

Madrid, jueves 24 de octubre de 2019

Un estudio revela qué genes posibilitaron que las plantas adquiriesen raíces, semillas, flores y frutos

- El macroestudio genético, en el que ha participado el Real Jardín Botánico del CSIC, ha generado secuencias de más de 1.100 especies de plantas de todo el mundo
- El trabajo aporta una imagen más completa de las duplicaciones de genes y genomas que permitieron la aparición de innovaciones evolutivas



De izquierda a derecha, alga verde (*Lacunastrum gracillimum*), conos femeninos de gimnosperma (*Gnetum gnemon*), y flor de cerezo, (*Prunus domestica*)./ MICHAEL MELKONIAN/ WALTER S. JUDD

Un macroestudio genético con participación de científicos del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha revelado las secuencias de los genes de más de 1.100 especies de plantas. Los resultados, que revelan la historia de cómo y cuándo desarrollaron las plantas su capacidad para crecer en altura y producir semillas, flores y frutos, permiten comprender su diversidad de las plantas en todo el planeta, incluidos los cultivos anuales y los bosques perennes.

Los hallazgos, publicados hoy en la [revista Nature](#), suponen la culminación de un proyecto que ha durado nueve años. Entre otros datos, revelan la cadencia de las

duplicaciones del genoma al completo y los orígenes, expansiones y contracciones de las familias de genes que han contribuido a las innovaciones genéticas esenciales. Estas han posibilitado la evolución de las algas verdes, los musgos, los helechos, las coníferas, las angiospermas y del resto de linajes de las plantas.

La investigación se enmarca en la Iniciativa *Mil Transcriptomas de Plantas* ([1KP](#) por sus siglas en inglés), una colaboración global en la que han participado cerca de 200 científicos. El objetivo era examinar la diversificación de las especies de plantas, sus genes y sus genomas a lo largo de los más de mil millones de años de historia y remontarse a los ancestros, tanto de las plantas con flores (angiospermas), como de las algas verdes.

“Al secuenciar y analizar los genes de una amplia muestra de linajes de plantas, hemos podido reconstruir el contenido de genes en los antepasados de todos los cultivos y de las especies de plantas modelo. También hemos obtenido una imagen más completa de las duplicaciones de genes y genomas que permitieron la aparición de innovaciones evolutivas”, explica Lisa Pokorny, del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (centro mixto entre la UPM y el INIA), quien participó en esta investigación cuando trabajaba como investigadora en el Real Jardín Botánico de Madrid (CSIC).

Innovaciones y periodos de diversificación

Las relaciones que los investigadores han inferido entre especies vivientes de plantas informan de que, durante los mil millones de años transcurridos desde que una especie ancestral de alga verde se dividió en dos linajes separados—uno que incluye a plantas terrestres como las angiospermas y a algas conjugadas y otro que comprende una gran variedad de algas verdes—, la evolución de las plantas ha estado marcada por innovaciones y períodos de diversificación rápida.

La investigación cifra en 244 las duplicaciones completas del genoma a lo largo y ancho del árbol de la vida de las plantas. Uno de los principales resultados es la ausencia casi total de duplicaciones completas del genoma en las algas.

“Partiendo de una base de casi 20 años de investigación en genomas de plantas, hemos encontrado que el genoma promedio de las angiospermas ha experimentado ancestralmente casi cuatro rondas de duplicaciones completas del genoma, duplicaciones que se remontan al ancestro común de todas las plantas con semillas hace más de 300 millones de años. También encontramos múltiples rondas de duplicación completa del genoma en helechos, pero apenas hay evidencia que apoye la duplicación en algas”, precisa Mike Barker, de la Universidad de Arizona.

Otro de los focos de investigación de este proyecto se ha centrado en la expansión de familias génicas esenciales y su contribución a la evolución de la multicelularidad y de la complejidad en plantas. “La expansión de familias génicas, mediada por eventos de duplicación, catalizó la diversificación de forma y función en plantas a lo largo y ancho de su árbol de la vida. Tales expansiones desencadenadas o bien en la transición al medio terrestre o incluso antes, sentaron las bases para innovaciones evolutivas como

el origen de la semilla o el origen de la flor más adelante", señala Marcel Quint, de la Universidad de Halle (Alemania).

Un macroestudio global

Más de un centenar de especialistas en taxonomía han aportado a este proyecto muestras vivas recolectadas en el campo. También se ha empleado material de la Colección Central de Cultivos de Algas, o las de los Reales Jardines Botánicos, Kew, el Real Jardín Botánico de Edimburgo, el Jardín Botánico de Atlanta, el Jardín Botánico de Nueva York, el Jardín Botánico de Shenzhen, el Museo de Florida de Historia Natural, la Universidad de Duke, el Jardín Botánico de la Universidad de la Columbia Británica y la Universidad de Alberta.

La gran magnitud del proyecto ha requerido el desarrollo y el refinamiento de nuevas herramientas computacionales para el ensamblaje de secuencias y el análisis filogenético. Fue necesario el desarrollo de nuevos algoritmos para inferir las relaciones evolutivas entre cientos de secuencias de genes representando más de mil especies y abordando la considerable heterogeneidad de las historias evolutivas que caracterizan a los genomas de las plantas.

Las secuencias, las alineaciones de secuencias y los datos del árbol filogenético resultante están disponibles a través del [repositorio de datos de CyVerse](#).

James H. Leebens-Mack et al. **One Thousand Plant Transcriptomes Initiative**. *Nature*. DOI: [10.1038/s41586-019-1693-2](https://doi.org/10.1038/s41586-019-1693-2)

CSIC Comunicación