



Lima-Peru 23 de Septiembre del 2009....Científicos descifran código genético de la papa

Grupo Internacional de científicos que incluye a la Universidad Peruana Cayetano Heredia, el Instituto Nacional de Innovación Agraria y la Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga da a conocer el primer borrador de la secuencia del genoma de la papa.

El Consorcio de Secuenciamiento del Genoma de la Papa (PGSC), que comenzó a trabajar en el importante proyecto hace tres años, es liderada en nuestro país por la Universidad Peruana Cayetano Heredia (UPCH) a través de su Unidad de Genómica.

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 y usar nuestra rica biodiversidad

La Papa, un valioso miembro de la familia de las Solanaceas, es pariente cercano del tomate, pimiento, berenjena ají y rocoto y es el tercer cultivo alimenticio más importante del mundo. 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 las enfermedades y plagas de nuevas variedades. Más importante aún es que la secuencia del genoma de este tubérculo permitirá reducir los 10 o 12 años actualmente necesarios para obtener nuevas variedades,

El Consorcio Mundial de Secuenciamiento se inició en enero del 2006 a iniciativa del Departamento de Mejoramiento de la Universidad de Wageningen en Holanda, y actualmente es integrado por Argentina, Brasil, China, Chile, Estados Unidos, India, Irlanda, Nueva Zelanda, Perú, Polonia, Reino Unido y Rusia.

Gisella Orjeda, jefa de la unidad de Genómica de la UPCH representa al Perú ante el PGSC por encargo ministerial. Esta universidad ha trabajado los últimos 3 años en el proyecto y participado en todos los aspectos del mismo desde el inicio del consorcio internacional. La UPCH trabaja en estrecha colaboración con el INIA y la UNSCH secuenciando el ADN, haciendo el mapa genético, estudiando sectores de los cromosomas que son comunes entre la papa y el tomate y buscando genes contra enfermedades de la papa que son importantes para nuestro país.

El genoma de la papa tiene 12 cromosomas y se estima que posee 840 millones de pares de bases (lo que equivale a aproximadamente a ¼ 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 (diploide homocigota) denominado DM1-3 516R44 (DM). 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 programa informático recientemente desarrollado por el Instituto de Genómica de Pekín en China, un miembro del PGSC.

Cabe destacar que Perú conforma junto con Argentina, 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 Ministerio de Agricultura (MINAG), El Ministerio de Relaciones Exteriores del Perú, el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONCYTEC), el Programa de Ciencia y Tecnología (FINCYT), la Agencia Peruana de Cooperación Internacional (APCI), el Fondo de Desarrollo Socioeconómico de Camisea (FOCAM), la Organización de Estados Americanos (OEA) a través de su fondo FEMCIDI y con fondos regionales provenientes del Programa Cooperativo para el Desarrollo Tecnológico Agropecuario del Cono Sur (PROCISUR).

Este primer borrador del genoma ensamblado está disponible para el público y científicos en general 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. Un listado completo de los miembros se encuentra en la página web www.potatogenome.net.

Información adicional

Gisella Orjeda

Jefa Unidad de Genómica
Universidad Peruana Cayetano Heredia
Av. Honorio Delgado 430
San Martín de Porres
Lima
Perú

gorjeda@upch.edu.pe

tel : +51 1 319 00 00 ext 2701
cell: +51 1 997 58 29 24