



“La secuencia del Genoma de la papa decodificada por “un grupo Internacional de científicos”

Un grupo Internacional de científicos, que incluye a investigadores del INTA Balcarce, una experimental pionera en el estudio y mejoramiento de la papa, acaba de anunciar que ha hecho disponible el primer borrador de la secuencia del genoma de la papa.

El consorcio de secuenciación del genoma de la papa (PGSC), comenzó a trabajar en el proyecto hace tres años. La decodificación de la secuencia completa del genoma de esta planta, permitirá entender cómo funciona la papa y podría revolucionar tanto los programas de mejoramiento genético como la manera de explorar la diversidad del germoplasma.

La Papa, un valioso miembro de la familia de las Solánaceas, es pariente cercano del tomate, pimiento y berenjena. Es el tercer cultivo alimentario del mundo y el cultivo hortícola más importante. Se anticipa que el acceso a la secuencia del genoma de la papa ayudará a los científicos en el mejoramiento de la productividad, la calidad, valor nutricional y resistencia a los patógenos de nuevas variedades. Más importante aún es que la secuencia del genoma de la papa permitirá a los mejoradores de papa reducir los 10 ó 12 años actualmente necesarios para obtener nuevas variedades, así como guiar la búsqueda en los bancos de germoplasma de las variantes existentes de genes de interés.

El PGSC comenzó en Enero del 2006 como una iniciativa del Departamento de Mejoramiento de la Universidad de Wageningen en Holanda, conformando un consorcio global de grupos de investigación de 14 países diferentes. Por Argentina participa el Laboratorio de Agro-Biotecnología del Área Agronomía de la EEA Balcarce del INTA. Este laboratorio, que está bajo la dirección del Dr. Sergio Feingold, contribuye con la secuenciación parcial del cromosoma 3, la secuencia completa de la mitocondria y con la construcción de un mapa genético que identifica la localización de todos los fragmentos secuenciados por los socios del consorcio.

El genoma de la papa tiene 12 cromosomas y se estima que posee 840 millones de pares de bases (lo que equivale a aproximadamente $\frac{1}{4}$ del genoma humano). Al inicio del proyecto, el PGSC empleó una estrategia en la que el trabajo se dividió entre los grupos miembros, repartiéndose cromosomas (o parte de éstos) y se trabajó en una línea diploide llamada RH89-039-16 (RH) desarrollada a partir de la papa cultivada *Solanum tuberosum*. Sin embargo, el avance de las nuevas tecnologías de secuenciación (NGS) ocurridas en los últimos dos años, generaron un cambio de estrategia dentro del PGSC y en el 2008 se inició de manera complementaria el secuenciamiento de un genotipo generado especialmente que posee una versión simple del genoma (doble monoploide) denominado DM1-3 516R44 (DM), para simplificar y complementar el trabajo realizado en RH. En Junio del 2009, los miembros del PGSC se reunieron en Carlow, Irlanda para planificar las fases finales del proyecto.

Actualmente el PGSC está finalizando los datos de secuencia, tanto para RH como para DM, con el objetivo final de obtener una secuencia de alta calidad hacia fines del 2009 (un año antes de lo programado inicialmente). La combinación actual de datos de 3 plataformas de secuenciamiento diferentes (que incluyen 2 NGS) da como resultado una cantidad de información de secuencia que representa 70 veces la longitud del genoma (70X). El ensamblaje generado abarca el 95% de los genes de la papa y fue posible gracias a un conjunto de programas informáticos recientemente desarrollado por el Instituto de Genómica de Pekín en China, un miembro del PGSC.

Cabe destacar que Argentina conforma junto con Perú, Brasil y Chile un subgrupo que tiene como objetivo adicional aprovechar este proyecto para el fortalecimiento de las capacidades en Genómica y Bioinformática en la Región. Cuenta para ello con el apoyo institucional del INTA y con fondos regionales provenientes del Programa Cooperativo para el Desarrollo Tecnológico Agroalimentario y Agroindustrial del Cono Sur (PROCISUR) y de la Organización de Estados Americanos (OEA).

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

Una lista completa de los miembros del PGSC, junto con sus detalles de contacto se puede encontrar en www.potatogenome.net