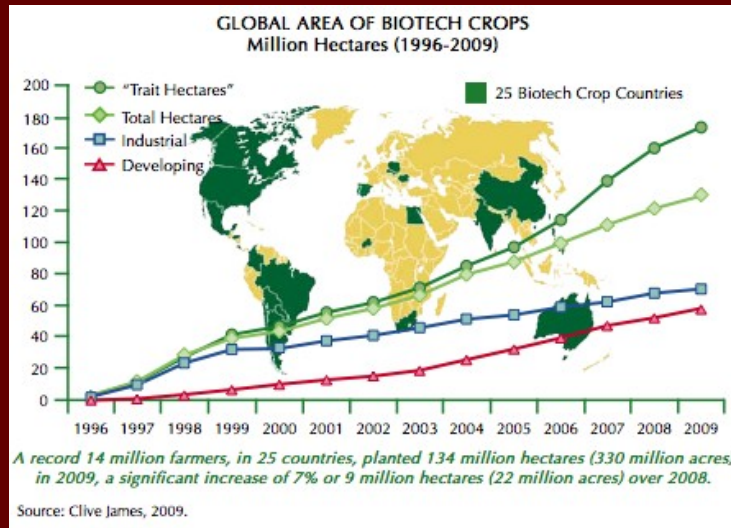
Surgen los alimentos y cultivos transgénicos



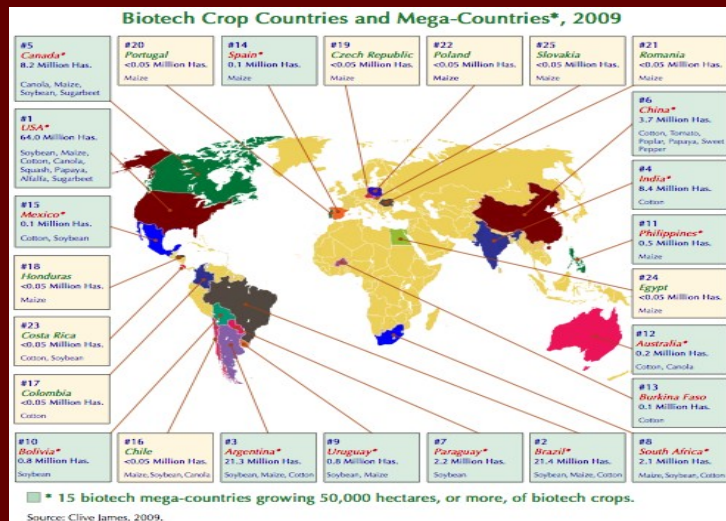
*Aquel en cuyo
diseño utilizamos
técnicas de
ingeniería*



Cultivos transgénicos en el 2009

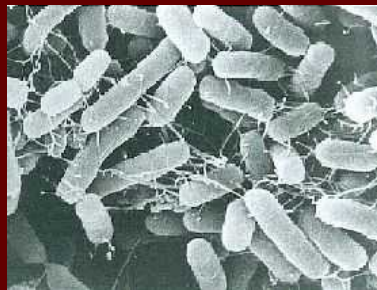
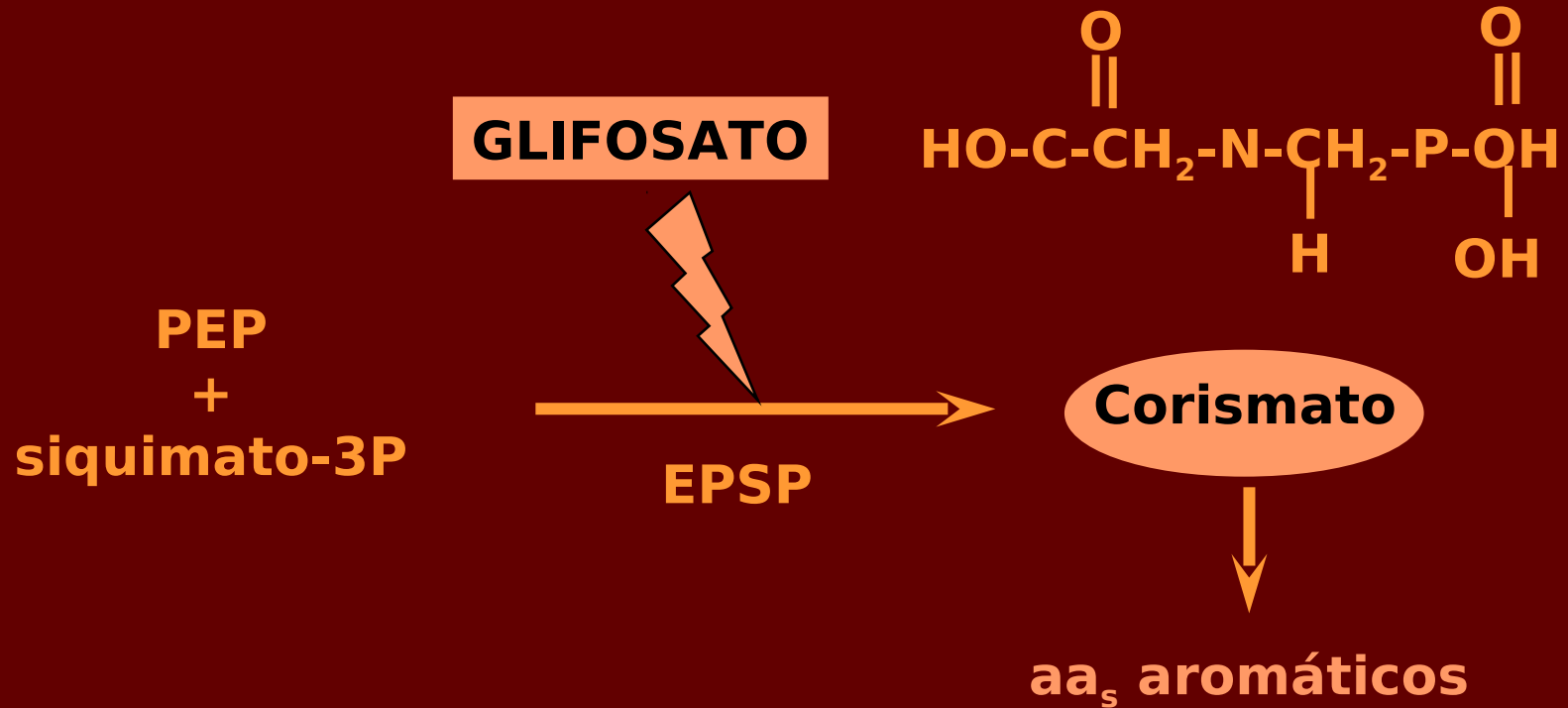


- i) Se plantaron 134 millones de Has de plantas transgénicas (7,2% más que en el 2008)
- ii) Las usaron 14 millones de agricultores (90% en países del Tercer Mundo)



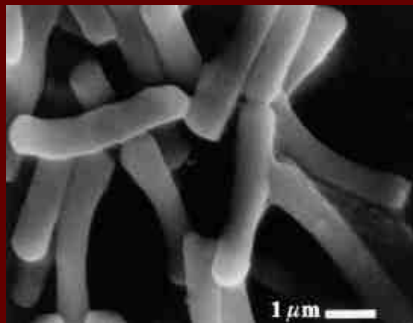
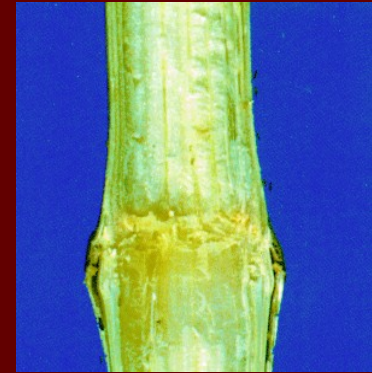
- iii) Se cultivaron en 25 países en todo el mundo (el 46% de los cultivos se dan ya en países del tercer mundo)
- iv) En los países en Europa cultivaron transgénicos, entre ellos España

Resistencia a herbicidas



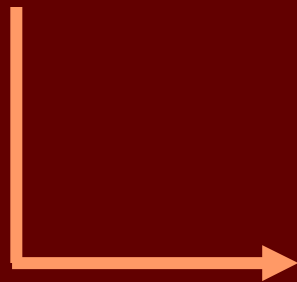
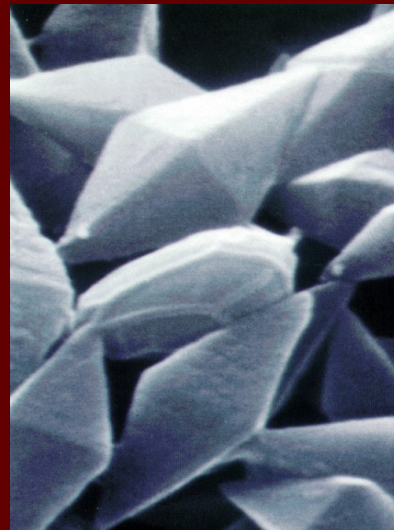
Maíz resistente al ataque de insectos

Maíz



B. thuringiensis

Proteína
Bt



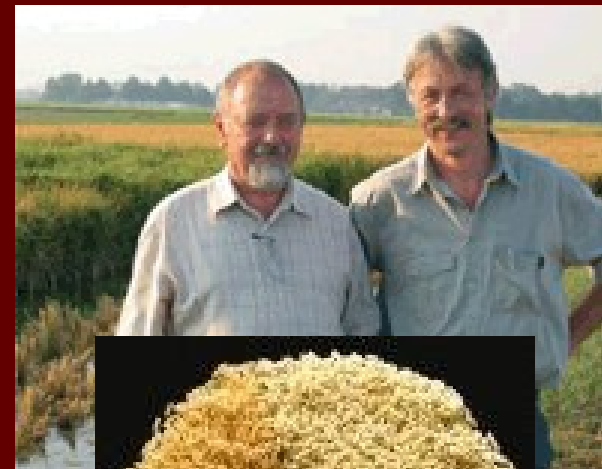
Arroz con provitamina A



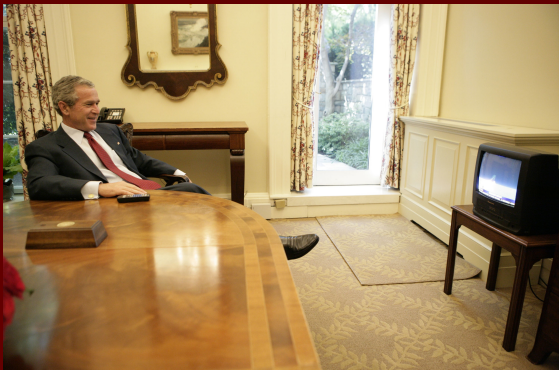
Narciso



Erwinia uredovora



¿Maná para el hambre o veneno para el consumidor?



- ✓ *El problema del hambre en el mundo no se resuelve sólo con genética, precisa sobre todo de medidas políticas y sociales*
- ✓ *No hay datos científicos que avalen las posiciones contrarias*

Alimentos transgénicos y seguridad alimentaria

- ✓ **Los transgénicos autorizados son los alimentos más evaluados de toda la historia de la alimentación**
- ✓ **Siguiendo los criterios de OMS, en todos los alimentos transgénicos autorizados se ha analizado la composición nutricional, la alergenicidad y la toxicidad**
- ✓ **No hay datos científicos que permitan concluir que cualquiera de todos estos alimentos transgénicos sean mejores o peores para la salud del consumidor que los**



¿Qué dice la Organización Mundial de la Salud?

OMS



Twenty questions on genetically modified food

Los alimentos genéticamente modificados actualmente disponibles en el mercado internacional han pasado las evaluaciones de riesgo y no es probable que presenten riesgos para la salud humana. Además, no se han demostrado efectos sobre la salud humana como resultado del consumo de dichos alimentos por la población general en los países donde fueron aprobados.

<http://www.who.int/fsf/GMfood/>

El riesgo ambiental



- ✓ **No hay una metodología desarrollada; se hacen liberaciones previas controladas**
- ✓ **Hay tres riesgos posibles: transferencia de genes, descenso de la biodiversidad, daño a otras especies**
- ✓ **Son los mismos riesgos que tienen las plantas convencionales; no se detectan nuevos riesgos**
- ✓ **El problema real es la**

El riesgo económico (I): el despertar chino



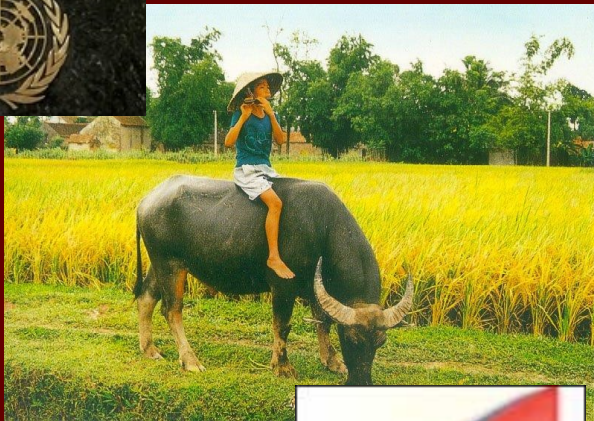
- ✓ **En el 2001-05 el gobierno chino destinó 15000 millones de dólares a proyectos biotecnológicos; en el 2006-10 han prometido un 400% de incremento de fondos**
- ✓ **El actual Programa Nacional de Biotecnología trabaja con más de 130 variedades transgénicas de arroz y 100 genes concretos y con 55 variedades de algodón transgénico**
- ✓ **Han aprobado diez cultivos transgénicos para consumo humano (algodón, maíz, soja y patata). Ya cultivan experimentalmente arroz Bt y arroz transgénico tolerante a la**

El riesgo económico (II): Argentina y lo transgénico

- ✓ **En el 2006 el 98% de la soja plantada en Argentina era transgénica (sólo el 18% era semilla certificada)**
- ✓ **Se han alcanzado rendimientos de más de 6 toneladas de haba/Ha por siembra directa, con la consiguiente reducción de consumo energético y erosión, unida a un aumento de biodiversidad**
- ✓ **En la campaña 1994-95 una hectárea de soja costaba 182 dólares/Ha; hoy cuesta 117 dólares/Ha**
- ✓ **En la campaña 1994-95 los agricultores argentinos gastaban 78 dólares/Ha en herbicidas; hoy gastan 37 dólares/Ha y se ha producido una bajada del 90%**



El riesgo económico (III): Otros países en desarrollo



- ✓ *Irán en el año 2004 fue el primer país en cultivar experimentalmente arroz transgénico (Tarom molaii Bt) con el que ha logrado frenar la importación de más de un millón de toneladas de arroz*
- ✓ *En febrero de 2005 el gobierno de Vietnam ha anunciado la creación de un Programa de Biotecnología agroalimentaria con un presupuesto de 53 millones de euros*
- ✓ *La Agencia Cubana de Noticias reconoció el 4 de mayo de 2006 que en Cuba se han producido más de 100 millones de plantas*

El riesgo económico (IV): el caso de la UE



- ✓ *Falta de credibilidad de las instituciones evaluadoras*
- ✓ *Fuerte presión por parte de algunas organizaciones ecologistas sobre la industria de distribución*
- ✓ *El riesgo de no hacer: la UE está a punto de perder este tren*
- ✓ *Alertar versus alarmar*
- ✓ *La crisis económica: ¿perspectiva de cambio?*

Un problema comercial



**Papa Clemente VIII
(1500)**



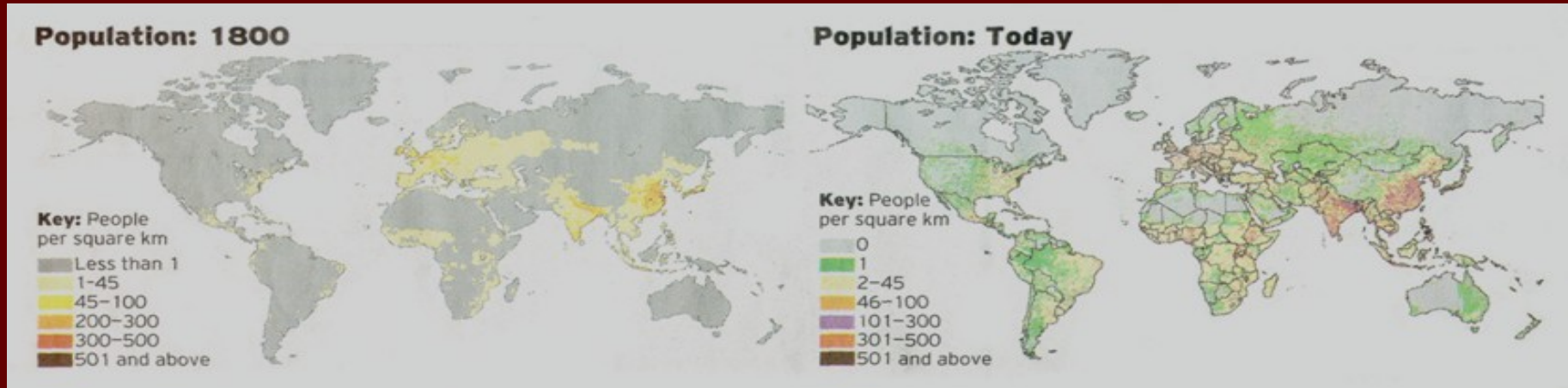
**Rey Carlos II
(1675)**



**Federico el Grande
(1777)**

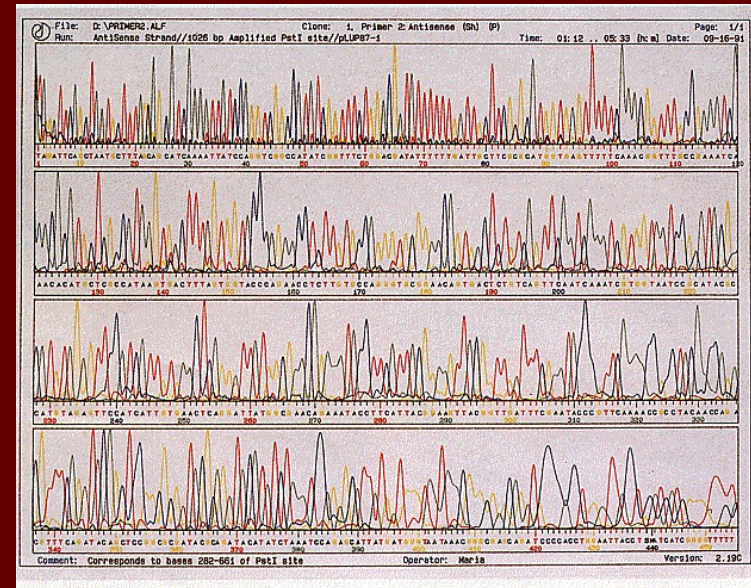
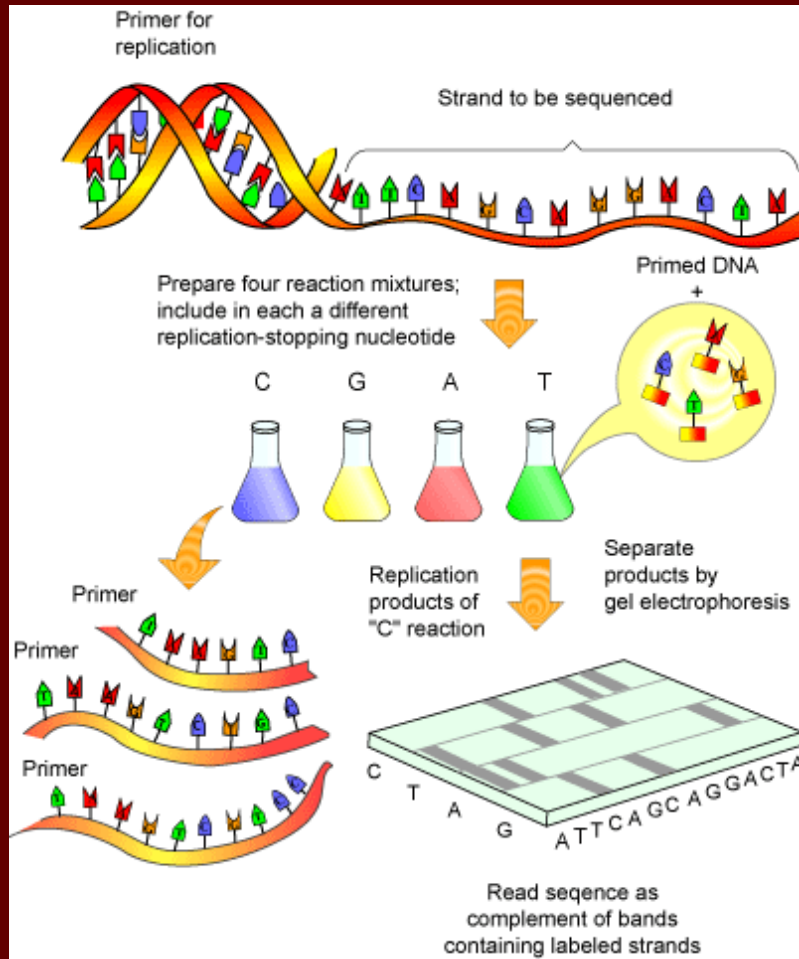


¿Podemos renunciar a estas tecnologías?



- ✓ **La población del planeta aumenta día a día; en el año 1880 poblaban el planeta 800 millones de personas y hoy ya somos 6500 millones**
- ✓ **La mitad de la superficie del planeta está ocupada por ciudades o terrenos agrícolas**
- ✓ **Durante los próximos 30 años se perderá la décima parte de terreno agrícola por erosión, salinidad y cambio climático**

La secuenciación genómica



La secuenciación genómica masiva



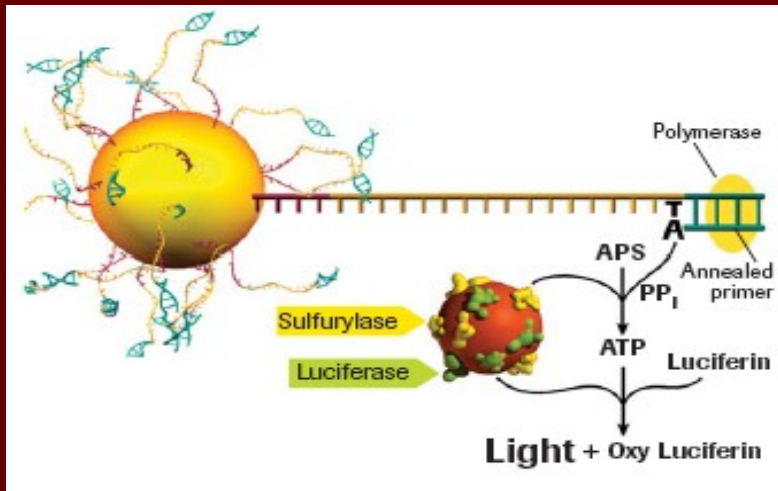
454 GS-FLX ROCHE

SOLEXA ILLUMINA

SOLID APPLIED BIOSYSTEMS

tSMS HELICOS BIOSCIENCE Co.

La pirosecuenciación vs la secuenciación clásica



2006

2 Mb genoma bacteriano 20X
Secuenciación clásica
8 meses 300000 €

2007-2008

2 Mb genoma bacteriano 20X
Pirosecuenciación GS-FLX
1 mes 20000 €

2009

2 Mb genoma bacteriano 20X
GS-FLX Titanium
2 semanas 6000 €

El genoma humano

Beyond the Human Genome Project

In 2003 scientists in the Human Genome Project obtained the DNA sequence of the 3 billion base pairs making up the human genome.

- The human genome is nearly the same (99.9%) in all people.
- Only about 2% of the human genome contains genes, which are instructions for making proteins.
- Humans have an estimated 20,000 genes, the locations of more than half of them are unknown.
- Almost half of all human proteins share similarities with those of other organisms, underscoring the unity of life.

Many new discoveries yet to come!

The Path Forward

Scientific Discovery

How does DNA impact HEALTH?

Discovery Path: Identify and understand the differences in DNA sequence (e.g., a UK's missing human appendix).

What do all the GENES do?

Discovery Path: Discover the functions of human genes by comparing them and by finding genes that behave differently in the mouse, yeast, fruit fly, and other sequenced organisms.

What does most of the human genome DO?

Discovery Path: Identify the non-coding regions of the genome that are important in development and disease. Identify the functions of these regions in mice that are not present in other organisms.

How does the genome enable LIFE?

Discovery Path: Explore the role of the genome level, or the whole organism, in understanding genetic diseases or proteins. The DOE Genome to Life program supports a multidisciplinary approach, including the study of the interactions between the genome and the environment, and the study of the interactions between the genome and the environment.

Diverse Applications

Medicine:

- Diagnosing more diseases and finding cures.
- Personalized medicine.
- Prevention.

Microbes for energy and the environment:

- Identify microbes that can produce biofuels.
- Identify microbes that can clean up environmental pollutants.
- Identify microbes that can produce biofuels.

Bioremediation:

- Identify microbes that can clean up environmental pollutants.
- Identify microbes that can produce biofuels.

Accelerated livestock breeding, biotechnology:

- Identify genes that control growth, disease resistance, and other traits.
- Identify genes that control growth, disease resistance, and other traits.

DNA microarrays:

- Identify genes that are active in different tissues.
- Identify genes that are active in different tissues.

The Decoder from DNA to working cells:

Cells contain DNA—the hereditary material of all living systems. The genome is an organism's complete set of DNA which contains the instructions for building and running an organism. The genome is the complete set of DNA instructions used by the cell to build and run that cell. The genome is the complete set of DNA instructions used by the cell to build and run that cell.

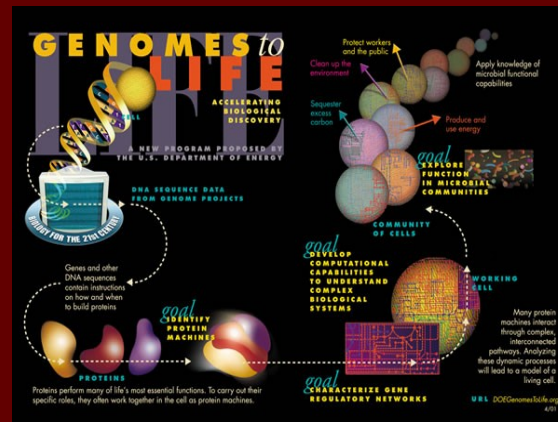
Genome: The Secret of How Life Works

Public Release:

- ✓ Desde el año 2003 disponemos de la secuencia completa del genoma humano que está compuesta por unos 23000 genes; sólo conocemos la funcionalidad de la mitad
- ✓ Tan sólo un 2% de nuestro genoma contiene genes , el resto son zonas no codificantes
- ✓ Los genomas de todos los humanos son prácticamente idénticos (99.9% de identidad)
- ✓ La mitad de las proteínas codificadas en los genes de nuestro genoma está presente en otros organismos vivos
- ✓ En muchos casos ya conocemos que genes de nuestro genoma se relacionan con metabolopatías o con las sensaciones organolépticas

Nutrigenómica y nutrigenética

Nutrigenómica es la disciplina científica que estudia el efecto de los nutrientes de los alimentos sobre la expresión de nuestros genes



Nutrigenética es la disciplina científica que estudia el efecto de las variaciones genéticas entre individuos en la interacción dieta y enfermedad

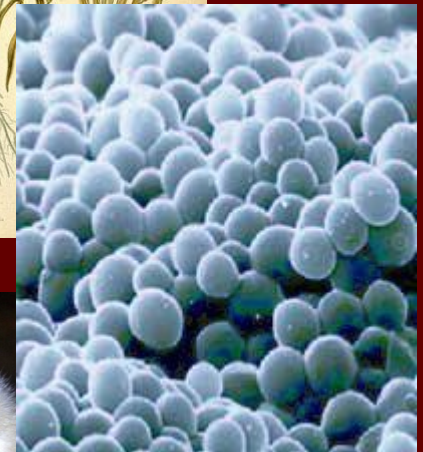
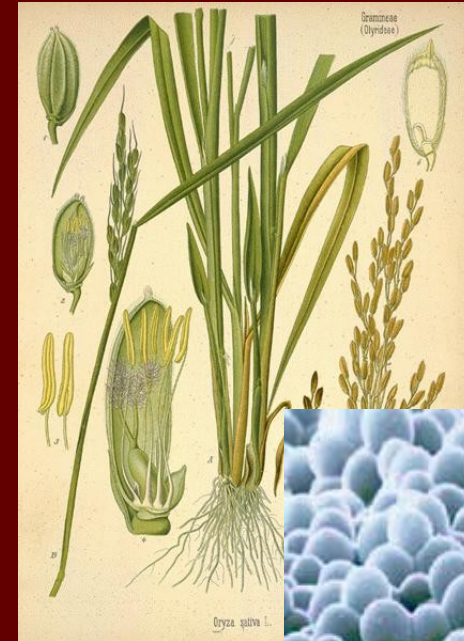
Genética de la obesidad



- ✓ *Los ratones mutantes ob/ob que no producen leptina son obesos; lo mismo pasa con los ratones mutantes db/db o las ratas mutantes fa/fa que son defectivas en el receptor de leptina*
- ✓ *En humanos hay genes equivalentes*
- ✓ *En humanos se han descrito defectos congénitos en la vía de leptina que se asocian a una obesidad mórbida temprana*
- ✓ *En el genoma humano ya se han identificado más de 300 genes relacionados con obesidad*

Otros genomas de interés alimentario

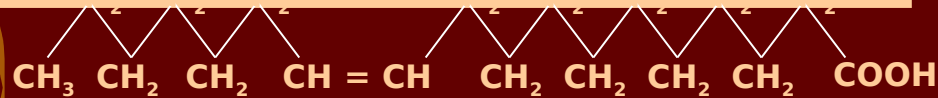
- ✓ A fecha de hoy ya se han secuenciado completamente **1305** genomas de distintos animales, plantas y microorganismos
- ✓ Hay otros **7840** genomas en proceso de secuenciación
- ✓ Entre otros se han secuenciado los genomas del arroz, la levadura panadera o algunas bacterias lácticas
- ✓ Están en proceso



Producción de un isómero específico

Ácido trans-11-octadecenoico (Ácido vaccénico)

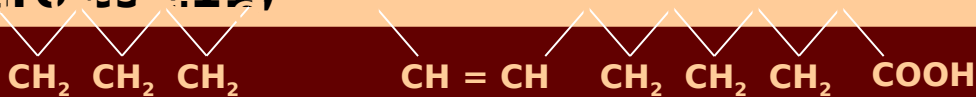
→ SUSTRATO



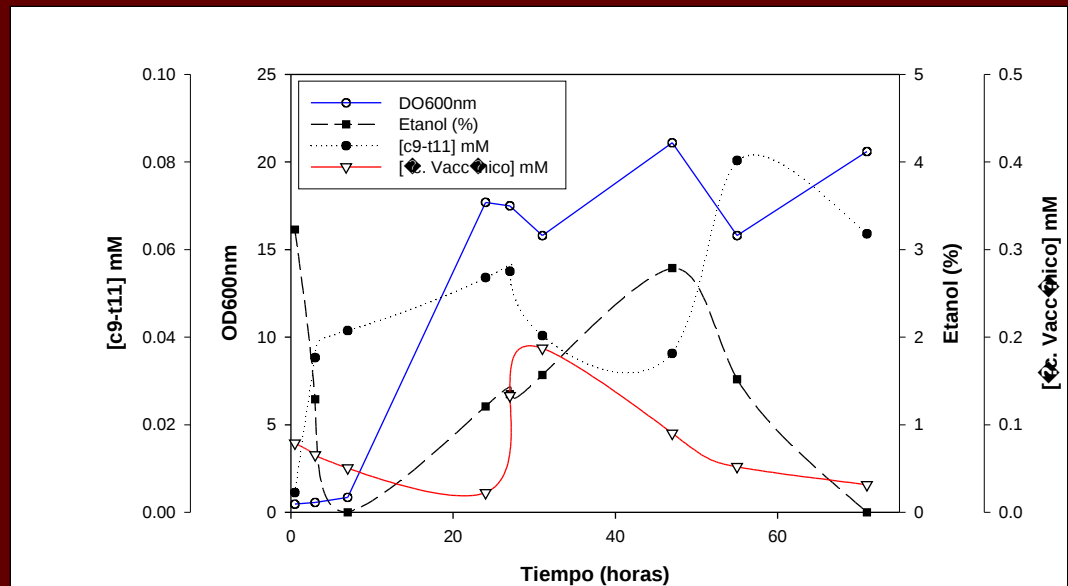
⁹-desaturase (*Saccharomyces cerevisiae*)

Ácido cis-9-trans-11-octadecadienoico (isómero c9-t11)

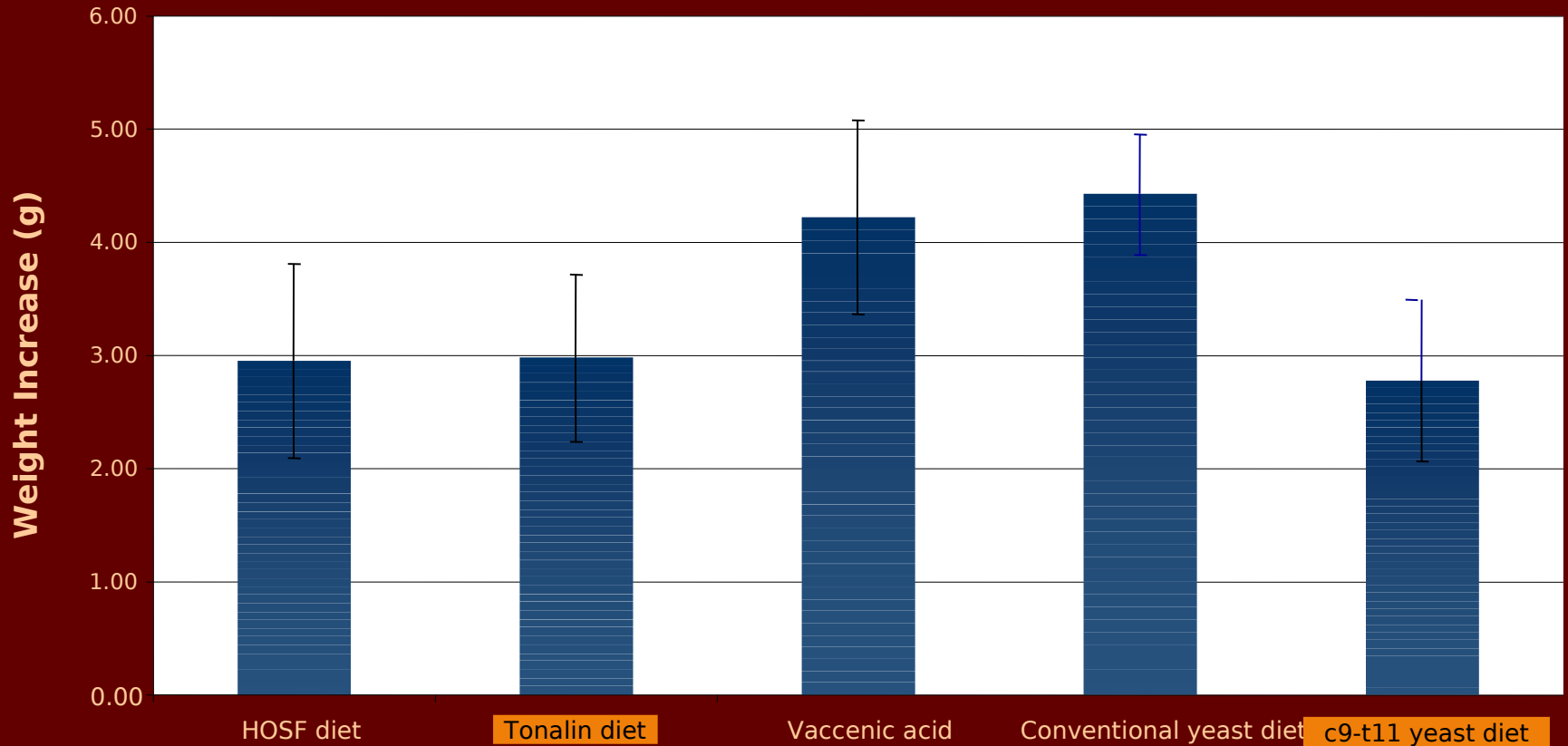
→ PRODUCTO



Producción a nivel industrial



Ensayos con ratones



Productividad transgénica



ÁCIDO
VACCÉNICO

Δ^9 -desaturase

c9-t11 (*OLE1*)

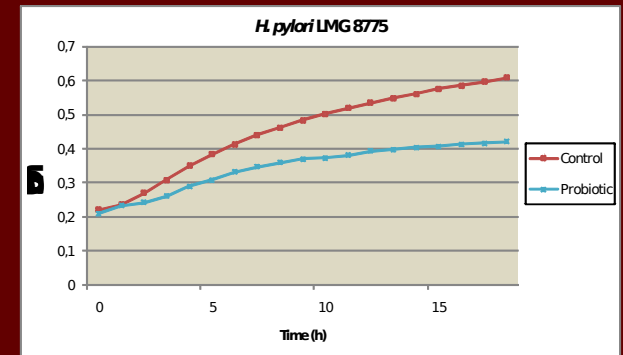
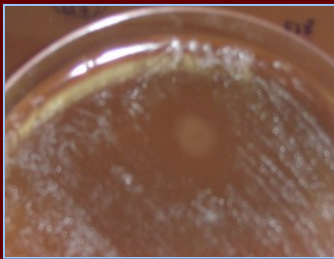


ÁCIDO
VACCÉNICO

Δ^9 -desaturase_n

↑
c9-t11

Probióticos eficaces frente a *H. pylori*



***H. pylori* NCTC 11637 y NCTC 11638**
Aislados de *H. pylori* de origen clínico (A1, A2, A3, A4, A5 y A6)

Caracterización molecular

TCATGCGACGGAGCTGAAGACGACATGcACACCCTG
TGAACCTGCCCCGGAAGGGAAACGCCTATCTCTGGC
GTCGTCCGGAACATTGTCAAGCCCAGGGTAAGGTTT
TTCGCGATGCATCGAATTAATCCGCATGCTCCGCCGC
ATTGTGCGGGCCCCGTCAATTTCTTTGAGTTTTAGC
CTTGCGGACGTACTCCCCAGGTCGGGACGCTTAACG
CGTTAGCTCCGACACGGAACACGTGGAACGTGTCCC
ACATCCAGCGCTCCACCGTTTACGGAGATGGACTAC
CAGGGTATCTAATCCTGTTCCGCTCCCCACGCTATCGC
TCCTCAGCGTCAGCGACGGCCCAGAGACCTGCCTTC
GCCATCGGAGTTCCTCCCGATATCTACACATTCCACC
GTATACACCGGGTAATTCCAGTCTCTCCTACCGCTCT
TCCTGTACGCTCCGATACCCGGCGCAAACCCTCCGT
CTAAGCGATGGACTTTTACACCAGTACGCGACGAGC
CGCCTACGTAGCCCTTTAACGCCCAATCAGAATCCC
GATTAACGTTTTGCTGCGCCTACAGAATTA

Bifidobacterium bifidum

NCBI Blast-kl| 20958 (577 letters) - Microsoft Internet Explorer

Archivo Edición Ver Favoritos Herramientas Ayuda

Atrás Búsqueda Favoritos

Dirección: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/blast.cgi>

Buscar web...

NCBI Blast-kl|20958...

Distance tree of results

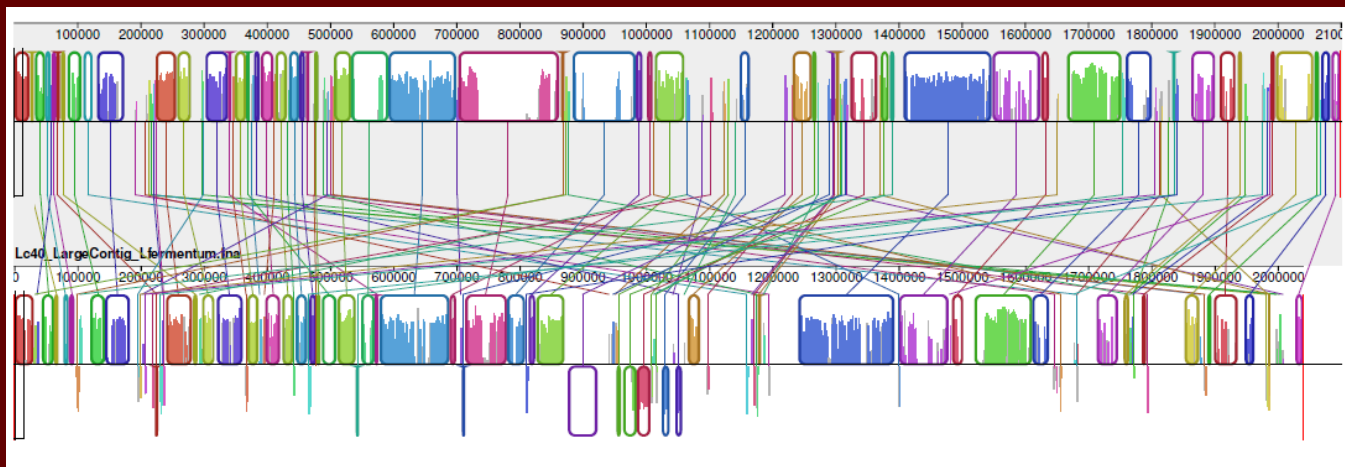
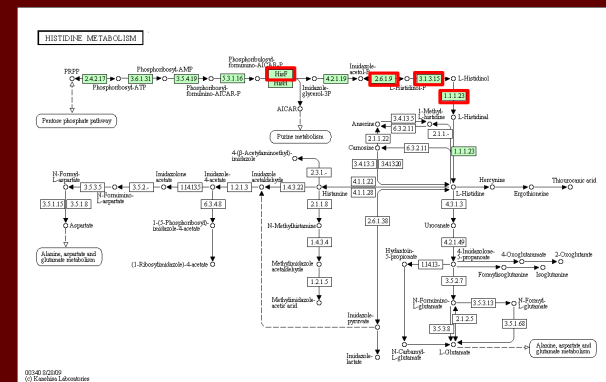
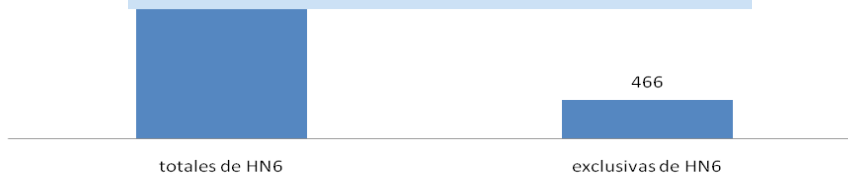
Legend for links to other resources: [U](#) UniGene [E](#) GEO [G](#) Gene [S](#) Structure [M](#) Map Viewer

Sequences producing significant alignments:
(Click headers to sort columns)

Accession	Description	Max score	Total score	Query coverage	E value	Max ident	Links
EF582113.1	Bifidobacterium bifidum strain IDCC 4201 16S ribosomal RNA gene, p	752	752	98%	0.0	91%	
EF370998.1	Bifidobacterium bifidum strain THT-010101 16S ribosomal RNA gene,	752	752	98%	0.0	91%	
EF190988.1	Bifidobacterium bifidum strain klds.02.0608 16S ribosomal RNA gene,	752	752	98%	0.0	91%	
AF391100.1	Uncultured bacterium clone G011 16S ribosomal RNA gene, partial se	752	752	98%	0.0	91%	
AF684148.1	Bifidobacterium bifidum 16S ribosomal RNA gene, complete sequence	752	752	94%	0.0	92%	
DQ339986.1	Uncultured bacterium clone Cadhufec1812 16S ribosomal RNA gene,	752	752	98%	0.0	91%	
AY19261.1	Uncultured bacterium clone Eldhufec086 16S ribosomal RNA gene, pai	752	752	98%	0.0	91%	
DQ083751.1	Uncultured bacterium clone Prebhufec16 16S ribosomal RNA gene, c	752	752	98%	0.0	91%	
S83624.1	16S rRNA [Bifidobacterium bifidum, DSM 20456T, Genomic, 1532 nt]	752	752	98%	0.0	91%	
U23252.1	Bifidobacterium bifidum KCTC 3202 16S rRNA gene	752	752	98%	0.0	91%	
U23251.1	Bifidobacterium bifidum KCTC 3202 16S rRNA gene	752	752	98%	0.0	91%	
AM238125.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-6.5-48h-12	747	747	93%	0.0	92%	
AM238107.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-6.5-24h-9	747	747	93%	0.0	92%	
AM238099.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-48h-12	747	747	93%	0.0	92%	
AM238086.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-24h-8	747	747	93%	0.0	92%	
AM238085.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-24h-7	747	747	93%	0.0	92%	
AM238082.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-24h-4	747	747	93%	0.0	92%	
AM238081.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-24h-3	747	747	93%	0.0	92%	
AM238109.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-6.5-24h-11	745	745	92%	0.0	92%	
AM238098.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-48h-11	745	745	92%	0.0	92%	
AM238097.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-48h-10	745	745	92%	0.0	92%	
AM238095.1	Uncultured bacterium partial 16S rRNA gene, clone D2M-5.5-48h-7	745	745	92%	0.0	92%	

Secuenciación del genoma

Comparación de una cepa probiótica con un control



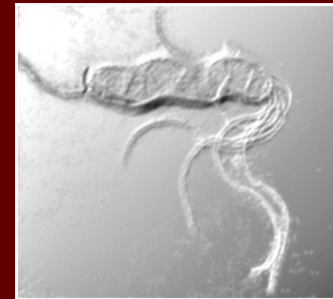
Mecanismo de acción



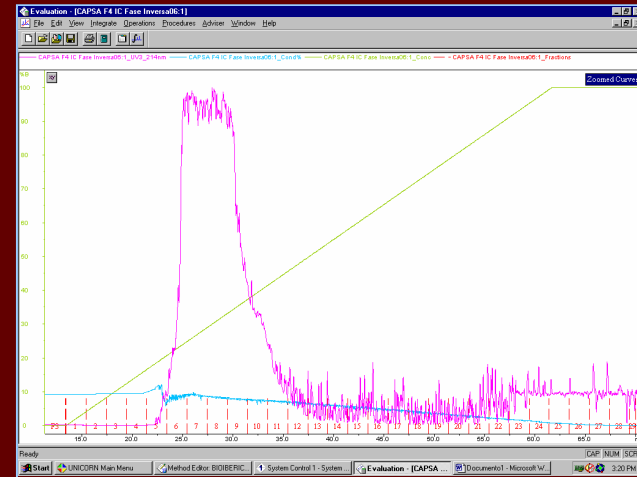
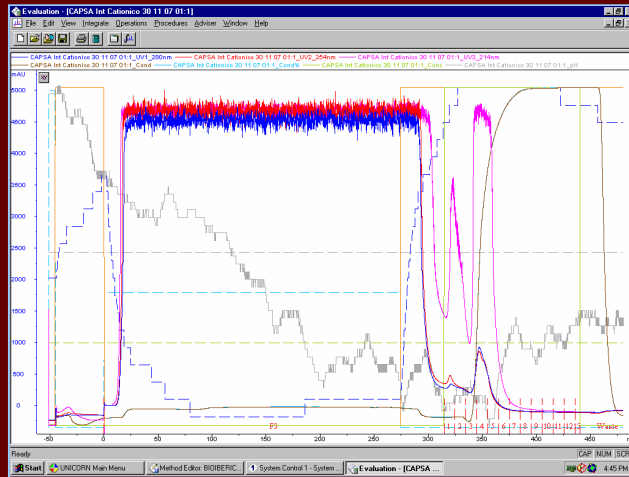
SOBRENADANTE



Proteína



Purificación del metabolito



Intercambio catiónico (HiPrep 16/10 SP FF)
Fase inversa (RESOURCE RPC)
Corte a 5000 Da

Identificación del metabolito

SEQ. ID. NO: 1. VYPFPGPIHN

1139.57 Da

SEQ. ID. NO: 2 PPFLQPEVMGVSKVKE

1783.95 Da

SEQ. ID. NO: 3 DKIHHPFAQTQSLVYPF

1889.97 Da

SEQ. ID. NO: 4 PYPQRDMPIQAFLLYQ

1978.99 Da

SEQ. ID. NO: 5 RDMPIQAFLLYQEPVLG

1978.99 Da

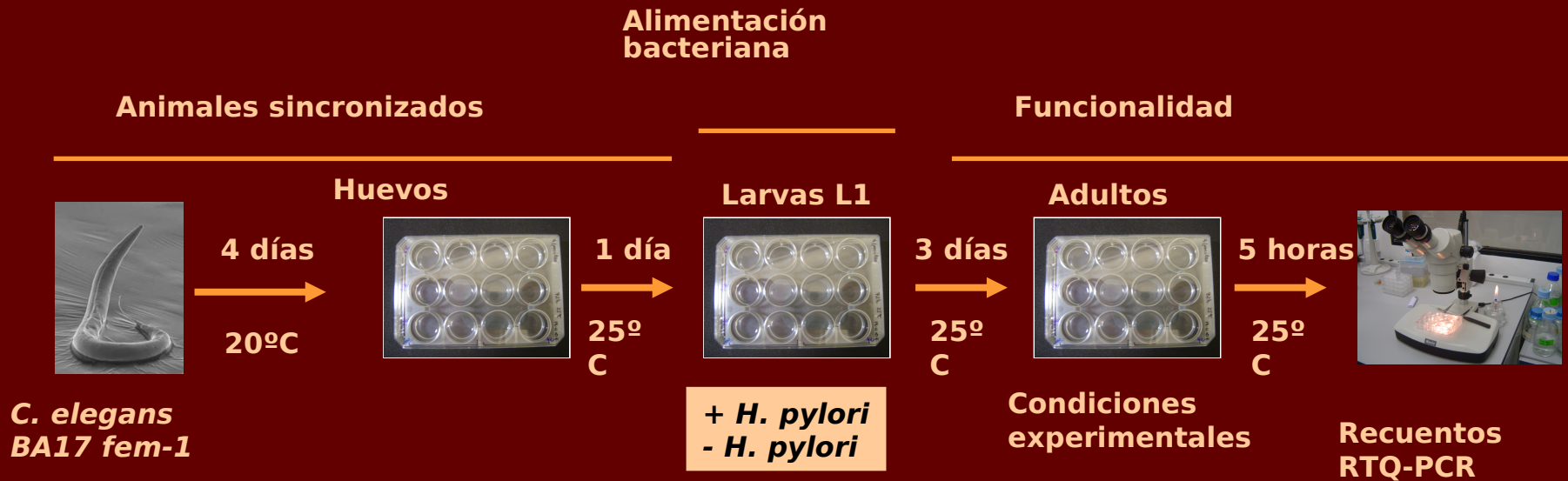
SEQ. ID. NO: 6 PQNIPPLTQTPVVVPPFLQPE

2310.26 Da

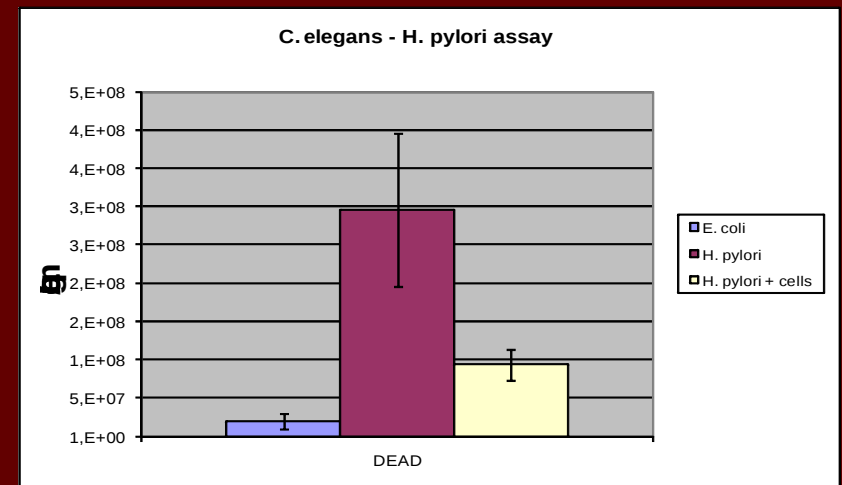
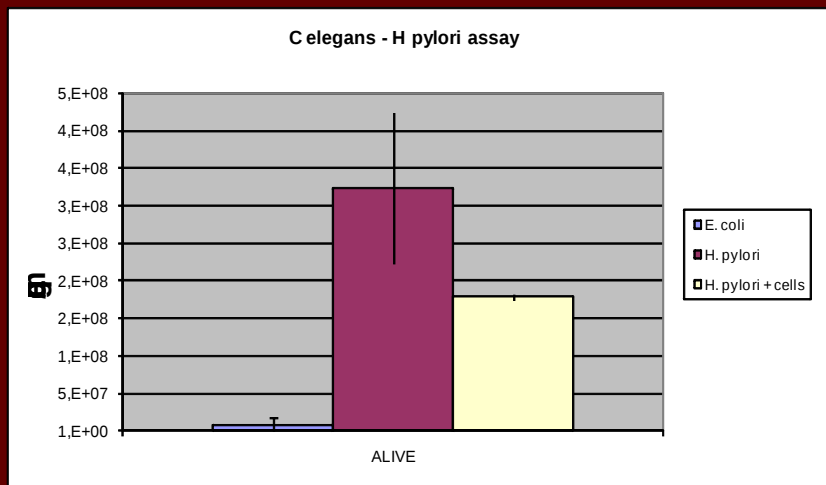


β -caseina

Infección en *C. elegans*

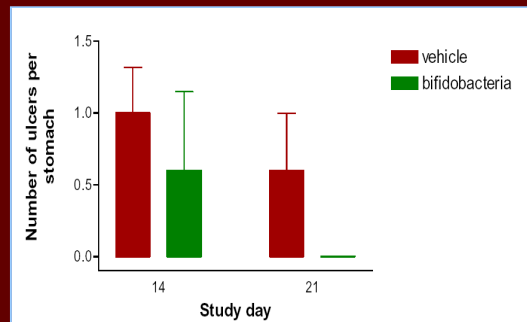


Prevención de la infección en *C. elegans*

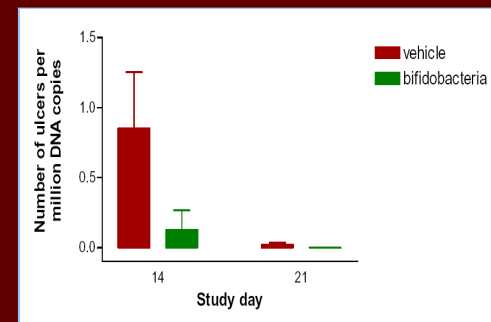


Prevención de la infección en ratones

Alta variabilidad entre animales en el conteo de *H. pylori*
Reducción del número de úlceras en estómago en los animales alimentados con CP5
El número de úlceras/millón copias *H. pylori* fue mayor en el grupo A



Úlceras en estómago



Patogeneicidad

Evaluación de ingredientes funcionales



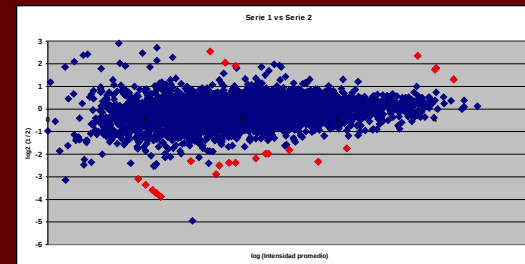
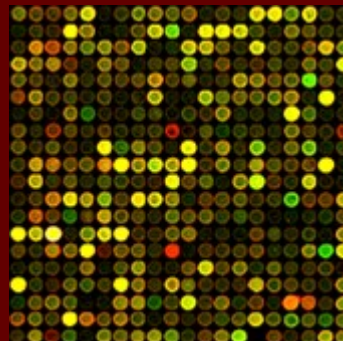
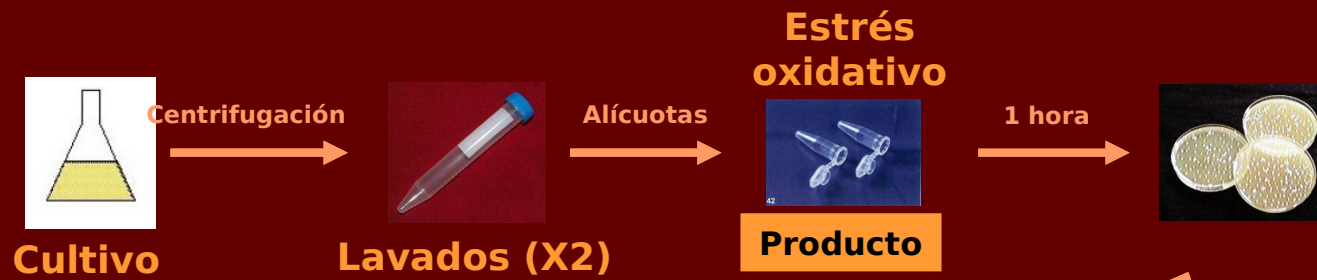
Análisis cuantitativo y cualitativo



Sin estrés, sin producto
 Con producto
 Con estrés, sin producto
 Con estrés + Con producto
 Con estrés + Con producto (1/10)

CONDICIÓN	% DE SUPERVIVENCIA
Control (Sin antioxidante y sin estrés)	100
Estrés (H ₂ O ₂ 1 mM durante 1 hora)	16
Estrés + producto 12% (4 g/L)	49,5
Estrés + Green Tea Polyphenols 12% (4 g/L)	33,5
Estrés + Green Tea Polyphenols 42% (4 g/L)	26
CONDICIÓN <i>versus</i> POLVO DE CACAO	% DE SUPERVIVENCIA
Control (Sin antioxidante y sin estrés)	100
Estrés + producto convencional (4 g/L)	1,17
Estrés + producto mejorado 12% (4 g/L)	37

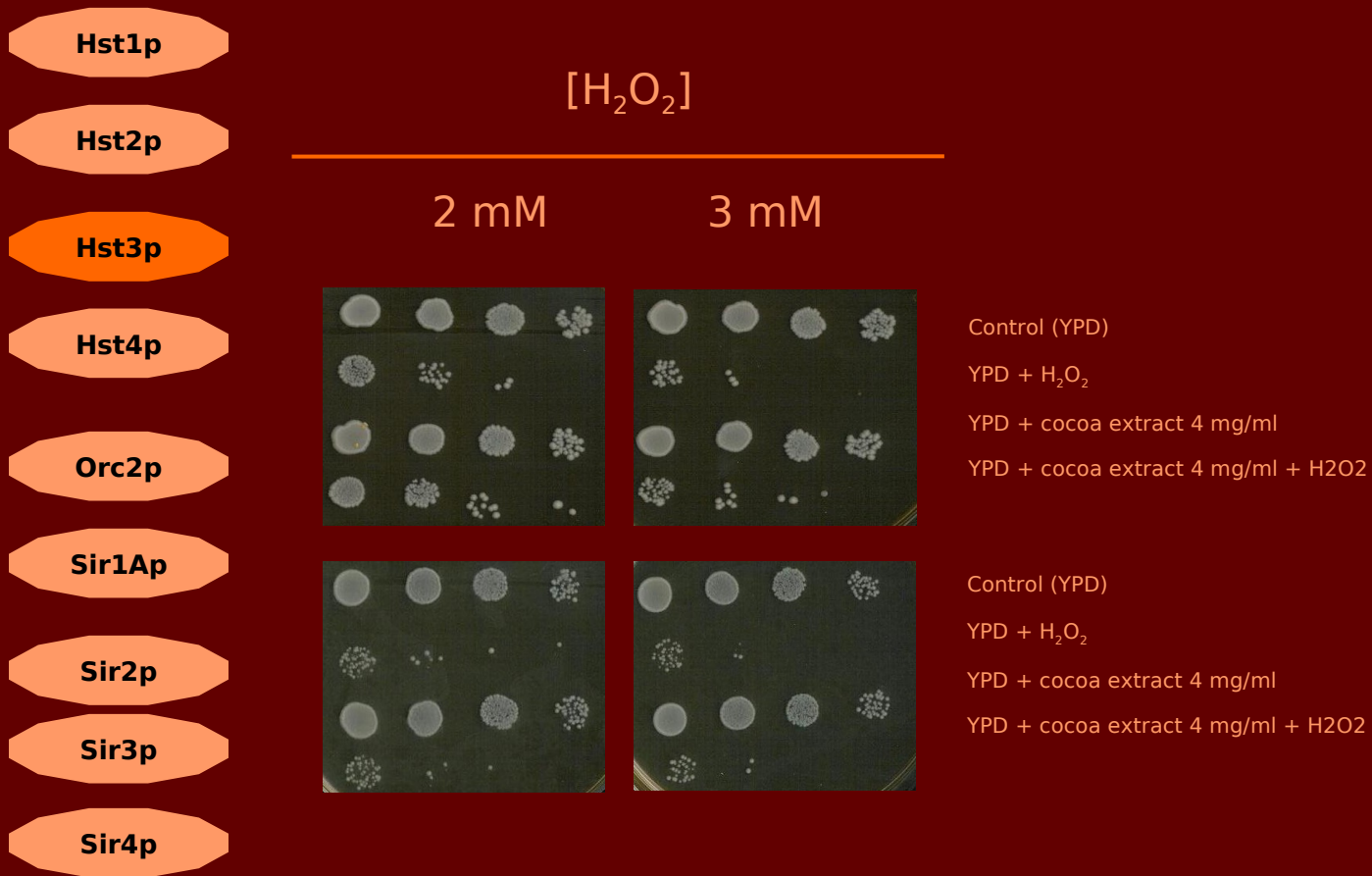
Nutrigenómica



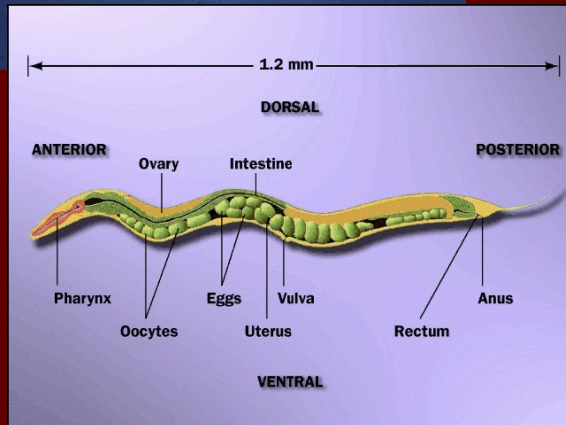
Genes inducidos

ORF	Gen	Función molecular
YOR088W	YVC1	Canal de calcio
YER160C		Indefinida: ¿actividad DNA polimerasa, unión al RNA, actividad peptidasa, unión a proteínas, actividad ribonucleasa?
YOR025W	HST3	Unión al DNA, histona desacetilasa (sirtuina)
YLR187W	SKG3	Indefinida: ¿actividad DNA polimerasa, unión al RNA, actividad peptidasa, unión a proteínas, actividad ribonucleasa?
YJR029W		Indefinida: ¿actividad DNA polimerasa, unión al RNA, actividad peptidasa, unión a proteínas, actividad ribonucleasa?
YJR027W		Indefinida: ¿actividad DNA polimerasa, unión al RNA, actividad peptidasa, unión a proteínas, actividad ribonucleasa?
YER138C		Indefinida: ¿actividad DNA polimerasa, unión al RNA, actividad peptidasa, unión a proteínas, actividad ribonucleasa?

Mutantes en sirtuinas

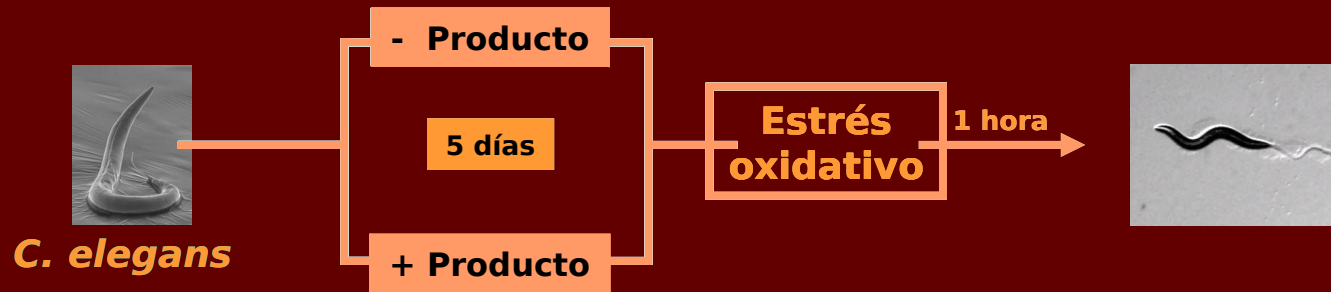


Caenorhabditis elegans



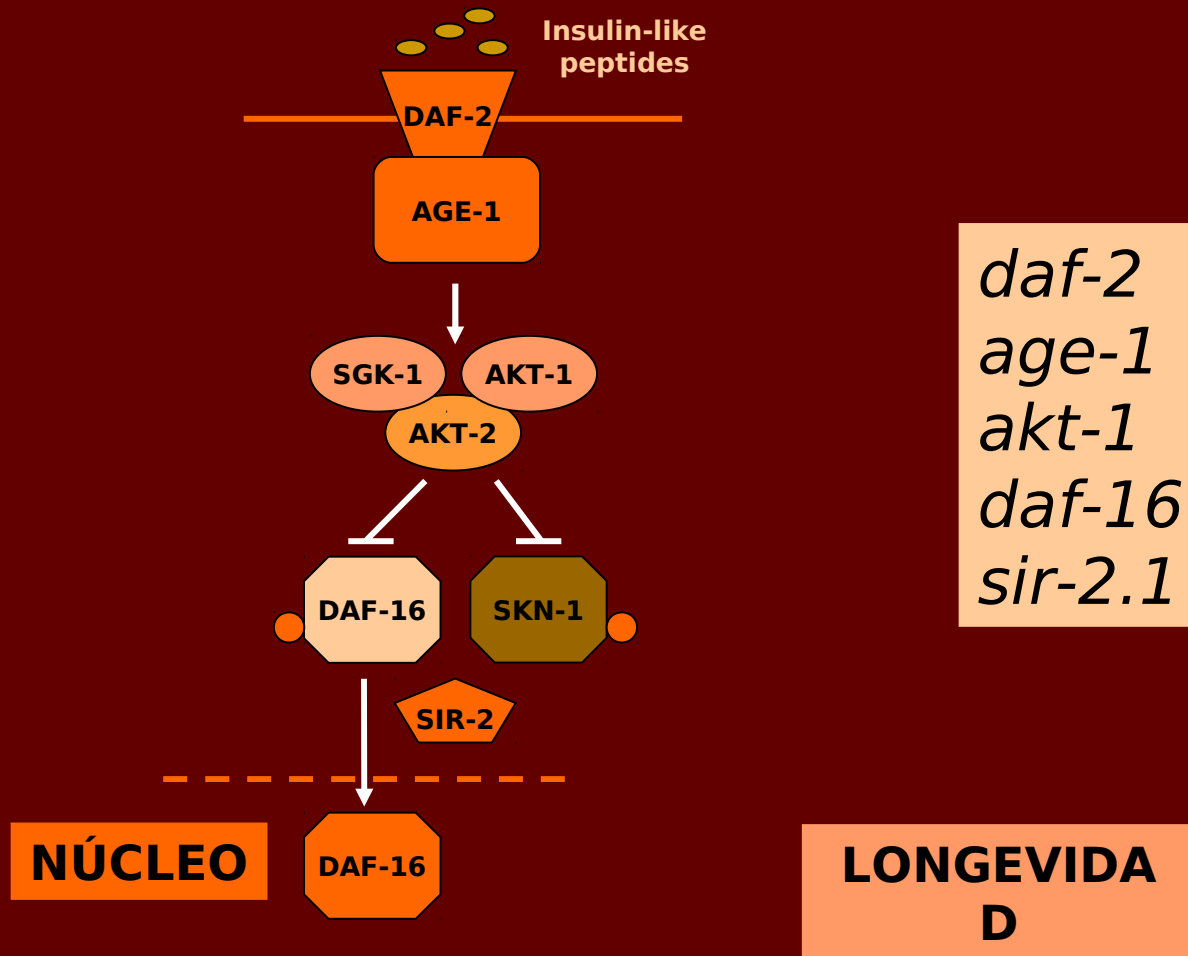
- ✓ *Es un nematodo habitante habitual del suelo que vive comiendo bacterias de su entorno en muchas partes del planeta; no es patógeno animal o vegetal*
- ✓ *Tiene un ciclo de vida muy corto y los individuos adultos apenas miden 1 mm de longitud*
- ✓ *Es transparente y se mueve mediante movimientos reptantes*
- ✓ *Su genoma está totalmente secuenciado; tiene 16757 genes identificados*
- ✓ *El 50% de los genes humanos implicados en patologías tienen genes ortólogos en el genoma de C. elegans*

Estrés oxidativo en *C. elegans*

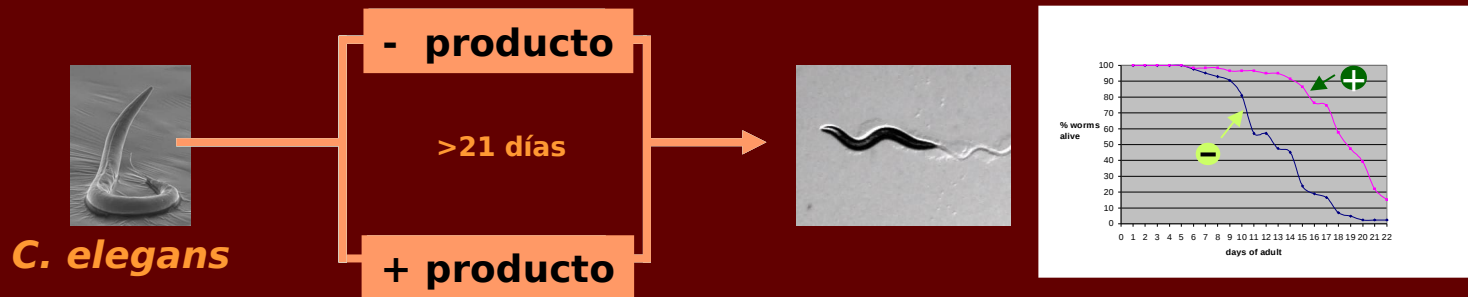


CONDICIÓN	% DE SUPERVIVENCIA
Estrés oxidativo sin producto	5
Estrés oxidativo con producto (4 g/L)	39
Estrés oxidativo con producto (4 g/L) en fondo SIR 2.1	7

El papel biológico de SIR 2

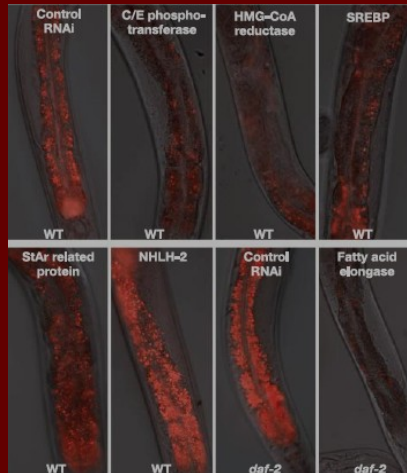
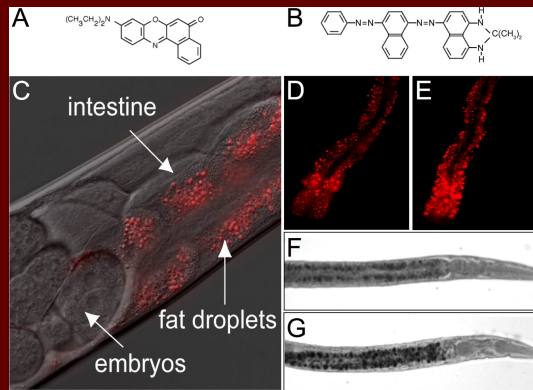


Aumento de la esperanza de vida



CONDICIÓN	ESPERANZA DE VIDA (días)
Sin producto	15.2
Con producto (4 g/L)	17.8

Modelo de obesidad

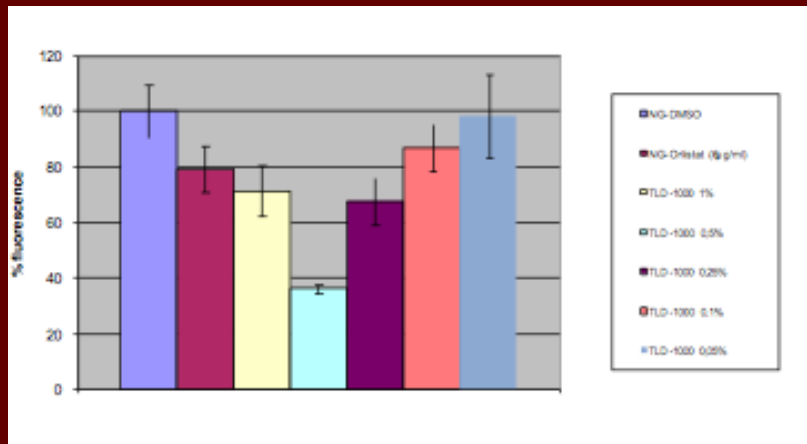


✓ *C. elegans* acumula grasa en forma de gotas fácilmente identificables mediante el empleo de Rojo Nilo

✓ Mediante la generación de mutantes utilizando RNAi contra todos los genes del gusano se han identificado 305 genes cuya inactivación provoca reducción del acúmulo de grasa y 112 que la aumentan

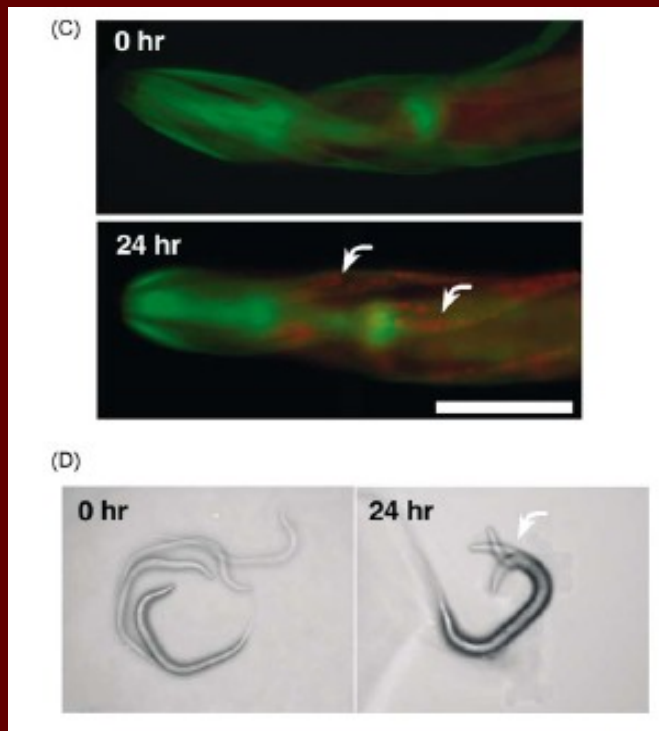
✓ Muchos de ellos tienen genes ortólogos en el genoma humano; están implicados en el apetito y la función y el

A la búsqueda de ingredientes contra la obesidad



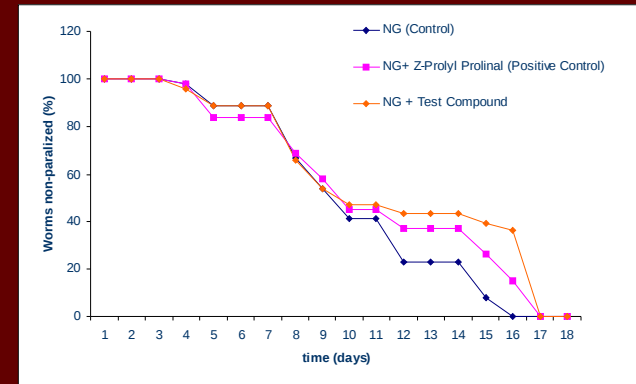
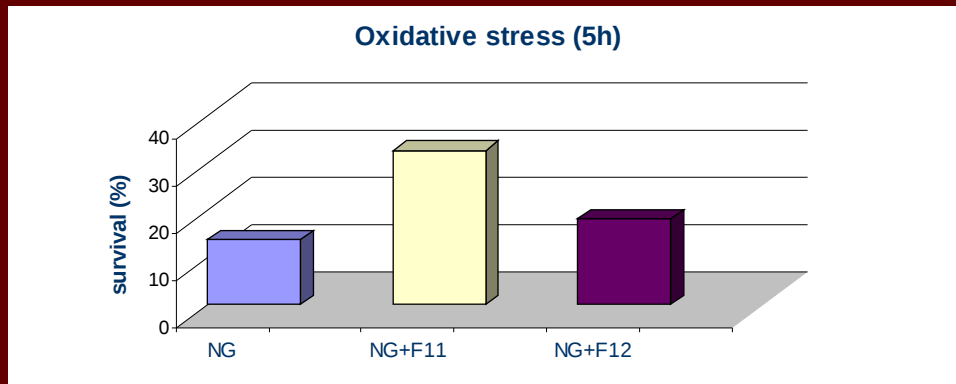
- ✓ *Pruebas de inhibición de actividades enzimáticas relacionadas con el metabolismo de las grasas o con el aprovechamiento de polisacáridos*
- ✓ *Modelos in vivo de obesidad*
- ✓ *El futuro: modelos in vivo de receptores de sabores y de saciedad*

Modelo de Alzheimer



- ✓ *Se han construido gusanos mutantes que expresan una porción del péptido amiloide humano ($A\beta$ 1-42) bajo el control de un promotor inducible*
- ✓ *Los animales que expresan dicho gen producen depósitos amiloides que reaccionan con diferentes colorantes y provocan la paralización del animal*
- ✓ *El sistema se ha usado como bioensayo para cuantificar la eficacia de diferente compuestos frente a la producción de los depósitos*

Péptidos antioxidantes



Contacto



BIOPOLIS

☎ +34 963 160 299

☏ +34 963 160 367

✉ Polígono La Coma, s/n
46980 Paterna

(Valencia)

www.biopolis.es