vinetur

Los científicos alcanzan un hito: secuencian con éxito el genoma completo de la vid

La investigación abre el camino a viñedos resistentes a plagas, sequías y adversidades climáticas

viernes 22 de septiembre de 2023



En una innovadora iniciativa de investigación llevada a cabo en España, científicos del CSIC y de la Universidad de Valencia han logrado cartografiar las versiones del genoma de la vid, en concreto los genes relacionados con el estrés provocado por las plagas y

la sequía. Se espera que esta notable hazaña allane el camino para el desarrollo de futuros viñedos resistentes a la inminente amenaza del cambio climático, una de las principales preocupaciones de la industria vitivinícola mundial.

Un esfuerzo internacional

La investigación, un proyecto de colaboración internacional, contó con la participación activa del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio), centro mixto del CSIC y la Universidad de Valencia. Los investigadores consiguieron completar las versiones 4 y 5 del genoma de referencia de la vid (vitis vinifera). Estas versiones albergan una miríada de genes relacionados con el estrés inducido por plagas, el estrés por sequía e incluso genes fundamentales para la calidad aromática de los frutos.

Los valiosos conocimientos obtenidos en este proyecto están llamados a marcar el comienzo de una nueva era de viñedos capaces de resistir las adversidades provocadas por el cambio climático mundial, un avance crucial para preservar el futuro de la industria vitivinícola. Sus hallazgos se han publicado en revistas tan prestigiosas como Horticulture Research y G3 Genes|Genomes|Genetics.

A partir de descubrimientos anteriores

Aunque la secuenciación inicial de la vid se llevó a cabo en 2007, se consideró incompleta y dejó numerosas regiones sin explorar. Una parte importante de estos fragmentos del genoma, ahora ensamblados con éxito, corresponde a las regiones centroméricas y teloméricas (situadas en el centro y los extremos de los cromosomas). La complejidad de estas regiones, repletas de secuencias repetitivas, dificultaba hasta ahora su lectura y descifrado.

Tener acceso a un genoma completo equivale a desentrañar el plano genético completo de una especie. Armados con este nuevo conocimiento, los investigadores pueden profundizar en la función de cada gen, alineándolos con rasgos esenciales para la industria vitivinícola y aprovechando las herramientas de la biología computacional. Este avance genético, unido a los métodos tradicionales de mejora genética, contribuirá significativamente a la evolución de los viñedos del futuro.

Técnicas refinadas y conocimientos genéticos

La cuarta versión del genoma reveló detalles intrigantes sobre el linaje del cultivo utilizado PN40024. Aunque en un principio se pensó que era un derivado de la variedad Pinot Noir, análisis genómicos posteriores la identificaron como la variedad Helfensteiner, un cruce entre Pinot Noir y Schiava Grossa. Además, la quinta versión del genoma puede proclamar con confianza una secuenciación completa del genoma de la vid.

La tecnología empleada se basa en la "secuenciación de lectura larga", un método de secuenciación del ADN capaz de mapear fragmentos de ADN mucho más largos que las técnicas tradicionales de secuenciación de lectura corta. La cuarta versión utilizó la tecnología estándar de secuenciación larga PacBio, mientras que la quinta empleó la tecnología de alta fidelidad, o HiFi. Las lecturas HiFi, obtenidas mediante secuenciación circular por consenso en sistemas PacBio de lectura larga, ofrecen una resolución excepcional, presumiendo de una impresionante precisión de lectura de una sola molécula del 99,9%.

Coste del proyecto Grapedia y camino por recorrer

Ambos esfuerzos científicos se llevaron a cabo bajo los auspicios del proyecto Cost Grapedia, una base de datos federativa que se propone como plataforma de acceso abierto diseñada para abordar los retos asociados al acceso y la utilización de datos genéticos, ómicos y de fenotipado relacionados con la vid. La iniciativa está liderada por José Tomás Matus, investigador del Programa Ramón y Cajal de la Universidad de Valencia y del I2SysBio (CSIC - UV), y cuenta con la generosa financiación de la Oficina Europea de Costes (Cooperación en Ciencia y Tecnología).