LIFE Science Hub
JOURNAL OF SCIENCE
EXPANDING KNOWLEDGE ABOUT NUTRITION AND HEALTH

ORIGINAL RESEARCH

Domesticación del sorgo y selección genómica de la biosíntesis del almidón de reserva

M. Moscati[1]

1 Italy

ONLINE ARTICLE

ARTICLE INFORMATION

Published: November 10, 2026
Updated: November 11, 2026

DOI 10.5281/zenodo.24140647

1. ABSTRACT

El estudio analizado examinó cómo la domesticación ha modificado los genes implicados en la producción del almidón de reserva en el sorgo, un cereal cultivado. A través de datos de secuenciación genómica y análisis de la diversidad genética, los autores compararon variedades tradicionales cultivadas con líneas silvestres o adventicias. Muchos genes de la principal vía de síntesis del almidón mostraron una menor variabilidad genética en las variedades cultivadas, una señal compatible con presiones selectivas ocurridas durante la domesticación.En el apartado de “La elección de Vivir en la Salud o en la Enfermedad” del Dr. A. Colonnese y R. Panzironi, la publicación contribuye a la narrativa según la cual los principales cultivos agrícolas tienen un papel alimentario estrechamente ligado a su contenido de almidón. Estudios independientes sobre el maíz, el sorgo y el arroz confirman que los genes de la vía del almidón pueden conservar señales de selección asociadas a la domesticación. Sin embargo, las evidencias no demuestran que la selección haya aumentado siempre directamente la cantidad de almidón, ni que esta explicación sea válida de forma idéntica para cada cultivo. La confirmación es, por tanto, indirecta y se refiere sobre todo a la relación entre domesticación, cereales y genes del almidón.

MISSION

LIFE Science Hub – Journal of Science nace con el objetivo de hacer accesible el saber científico sin renunciar al rigor metodológico, a la calidad de las fuentes y a la autoridad de los contenidos. La revista promueve la difusión del conocimiento en las ciencias de la salud, de la nutrición, de la medicina y de la longevidad, creando un puente entre el mundo de la investigación y la sociedad.

A través de artículos, revisiones, análisis en profundidad y aportaciones de expertos, el Journal pone en valor la medicina y la ciencia basadas en la evidencia, favoreciendo una correcta interpretación de los datos científicos y combatiendo la desinformación. Cada contenido se desarrolla con el objetivo de traducir la complejidad de la investigación en información comprensible, útil y aplicable, manteniendo intactos los principios de exactitud, transparencia e independencia científica.

Libre de condicionamientos políticos, industriales y comerciales, la revista se propone como un espacio editorial autorizado e independiente, dedicado a la promoción de la cultura científica, de la actualización profesional y del crecimiento de la conciencia sanitaria en la población.

2. ESTUDIO ANALIZADO

La pregunta de investigación era si la domesticación del sorgo había dejado rastros reconocibles en los genes que permiten al grano producir y acumular almidón. La hipótesis era que las variedades cultivadas, en comparación con sus parientes silvestres o malezas, habían experimentado presiones selectivas en puntos específicos de la vía metabólica del almidón.La relevancia con el párrafo del libro se refiere a un pasaje preciso: el almidón no es solo un componente del grano, sino un producto de reserva central en los cereales y un carácter biológico relevante en la historia de su cultivo. El estudio no mide el consumo humano de cereales, no compara el contenido proteico o mineral de los alimentos y no demuestra que el aumento del almidón haya sido el único objetivo de la selección agrícola. En cambio, documenta señales genéticas compatibles con la selección en una red de genes involucrados en la síntesis del almidón en el sorgo.

3. MATERIALES Y MÉTODOS DEL ESTUDIO ORIGINAL

Los autores analizaron 114 genes identificados como implicados en el metabolismo y la síntesis del almidón en el sorgo. La comparación principal se centró en accesiones clasificadas como *Landraces*, es decir, variedades tradicionales cultivadas, y genotipos silvestres o adventicios. El número exacto de accesiones pertenecientes a cada grupo no se indica en el material disponible, ya que la tabla complementaria correspondiente no está incluida en el texto proporcionado.Los genomas fueron sometidos a secuenciación de nueva generación, con una profundidad media efectiva de lectura de aproximadamente 22 veces por línea, con una variación de 16 a 45 veces. Los autores también analizaron la expresión de los genes en el grano inmaduro, recolectado 16 días después de la floración, mediante RNA-seq (técnica que mide qué genes se transcriben en ARN).Para evaluar la selección, calcularon la diversidad nucleotídica, es decir, cuánto difieren las secuencias de ADN entre individuos; el valor FST, un índice de diferenciación genética entre poblaciones; la prueba de Tajima, que compara el modelo de variación observado con el esperado en ausencia de selección; y la relación Ka/Ks, que compara mutaciones capaces de modificar una proteína con mutaciones que no cambian su secuencia. Una relación Ka/Ks inferior a 1 es generalmente compatible con la selección purificadora, es decir, con la eliminación de variantes potencialmente dañinas.

4. RESULTADOS

El resultado central es que muchos genes de la vía principal de síntesis del almidón presentaban diferencias entre el sorgo cultivado y el sorgo silvestre o maleza. En las variedades tradicionales cultivadas, la diversidad nucleotídica media de los genes de la vía primaria fue de 0,0009933, frente a 0,00119 en las líneas silvestres o malezas: una reducción media de aproximadamente 1,4 veces. En términos sencillos, en las variedades cultivadas algunas regiones genéticas se habían vuelto más uniformes, una tendencia compatible con un cuello de botella en la domesticación y, en determinados loci, con selección.La reducción de la diversidad fue particularmente amplia en algunos genes importantes para el flujo de carbono hacia el almidón. Por ejemplo, la diversidad resultó reducida en un 92,4% para *SbSH2* , un gen que codifica una subunidad de la ADP-glucosa pirofosforilasa, enzima implicada en la formación del precursor directo del almidón. También se observaron reducciones para el transportador *SbBT1* y para genes de las almidón sintasas, enzimas que alargan las cadenas de glucosa del almidón.Entre los 114 genes examinados, 71 mostraban al menos una señal de selección purificadora y 62 al menos una señal de selección equilibradora, un proceso que puede mantener variantes diferentes en la población. Cuarenta y tres genes tenían señales diferentes en regiones distintas de su secuencia. Estos resultados indican una historia evolutiva compleja: no todos los genes del almidón han cambiado de la misma manera, ni una señal genética permite establecer por sí sola el efecto final sobre el contenido de almidón en el grano.En la ruta principal, las variedades tradicionales mostraban además una correlación significativa entre la posición del gen en la vía metabólica y la relación Ka/Ks, con un coeficiente de Kendall de 0,338 y un valor P igual o inferior a 0,023. Este dato es compatible con una mayor conservación de los pasos situados más arriba en la vía. La correlación no fue significativa en las líneas silvestres o malezas, ni en las vías

secundarias consideradas por los autores.

5. INTERPRETACIÓN

Para producir almidón, el grano transforma los azúcares provenientes de la planta en largas cadenas de glucosa. Algunos pasos iniciales de esta secuencia son esenciales: una alteración en ellos puede influir en muchas funciones posteriores. El estudio indica que, en el sorgo cultivado, diversos genes de esta red han conservado señales compatibles con la domesticación.El segmento documentado por la publicación es, por tanto: cultivo y selección del sorgo modificaciones de la variabilidad genética en los genes de la síntesis del almidón. Esto es coherente con el hecho de que los cereales sean fuentes alimentarias en las que el almidón constituye una reserva energética importante. Sin embargo, el paso adicional "selección genética mayor contenido de almidón" sigue siendo una interpretación plausible pero no demostrada directamente por estos datos, ya que los autores no midieron sistemáticamente la cantidad de almidón, el rendimiento, las proteínas o los minerales en las mismas plantas.Asimismo, es necesario distinguir entre una firma de selección y una prueba funcional. Una firma de selección señala que una región genética ha seguido una tendencia no aleatoria a lo largo del tiempo; no demuestra automáticamente qué característica visible de la planta ha cambiado, ni qué presión agrícola o ambiental la ha determinado.

6. EVIDENCIAS INDEPENDIENTES DE CONFIRMACIÓN

Una confirmación independiente proviene del maíz, otro gran cereal cultivado. Whitt y sus colegas examinaron seis genes relevantes para el metabolismo del almidón en el maíz y en su pariente silvestre, el teosinte. Observaron una diversidad genética inusualmente baja en los genes del almidón y fuertes señales de selección. El resultado respalda la premisa general de que la domesticación puede actuar sobre los genes de la vía del almidón en un cereal, sin establecer, sin embargo, que el efecto sea necesariamente un aumento cuantitativo del almidón en todas las variedades [1].Una confirmación adicional concierne directamente al sorgo. En un análisis filogeográfico de cultivares provenientes de diferentes áreas, de Alencar Figueiredo y sus colegas estudiaron seis genes candidatos para la calidad del grano, incluidos *Sh2*, *Bt2*, *SssI*, *Wx* y *Ae1*. Los genes *Sh2*, *Bt2* y *SssI* mostraron una pérdida de diversidad fuera del área de origen del sorgo, mientras que otros loci mantuvieron o desarrollaron nuevas variantes tras la domesticación. Esta observación confirma que la selección humana no actúa de manera uniforme sobre toda la vía del almidón [2].También en el arroz, Yu y sus colegas compararon seis genes principales de la síntesis del almidón en 99 accesiones cultivadas y 70 accesiones del progenitor silvestre *Oryza rufipogon*. Detectaron señales de selección positiva para el gen *GBSSI* en los grupos japonica y para *GBSSI* y *SBEIIb* en el grupo aromático. El dato muestra que, en un tercer cereal, genes específicos del almidón han estado involucrados en la historia de la domesticación y de la calidad del grano. La confirmación sigue siendo parcial porque otros genes examinados eran compatibles con una evolución neutral [3].

7. EVIDENCIAS DISCORDANTES

No se han identificado evidencias directamente discordantes lo suficientemente pertinentes; esto no demuestra la ausencia de resultados contrarios.Sin embargo, existen limitaciones relevantes para la generalización. En el arroz, el estudio independiente observó señales selectivas solo para algunos genes y no para todos los de la vía analizada. Además, no detectó una asociación significativa entre la posición de los genes en la vía del almidón y los niveles o patrones de diversidad en el progenitor silvestre. Esto reduce la idea de que cada paso de la vía siga necesariamente el mismo modelo evolutivo en los diferentes cereales [3].En el sorgo, la misma publicación objeto de la Revisión de las pruebas señala que algunas variantes genéticas aumentaron, en lugar de reducirse, en las variedades cultivadas. Por lo tanto, la domesticación no equivale a una simple pérdida generalizada de diversidad ni demuestra, por sí sola, un incremento lineal del almidón, del rendimiento o de la calidad nutricional.

8. QUADRO COMPARATIVO E SINTESI DELLE EVIDENZE

La tabla distingue el estudio analizado de las investigaciones independientes utilizadas para evaluar la narrativa del párrafo del libro.

Quadro comparativo

Referencia	Tipo de estudio	Población o modelo	Resultado principal	Dirección de la evidencia	Fuerza de la evidencia
Estudio original	Genómica de población y RNA-seq	Sorgo cultivado, silvestre y maleza; 114 genes del almidón	Muchos genes de la vía del almidón muestran variaciones de diversidad y señales compatibles con la selección durante la domesticación.	evidencia biológicamente coherente	moderada
[1]	Observacional genético	Maíz cultivado y teocintle; seis genes del metabolismo del almidón	Los genes del almidón mostraron baja diversidad genética y señales de selección.	confirmación directa	moderada
[2]	Observacional genético	194 accesiones de sorgo cultivado; seis genes candidatos de la calidad del grano	Algunos genes del almidón perdieron diversidad, mientras que otros mantuvieron nuevas variantes tras la domesticación.	confirmación directa	moderada
[3]	Observacional genético	99 accesiones de arroz cultivado y 70 accesiones de arroz silvestre; seis genes del almidón	Señales de selección positiva en algunos genes, pero no en todos; ninguna relación significativa con la posición en la vía en el progenitor silvestre.	confirmación indirecta	moderada

9. SINTESI EDITORIALE E CONCLUSIONI

CONCLUSIONES

El estudio analizado sostiene de manera convincente que la domesticación del sorgo ha dejado huellas genéticas en numerosos genes involucrados en la síntesis del almidón. Las evidencias independientes muestran un panorama coherente en el maíz, el sorgo y el arroz: ciertos genes del almidón han sido sometidos a selección durante la historia de los cultivos.La narrativa está bien fundamentada a nivel biológico y evolutivo. Sin embargo, la idea de que la selección agrícola siempre haya producido más almidón o que esto haya reducido necesariamente las proteínas y los minerales solo está respaldada de forma indirecta. Para llegar a estas conclusiones, serían necesarios estudios que integren la genética, la composición del grano, el rendimiento y las condiciones de cultivo.

Aggiornato al 17/11/2026. Questo contenuto riflette una sintesi divulgativa delle evidenze scientifiche al momento della pubblicazione e non sostituisce il parere medico.

10. TRANSPARENCIA Y RESPONSABILIDAD CIENTÍFICA

La Inteligencia Artificial se ha empleado exclusivamente como herramienta de apoyo editorial y documental. Todos los contenidos, las interpretaciones, las citas bibliográficas y las conclusiones han sido verificados, revisados y aprobados por el autor, quien asume la plena responsabilidad científica de los mismos.

El manuscrito ha sido además sometido a una revisión por pares (peer review) independiente antes de su publicación.

Para garantizar la máxima transparencia, el historial completo del artículo, incluidas las fechas de envío, revisión, aceptación y publicación, así como la información sobre el proceso de revisión por pares, está disponible en la página dedicada al Historial del artículo.

11. RIFERIMENTI BIBLIOGRAFICI

[1] **Genetic diversity and selection in the maize starch pathway**
Whitt et al., 2002
Proceedings of the National Academy of Sciences
DOI: https://doi.org/10.1073/pnas.202476999

[2] **Phylogeographic Evidence of Crop Neodiversity in Sorghum**
de Alencar Figueiredo et al., 2008
Genetics
DOI: https://doi.org/10.1534/genetics.108.087312

[3] **Molecular Evolution of the Endosperm Starch Synthesis Pathway Genes in Rice (Oryza sativa L.) and Its Wild Ancestor, O. rufipogon L.**
Yu et al., 2011
Molecular Biology and Evolution
DOI: https://doi.org/10.1093/molbev/msq243