

“El Genoma completo de la papa publicado en la revista *Nature*”

El Consorcio de secuenciación del Genoma de la Papa (PGSC, por sus siglas en inglés) ha publicado en su edición del 14 de Julio los resultados finales de sus investigaciones en la prestigiosa revista *Nature*. El PGSC, un equipo internacional de investigación en el que participa el Laboratorio de Agrobiotecnología del INTA Balcarce, fue concebido por la Universidad de Wageningen de Holanda en Enero del 2006, y pronto se convirtió en un consorcio global abarcando a 29 grupos de investigación de 14 países diferentes.

La Papa es el tercer cultivo más importante en la alimentación humana. Es un miembro clave de la familia de las Solanáceas que también incluye al tomate, el tabaco, el pimiento y la berenjena. La secuencia de ADN del genoma de la papa, representa el conjunto de instrucciones bioquímicas que determina como esta planta crece y se reproduce y el estudio de la misma, asistirá al mejoramiento genético en lograr variedades con mayor rendimiento, mejor valor nutricional y resistencia a factores bióticos y abióticos, acortando un proceso que puede insumir entre 10 y 12 años para la generación de nuevas variedades. Asimismo, permitirá identificar y valorizar las variantes naturales de genes de genes de interés en los cientos de papas nativas cultivadas en el noroeste de nuestro país.

La papa es el primer genoma secuenciado de una planta perteneciente a la subclase *Asteridae*, que comprende unas 80.000 especies que corresponden a más del 25% de todas las plantas del planeta.

En Septiembre de 2009, el PGSC hizo público en su sitio www.potatogenome.net un borrador de la secuencia de la papa. Desde entonces, se ha analizado, corregido y ordenado esa secuencia, agrupándola en grandes ensamblados correspondientes a cromosomas e identificado aproximadamente el 95% de los genes estimados, mediante el uso de programas informáticos específicamente desarrollados por el Instituto de Genómica de Beijing, uno de los socios chinos del consorcio.

El análisis de los datos de secuencia ha revelado la existencia de aproximadamente 39.000 genes que codifican para proteínas, y la localización de el 90% de los mismos en alguno de los 12 cromosomas de la papa, ha sido determinado. A partir de los datos, también se ha descubierto que el genoma de la papa ha pasado por reiterados procesos de duplicación génica durante la evolución. La papa es un cultivo de polinización cruzada, y la comparación de los genotipos secuenciados (DM y RH) ha permitido aportar ideas sobre las bases de la depresión endogámica causada por autofecundación. Los datos, también mostraron evidencias claras de cómo la duplicación y expansión de determinadas familias de genes dieron lugar durante la evolución al desarrollo del tubérculo, el órgano comestible que es lo que hace importante a esta fascinante planta.

El laboratorio de Agrobiotecnología del INTA Balcarce, con la dirección del Dr. Sergio E. Feingold y fondos de origen público, ha contribuido en el marco del consorcio, generando y ensamblando las secuencias completas de los genomas citoplasmáticos (cloroplasto y mitocondrias) y secuencias específicas del cromosoma 3 y participando en la generación de un mapa genético para el anclado de las secuencias a los cromosomas. Asimismo, a través de un proyecto estratégico financiado por OEA, ha aprovechado la participación en el Consorcio para el Fortalecimiento de Capacidades Regionales en Biotecnología y Genómica, conjuntamente con Brasil, Chile y Perú.

Los resultados completos del genoma generados por el PGSC están disponibles públicamente en el sitio oficial www.potatogenome.net, donde se presenta una lista completa y detalles de contacto de todos los miembros del Consorcio.