



Así lo anunció el Consorcio de Secuenciación del Genoma de la Papa (PGSC)

**Primer Borrador del ADN de la Papa
Está a Disposición de la Comunidad Científica**

El Consorcio de Secuenciación del Genoma de la Papa (PGSC) por su sigla en inglés, -Potato Genome Sequencing Consortium- compuesto por un grupo internacional de científicos, cuyo objetivo es dilucidar la secuencia completa del genoma (ADN), de la papa, acaba de anunciar que ha puesto a disposición de la comunidad científica, el primer borrador de la secuencia del genoma de esta planta.

Se anticipa que el acceso a la secuencia del genoma de la papa, -programa de información genética, que en conjunto con el medio ambiente, determina cómo una planta de papa crece y se reproduce- ayudará a los científicos en el mejoramiento de la productividad, la calidad, valor nutricional, resistencia a patógenos y adaptación a diferente tipos de ambiente de la nuevas variedades.

La papa es el tercer cultivo más importante en el mundo después del trigo y el arroz, pero el primero de las especies hortícolas. Es un valioso miembro de la familia de las solanáceas, pariente cercano del tomate, pimiento y berenjena.

El acceso a la secuencia del genoma de la papa, permitirá a los investigadores y mejoradores de papa, crear en menor tiempo, nuevas variedades, muy superiores a las ya existentes; asimismo, potenciará la búsqueda de nuevas variantes de genes en el germoplasma de papas silvestres. Actualmente, para crear una variedad se necesitan de 10 a 12 años de investigación.

El PGSC fue iniciado en enero del 2006, por el Departamento de Mejoramiento de la Universidad de Wageningen, en Holanda, y se ha desarrollado en un consorcio global 16 de grupos de investigación en 14 países. Chile ha participado en el PGSC, desde su inicio a través del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), contando con el apoyo de la Fundación para la Innovación Agraria (FIA), Comisión de Ciencia y Tecnología (CONICYT), y de los mismos agricultores a través de la Asociación Chilena de la Papa (ACHIPA), además de la colaboración de agencias internacionales como el GCP (Generation Challenge Program del CGIAR), OEA, PNUD y PROCISUR.

El genoma de la papa tiene 12 cromosomas y se estima que posee 840 millones de pares de bases. Al inicio del proyecto, el PGSC empleó una estrategia que consistió en dividirse y asignarse trabajo por cromosoma entre los países miembros, utilizando una planta diploide llamada RH89-039-16 (RH) desarrollada a partir de la papa cultivada *Solanum tuberosum*. Bajo esta estrategia a Chile, junto con Argentina, Perú y Brasil le correspondía secuenciar el cromosoma 3.

Sin embargo, en los dos últimos años, las nuevas tecnologías de secuenciación (NGS) han presentado grandes avances permitiéndonos un cambio de estrategia dentro del PGSC, y en el 2008 se inició de manera complementaria la secuenciación de la planta doble monoploide DM1-3 516R44 (DM), proveniente de otra papa cultivada, *S.*

tuberosum grupo phureja. Recientemente en junio de este año (2009), los miembros del PGSC se reunieron en Carlow, Irlanda, para planificar las fases finales del proyecto.

Actualmente el PGSC está dedicado a completar los datos de secuencia tanto para los genotipos RH como DM, con el objetivo final de obtener, para fines de este año, una secuencia de alta calidad del genoma de la papa. Actualmente se tiene una cobertura del genoma mayor a 70X usando una combinación de datos generados con 3 plataformas de secuenciación diferentes que incluyen 2 de NGS. El ensamblaje que cubre el 95% de los genes de la papa fue posible gracias a un algoritmo recientemente desarrollado por el Instituto de Genómica de Pekín en China, miembro del PGSC.

Este primer borrador está disponible para el público en www.potatogenome.net y se actualizará en los próximos 6 meses a medida que se añadan datos, incluyendo la anotación de los genes, identificación del transcriptoma y análisis de genes críticos para la producción de papa .

Una lista completa así como detalles de contacto de los miembros del PGSC se puede encontrar en www.potatogenome.net