

Per què seqüenciem genomes vegetals?

Les noves tècniques de seqüenciació massiva han permès que ja disposem del genoma d'un gran nombre d'espècies vegetals. Disposar de la seqüència d'una espècie vegetal representa per a la comunitat científica conèixer l'evolució de l'espècie, i entendre l'estructura i la funció dels organismes. I, per a la societat en general, la possibilitat de tenir varietats millorades genèticament.

L'any 2000 es va publicar el primer genoma vegetal, el de la planta model *Arabidopsis thaliana*. Gràcies als avenços en les tecnologies de seqüenciació massiva, els darrers anys s'ha obtingut el genoma de moltes espècies vegetals (tomàquet, patata, cogombre), i entre aquestes cal destacar algunes iniciatives liderades o participades per investigadors de casa nostra, com la seqüenciació dels genomes del meló (*Cucumis melo*), la maduixa (*Fragaria vesca*) i el presseguer (*Prunus persica*). La variació en la mida dels genomes vegetals és extraordinària, fet que comporta dificultats a l'hora de seqüenciar els genomes més grans. Les noves tecnologies de seqüenciació ja han permès obtenir el genoma del blat de moro (*Zea mays*: 2.300 Mb), i properament disposarem dels genomes de l'ordi (*Hordeum vulgare*: 5.300 Mb) i del blat (*Triticum*: 16.000 Mb). La previsió és que en els dos o tres anys vinents disposarem de la seqüència de gairebé totes les espècies vegetals d'interès agronòmic. El cost baix de la seqüenciació actual també ha possibilitat que siguem capaços de reseqüenciar els genomes individuals de varietats o individus d'una espècie de la qual tenim una seqüència de referència.

Però, per què seqüenciem genomes vegetals? Quins avantatges ens aporta disposar d'aquesta informació? La seqüència d'un genoma és una eina molt poderosa per entendre l'estructura i la funció dels organismes. Però disposar de la seqüència d'una espècie obre també enormes possibilitats per obtenir noves varietats, i representa un canvi radical en la manera com es farà la millora genètica convencional.

La seqüència dels genomes vegetals ens permet entendre'n l'evolució. L'anàlisi comparativa de genomes vegetals mostra que han patit poliploiditzacions ancestrals i, en alguns casos, duplicacions recents de tot el genoma. La flexibilitat dels genomes vegetals per adaptar-se a aquests canvis es reflecteix en l'enorme variació de la mida dels genomes i en l'adquisició de noves funcionalitats. La disponibilitat dels genomes del meló (*Cucumis melo* L., $2n = 2x = 24$, 450 Mb) i del cogombre (*Cucumis sativus* L., $2n = 2x = 14$, 350 Mb), espècies molt properes filogenèticament, ha permès entendre el conjunt de rearranjaments cromosòmics que han donat lloc a l'estructura actual. També podem explicar la diferència de mida dels dos genomes per acumulació d'elements transposables al meló, fenomen que no observem en el cogombre.



Fotografia 1.

La informació que ens proporcionen els genomes vegetals permetrà accelerar els processos de millora genètica actuals. Des que els humans van domesticar algunes espècies per a l'agricultura, hem millorat les varietats mitjançant la selecció dels caràcters d'interès a partir d'encreuaments. Així, el tomàquet actual (*Solanum lycopersicum*) ha estat seleccionat per característiques del fruit, el qual és molt diferent morfològicament dels fruits d'espècies properes del gènere *Solanum*, poc adequats per consumir. Aquest procés de

domesticació ha ocasionat la pèrdua d'allels valuosos per caràcters d'interès (resistències a malalties i estrès abiòtic, contingut de sucres, etc.), que podem recuperar a partir de material silvestre. La disponibilitat de la seqüència dels genomes ens permet veure la variació global entre varietats. Podem dirigir encreuaments i seleccionar els individus que ens interessin d'una manera eficient i ràpida, i accelerar la selecció genètica clàssica. Seleccionem individus, com els humans han fet al llarg de la història de l'agricultura, però de manera controlada i més eficientment. I ara utilitzem la seqüenciació de genomes, en primer lloc, per descobrir la variabilitat genètica; en segon lloc, per desenvolupar mètodes de genotipatge d'alt rendiment per fer selecció en tot el genoma, i, en tercer lloc, per seleccionar individus elit que seran utilitzats pel productor i per obtenir varietats millors, i repercutirà en el consumidor.

Les noves tecnologies de seqüenciació han revolucionat la biologia de manera similar a l'impacte que al seu moment va tenir la PCR (reacció en cadena de la polimerasa). Però ens enfrontem amb un nou repte: la capacitat d'emmagatzemar i analitzar amb eines bioinformàtiques la gran quantitat de dades que estem generant. La millora genètica de les espècies vegetals s'enfronta a dos problemes, que hem de resoldre els anys vinents. El primer és millorar els sistemes de fenotipatge dels caràcters d'interès agronòmic i disposar de fonts de germoplasma ben caracteritzat, que puguin ser analitzats amb les noves eines genòmiques de què disposem. El segon és ser capaços d'analitzar les dades de seqüenciació massiva amb eines bioinformàtiques eficients. Hem entrat en una nova etapa en la qual serà més senzill obtenir dades genòmiques a partir del material vegetal. De moment, els investigadors ens podem oblidar de la tecnologia, per dedicar-nos, un altre cop, a la biologia. |