

ATENCIÓN: ESTA INFORMACIÓN ESTÁ EMBARGADA HASTA EL JUEVES 25 DE FEBRERO A LAS 02:00 EN BARCELONA (GTM +1)

NOTA DE PRENSA

Barcelona, 25 de Febrero 2016

CIENTÍFICOS IBEROAMERICANOS DESCIFRAN EL GENOMA DE LA JUDÍA O FRIJOL MESOAMERICANO

- **Un equipo de científicos iberoamericano descifra el genoma de la judía mesoamericana, o judía común, coincidiendo con la celebración del Año Internacional de los Legumbres.**
- **Secuenciar un fuente de proteínas de origen vegetal tan importante en todo el mundo como es la judía será clave no sólo para mejorar la producción de esta legumbre, sino también para una mejor conservación de las variedades genéticas iberoamericanas.**
- **El hallazgo se publica hoy 25 de febrero de 2016 en la revista *Genome Biology*.**

El cultivo de las judías o frijoles (*Phaseolus*) es uno de los más antiguos del mundo. Las judías se domesticaron en América hace miles de años, y junto con el maíz y la yuca, han sido esenciales en todo el mundo. Según la Organización para la Agricultura y la Alimentación (FAO), la judía común es uno de los legumbres más relevantes en cuanto a su consumo. Representa el 50% de todas las legumbres que se consumen en el mundo y es un producto de gran importancia en la dieta de más de 500 millones de personas. Se cultiva en América Latina, África, Oriente Medio, China, Europa, EE.UU. y Canadá. Las Naciones Unidas ha declarado el año 2016 como Año Internacional de las Legumbres (<http://www.fao.org/pulses-2016/en/>) para aumentar la conciencia pública sobre los beneficios nutricionales de las legumbres, como parte de la producción sostenible de alimentos dirigida a la seguridad alimentaria y la nutrición.

Hoy, un equipo internacional de investigadores de Argentina, Brasil, México y España a iniciativa del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED), ha descifrado el genoma de la judía común o mesoamericana (*Phaseolus vulgaris*). El descubrimiento se publica en la última edición de la revista *Genome Biology*. El proyecto ha sido co-liderado por Alfredo Herrera-Estrella del Laboratorio Nacional de Genómica para la Diversidad en Irapuato, México; Roderic Guigó, coordinador del programa de Bioinformática y Genómica en el Centro de Regulación Genómica en Barcelona y profesor en la Universidad Pompeu Fabra; y Toni Gabaldón, profesor de investigación ICREA y jefe de grupo en el Centro de Regulación Genómica.

El genoma contiene la información hereditaria presente en todas las células de los organismos vivos y determina las características biológicas. La investigación sistemática del genoma de las plantas ayudará a mejorar las aproximaciones tradicionales y biotecnológicas en la agricultura. También contribuirá a mejorar los cultivos en algunas características clave como son la resistencia a la sequía o la calidad nutricional de las semillas comestibles, así como ampliará las posibilidades de uso de estos cultivos no sólo como alimento sino también en la industria.

El equipo PhasibeAm seleccionó para este proyecto un tipo de judía mesoamericana específico -BAT93- por ser uno de los más importantes a la hora de generar las variedades que actualmente más se utilizan en el mercado. El equipo estableció una

sólida plataforma tecnológica que culminó con la secuenciación y el ensamblaje de los 620 millones de pares de bases que forman el genoma. Es decir, fueron capaces de leer y ordenar lo que sería equivalente a las "letras" del genoma. Como resultado, se identificaron un total de 30.491 genes. Los científicos también analizaron los patrones de expresión de estos genes, lo que significa que estudiaron "cuándo" y "dónde" estos genes son funcionales y están activos. Asimismo, también observaron y determinaron eventos que han sido cruciales durante la evolución y han llevado a la planta de la judía a ser tal como la conocemos hoy en día.

"La secuencia del genoma de la judía, tanto de la variedad Andina, que se secuenció previamente, como de la mesoamericana, contribuirán de forma definitiva en la identificación de genes implicados en la resistencia a enfermedades, la sequía y la tolerancia a la sal, la fijación de nitrógeno, la formación de las células reproductoras y calidad de la semilla, entre otras mejoras," afirma Roderic Guigó, coordinador del programa de Bioinformática y Genómica del Centro de Regulación Genómica en Barcelona, España. En una segunda fase del proyecto, se secuenció el genoma de, al menos, una docena de otras variedades de judías y algunos de sus parientes cercanos. Ello permitirá la identificación de genes relacionados con la domesticación. "Este es un ejemplo de cómo la bioinformática y la secuenciación del genoma contribuyen en la obtención de variedades de mayor calidad y más productivas de un cultivo que se ha convertido en esencial para el consumo humano," añade Alfredo Herrera-Estrella, jefe del grupo de Expresión Génica y Desarrollo de Hongos en el Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad en Irapuato, México.

El proyecto PhasIbeAm, que acaba de secuenciar la judía mesoamericana común, se inició en 2009 por el Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED), con el objetivo principal de impulsar los programas de mejora de especies que conducen a las variedades más productivas y una conservación más racional de la reserva genética mesoamericana. El presupuesto total del proyecto fue de 2.482.000 dólares (USD) que fue financiado por el Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva (MINCyT) de Argentina, el Consejo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico (CNPq) de Brasil, el Ministerio de Economía y Competitividad (MINECO) de España, el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) de México, y el Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED).

Referencia:

Vlasova et al. "Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of genes". *Genome Biology*. 25 Feb 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/s13059-016-0883-6>

Imágenes:

phaseolus_greenhouse.jpg - Autores: Soledad Saburido y Martha Rendón

phaseolus_plant.jpg - Autores: Soledad Saburido y Martha Rendón

phaseolus_flower.jpg - Autores: Soledad Saburido y Martha Rendón

phaseolus_bean.jpg - Autores: Soledad Saburido y Martha Rendón

phaseolus_bat93_1.jpg - Autores: Soledad Saburido y Martha Rendón

phaseolus_bat93_1.jpg - Autores: Soledad Saburido y Martha Rendón

Todas las imágenes están disponibles en:

<https://www.dropbox.com/sh/xevcswgm7quu8ih/AABosONf-fR-aDnRqWGY0GpZa?dl=0>

Contacto para medios:

Centre for Genomic Regulation (CRG) - Laia Cendrós – Oficina de prensa

E-correo: laia.cendros@crg.eu - Tel. +34 93 316 0237 – Móvil +34 607 611 798