

Madrid, viernes 17 de agosto de 2018

Descifrado el genoma del trigo

- Un equipo internacional con participación del CSIC logra secuenciar el genoma del trigo harinero, el cultivo más ampliamente difundido del mundo
- El trabajo servirá para facilitar la producción de variedades de trigo más adaptadas a los retos climáticos, con mayor rendimiento, mejor calidad nutricional y más sostenibles



Cultivo de trigo. / Foto: IWGSC

Un equipo internacional con participación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha logrado secuenciar el genoma del trigo harinero, el cultivo más ampliamente difundido del mundo. El trabajo, publicado en la revista *Science*, servirá para facilitar la producción de variedades de trigo más adaptadas a los retos climáticos, con mayor rendimiento, mejor calidad nutricional y más sostenibles.

Este logro es resultado del trabajo de más de 200 científicos de 73 institutos de investigación en 20 países, pertenecientes al Consorcio Internacional para la Secuenciación del Genoma del Trigo (International Wheat Genome Sequencing Consortium, o IWGSC).

El artículo presenta el genoma de referencia de la variedad de trigo harinero Chinese Spring. La secuencia ordenada de ADN para los 21 cromosomas del trigo constituye la secuencia genómica de mayor calidad producida hasta la fecha para el trigo y es el resultado de 13 años de investigación colaborativa internacional.

La investigadora del CSIC Pilar Hernández, del Instituto de Agricultura Sostenible de Córdoba, y que ha participado en el estudio, explica: "En este trabajo se ha analizado la distribución y el contexto genómico de elementos codificantes y no codificantes a lo largo de los 21 cromosomas del trigo, correspondientes a sus tres subgenomas (A, B, y D). Se ha conseguido una cobertura del 94% del genoma, con 107.891 genes, lo cual ha permitido establecer un atlas de expresión génica del trigo y descubrir redes de genes que se expresan de manera coordinada en los diferentes tejidos y estadíos de desarrollo de este cereal".

Como cultivo clave para la seguridad alimentaria, el trigo es el alimento básico de más de un tercio de la población mundial y supone casi el 20% del total de calorías y proteínas consumidas por el ser humano a nivel mundial, más que cualquier otra fuente de alimento. Igualmente, constituye una fuente importante de vitaminas y minerales.

Para poder satisfacer la demanda futura de alimentos para una población mundial estimada en 9.600 millones de habitantes en 2050, resulta necesario incrementar la producción de trigo en un 1,6% anual. Para preservar la biodiversidad, los recursos hídricos y el suelo, la mayor parte de este incremento debe conseguirse a través de la mejora de las variedades y el manejo del cultivo en los terrenos ya dedicados a este fin, en lugar de dedicar nuevas tierras para ello.

"Con la secuencia del genoma de referencia que se acaba de completar, los mejoradores del trigo tienen a su disposición nuevas herramientas para afrontar estos retos. Podrán identificar más rápidamente genes y elementos reguladores subyacentes a caracteres agronómicos complejos como la productividad, calidad del grano, resistencia a enfermedades y tolerancia a condiciones ambientales desfavorables, para producir variedades de trigo más sostenibles", detalla Hernández.

"Se han podido describir en detalle familias de genes muy complejas en trigo, ya que se han duplicado y expandido en esta especie, responsables de la adaptación al ambiente y de la calidad del trigo. Con este recurso comunitario se establecen las bases para acelerar la investigación en trigo y sus aplicaciones, a través del avance en el conocimiento de la biología del trigo y de la mejora facilitada por la genómica", añade la investigadora.

Es de esperar que disponer de un genoma de referencia de gran calidad de un fuerte impulso a la mejora del trigo en las próximas décadas, con beneficios parecidos a los obtenidos en maíz y arroz cuando se publicaron sus secuencias de referencia.

Durante mucho tiempo la secuenciación del trigo harinero se consideró como una tarea imposible debido a su enorme tamaño –cinco veces mayor que el genoma humano- y complejidad, ya que el trigo harinero posee tres subgenomas y más del 85% del genoma está formado por elementos repetidos.

Además de la secuencia de los 21 cromosomas, el artículo de Science presenta la ubicación exacta de 107.891 genes y más de 4 millones de marcadores moleculares, así como información sobre secuencias entre genes y marcadores que contienen elementos reguladores que influyen en la expresión de los genes.

Todos los recursos de la secuencia de referencia del consorcio IWGSC están disponibles en su repositorio de datos en Unité de Recherche Génomique-Institut National de la Recherche Agronomique, en Versalles (Francia), así como en otras bases de datos científicas internacionales como GrainGenes y EnsemblPlants.

International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC). **Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome.** *Science*. DOI: 10.1126/science.aar7191

Abel Grau / CSIC Comunicación