

# Una investigación codirigida por el BGI desvela los secretos de Tres Cultivos Clave de Allium y Evolución de sus Rasgos

SHENZHEN, CHINA, November 10, 2023 /EINPresswire.com/ -- En la última publicación de Nature Genetics, BGI-Research, en colaboración con la Universidad Politécnica del Noroeste (China), la Universidad de Otago (Nueva Zelanda), el Instituto de Investigación Vegetal y Alimentaria de Nueva Zelanda y otros institutos, presenta los ensamblajes genómicos más detallados y de mayor calidad hasta la fecha de tres especies de Allium: cebolla, ajo y cebolla galesa, así como de su pariente cercano, el lirio africano. Utilizando la tecnología multiómica espacial Stereo-seq del Grupo BGI, el estudio reveló el desarrollo, el metabolismo, la categorización de los tipos celulares y los cambios en la expresión génica durante las distintas etapas de desarrollo de las especies de Allium. Estos resultados, obtenidos en el marco del Proyecto Earth BioGenome (EBP), permiten comprender mejor estas antiguas y valiosas especies y mejorar su cultivo y reproducción.

Allium es un género de plantas con flores monocotiledóneas que cuenta con cientos de especies, entre ellas la cebolla cultivada, el ajo, la cebolleta, la chalota, el puerro, la cebolla galesa y el cebollino. Los primeros registros del uso humano de la cebolla como alimento se remontan a sepulturas egipcias del 3.000 a.C.. Actualmente, la cebolla es, después del tomate, una de las hortalizas más cultivadas del mundo, con una producción anual de 100 millones de toneladas de cebollas secas.

A pesar de su protagonismo culinario, los interrogantes sobre las especies de Allium, como su evolución y el origen de su sabor, han desconcertado al mundo durante siglos debido a la falta de genomas de referencia de alta calidad.

## nature genetics

[Explore content](#) ▾ [About the journal](#) ▾ [Publish with us](#) ▾ [Subscribe](#)

[nature](#) > [nature genetics](#) > [articles](#) > [article](#)

Article | [Published: 06 November 2023](#)

### Chromosome-level genomes of three key *Allium* crops and their trait evolution

[Fei Hao](#), [Xue Liu](#), [Botong Zhou](#), [Zunzhe Tian](#), [Lina Zhou](#), [Hang Zong](#), [Jiyan Qi](#), [Juan He](#), [Yongting Zhang](#), [Peng Zeng](#), [Qiong Li](#), [Kai Wang](#), [Keke Xia](#), [Xing Guo](#), [Li Li](#), [Wenwen Shao](#), [Bohan Zhang](#), [Shengkang Li](#), [Haifeng Yang](#), [Linchong Hui](#), [Wei Chen](#), [Lixin Peng](#), [Feipeng Liu](#), [Zi-Qiang Rong](#), [Yingmei Peng](#), [Wenbo Zhu](#), [John A. McCallum](#), [Zhen Li](#), [Xun Xu](#) , [Hui Yang](#) , [Richard C. Macknight](#) , [Wen Wang](#)  & [Jing Cai](#) 

[— Show fewer authors](#)

[Nature Genetics](#) (2023) | [Cite this article](#)

La investigación "Chromosome-level genomes of three key *Allium* crops and their trait evolution (Genomas cromosómicos de tres cultivos clave de Allium y la evolución de sus rasgos)" publicada en Nature Genetics.

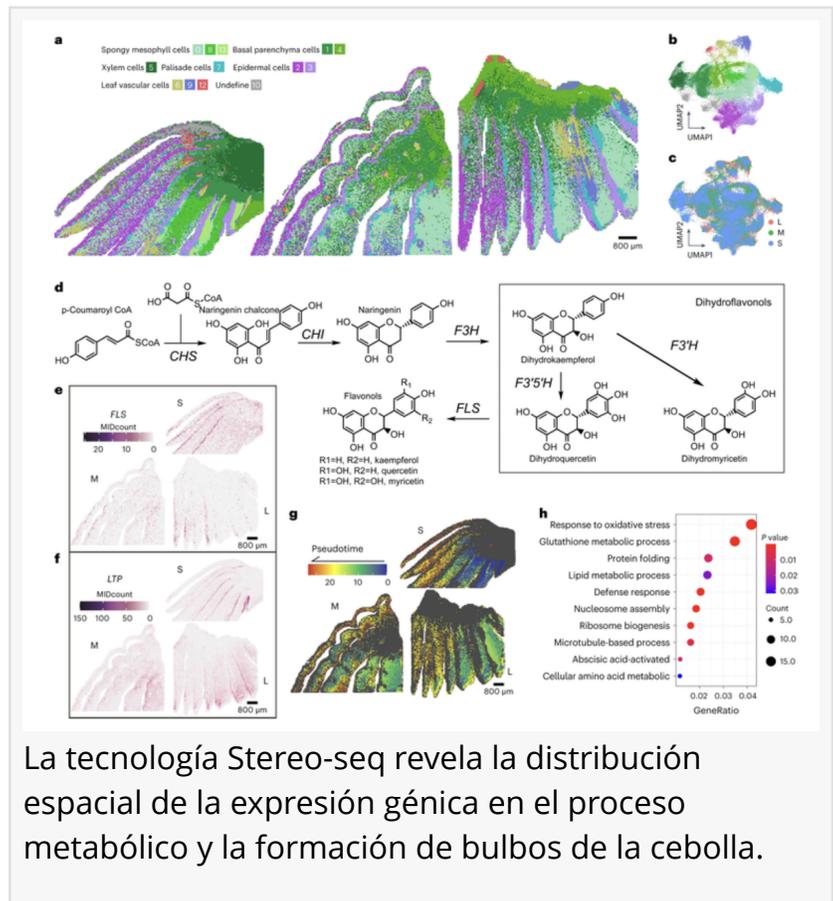
En esta investigación, los científicos han ensamblado los genomas de la cebolla, el ajo, la cebolla galesa y el lirio africano más completos y de mayor calidad hasta la fecha. Los tamaños contig N50 de las tres especies de *Allium* (cebolla, ajo y cebolla galesa) no solo fueron los más altos entre los ensamblajes de *Allium* publicados recientemente, sino también los más altos registrados para plantas con genomas grandes.

Las estadísticas N50 se utilizan a menudo para describir la calidad del ensamblaje o la "integridad" de un ensamblaje genómico en términos de contigüidad. Un contig es un conjunto de segmentos de ADN que se solapan de tal forma que proporcionan una representación contigua de una región genómica. Dado un conjunto de contigs, el N50 se define como la longitud de secuencia del contig más corto al 50% de la longitud total del ensamblaje. Un contig N50 de mayor tamaño indica que el ensamblaje del genoma se aproxima más al genoma original.

La tecnología Stereo-seq desempeñó un papel fundamental en este estudio al permitir el análisis de los transcriptomas espaciotemporales de los bulbos de cebolla. Este análisis reveló, entre otras cosas, variaciones y similitudes en los patrones de expresión de genes asociados a la síntesis de flavonoides en distintos tipos celulares, los atributos de la expresión de genes implicados en la síntesis de cera epidérmica y la dinámica del desarrollo de las células esponjosas del mesófilo.

El equipo de investigación seleccionó cebollas en estadios de crecimiento temprano, intermedio y maduro y llevó a cabo la secuenciación Stereo-seq de muestras tomadas de las bases de los bulbos. Las cebollas son plantas bienales que poseen grandes órganos de almacenamiento en los bulbos para sobrevivir al invierno. Estos bulbos albergan una variedad de metabolitos secundarios, incluidos flavonoides como la quercetina, un flavonoide prominente en las cebollas conocido por sus propiedades antioxidantes y su resistencia a las enfermedades.

Estudios anteriores habían identificado un grupo de genes responsables de la síntesis de flavonoides en los bulbos de cebolla. Los resultados de la técnica Stereo-seq de esta investigación revelaron que estos genes, con la excepción de uno, se coexpresan en las células



La tecnología Stereo-seq revela la distribución espacial de la expresión génica en el proceso metabólico y la formación de bulbos de la cebolla.

epidérmicas. Esto implica que las células epidérmicas en los bulbos de cebolla actúan como sitio primario para la síntesis de flavonoides, indicando que son la fuente principal de flavonoides en los bulbos de cebolla.

Además, la epidermis de la cebolla presentaba altos niveles de expresión de una familia específica de genes implicados en la formación de la cera epidérmica de la cebolla, una capa similar a la piel que protege los delicados tejidos subyacentes de virus y hongos dañinos. Estos hallazgos aportan información crucial para futuras investigaciones sobre el control de plagas en la cebolla y el desarrollo de variedades de cebolla resistentes a las plagas.

Además, los investigadores examinaron el proceso de formación del bulbo de la cebolla, un cambio espaciotemporal bien organizado en el desarrollo celular. Según el análisis espacial del transcriptoma y los estudios anteriores, la formación del bulbo parece implicar varios procesos celulares. Durante el desarrollo de los bulbos de la cebolla, las células esponjosas del mesófilo, una capa celular dispuesta de forma dispersa en las regiones internas de las capas del bulbo de la cebolla responsable del intercambio gaseoso y de la regulación del flujo de gases, siguieron una trayectoria continua de formación celular desde la capa interna hacia la capa externa y desde la base hacia la parte superior. En cada capa del bulbo, la expansión de las células del mesófilo esponjoso se produjo desde el borde exterior hacia el interior, lo que indica que las células más internas comenzaron a expandirse antes y posteriormente fueron empujadas hacia el interior por la expansión posterior de las células cercanas al borde exterior.

"Basados en la tecnología Stereo-seq de alta resolución, nuestros datos proporcionan nuevos conocimientos sobre el desarrollo y el metabolismo del bulbo de la cebolla incluso a nanoescala subcelular, con una resolución 100 veces mayor que la tecnología espacial anterior," afirmó el Dr. Xu Xun, Director de BGI-Research. En un contexto cada vez más grave de pérdida de biodiversidad mundial, este estudio destaca el importante valor de la utilización de datos genómicos de alta precisión para el análisis genético y la investigación de los recursos de la biodiversidad."

Más información sobre la investigación: <https://bit.ly/4707SrG>

Richard Li

BGI Group

[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[Twitter](#)

[LinkedIn](#)

---

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/667354008>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something

we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2023 Newsmatics Inc. All Right Reserved.