

ESFUERZO IBEROAMERICANO APORTA LA SECUENCIA DEL GENOMA DEL FRIJOL AL CONOCIMIENTO MUNDIAL¹



El frijol (*Phaseolus*) es uno de los cultivos más antiguos del mundo, domesticado en América hace miles de años junto con el maíz y la yuca han sido la mayor fuente de proteínas en la alimentación de la región y productos de primera necesidad. El genoma, que ahora se ha descifrado en el caso del frijol, representa la información hereditaria presente en las células de los organismos vivos que determina su características y comportamiento. La exploración sistemática de la biodiversidad de especies vegetales promete facilitar el mejoramiento tradicional y biotecnológico, mejorando en los cultivos vegetales características clave como la resistencia a la sequía o la calidad nutricional de semillas comestibles, así como ampliar las posibilidades de utilización del cultivo,

no sólo como alimento sino también industrialmente.

En octubre de 2009 el proyecto PhasIbeAm fue propuesto y aprobado por los delegados de los 21 países iberoamericanos que constituyen el Comité Directivo del Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED). El objetivo que se planteó y que se está alcanzando en el desarrollo del proyecto es obtener la secuencia completa del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) con la finalidad principal de potenciar la mejora genética del frijol dando lugar a nuevas variedades más adaptadas a las necesidades y a una más racional conservación del patrimonio genético iberoamericano.

El proyecto Genoma-CYTED se plantea como una actividad de

cooperación multinacional donde la meta principal del mismo es incrementar el conocimiento básico y las herramientas genéticas y bioinformáticas disponibles, y particularmente para la obtención de información sobre el genoma de esta planta y sus regiones activas con el fin de apoyar la selección y diseño de nuevas variedades de frijol. El presupuesto total del proyecto es de US \$ 2.482.000 financiados por el Ministerio de Ciencia Tecnología e Innovación Productiva de Argentina, MINCyT, el “Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Brasil”, CNPq, el Ministerio de Ciencia e Innovación de España, MICINN (hoy Ministerio de Economía y Competitividad), el Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología de México, CONACYT y el propio Programa CYTED.



En enero del 2010 dieron inicio los trabajos del proyecto y el equipo Genoma-CYTED PhasIbe-Am ha liberado al público la información obtenida del genoma del frijol Mesoamericano.

Este proyecto en conjunto con el de la determinación del genoma del arroz son quizá los de mayor impacto en la alimentación humana, ya que tan solo en América Latina y África, el cultivo de frijol común (*P. vulgaris*) es la fuente



principal de proteína en la dieta humana para más de quinientos millones de personas lo que la hace una de las especies ideales para estudios de nutrición. Su contenido proteico es aproximadamente el doble que el de los cereales y es rico en micronutrientes esenciales como el hierro y ácido fólico.

Para descifrar el genoma del frijol había que actuar rápido y con precisión, buscando reducir el costo y la duración del proyecto:

- El Equipo Genoma-CYTED PhasIbeAm seleccionó la línea BAT93 de frijol Mesoamericano para su secuenciación genómica por su relevancia en la generación de variedades que se usan actualmente de manera comercial.
- Se estableció un equipo multidisciplinario que incluye la plata-

forma tecnológica de secuenciación y ensamblado más rápida y robusta de América-Latina e Iberoamérica, con la participación de grupos de investigadores de Argentina, Brasil, España y México.

- Bajo la tutela científica de los Doctores Marta Santalla, Rossana Brondani, Alejandro Mentaberry y Alfredo Herrera Estrella que coordina el equipo, Genoma-CYTED PhasIbeAm ha descifrado 12,400 Millones de pares de bases (Mb), equivalentes a 20 veces el total del genoma del frijol, estimado en 620 Mb. Esta cantidad de secuencia equivale aproximadamente a 4 veces el tamaño del genoma humano y 6 veces el tamaño del genoma del maíz, descifrado en México y los Estados Unidos en 2009. Se han identificado en este avance un número todavía estimado de 26,500 genes de frijol.

Grupos participantes:

Grupos de Argentina

- Instituto de Agrobiotecnología de Rosario (INDEAR).
- Instituto de Biotecnología y Biología Molecular, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata-CONICET.
- Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires.
- Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán.
- Estación Experimental Agropecuaria INTA Salta, Salta.

Grupos de Brasil

- EMBRAPA – Centro Nacional de Pesquisa de Arroz e Feijão.
- Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.
- Laboratorio de Citogenética Vegetal, UFPE.
- EMBRAPA – Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnología, Brasília.
- Laboratório de Biologia Celular e Molecular de Plantas, Universidade de São Paulo.

Grupos de España

- Misión Biológica de Galicia (CSIC). Coordinador: Marta Santalla.
- Centro de Regulación Genómica.
- Centre de Recerca en Agrigenómica CSIC-IRTA-UAB.
- Life Sequencing.
- Universidad de León.
- Instituto de Agricultura Sostenible (CSIC).
- Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (SERIDA).

Grupos de México

- Laboratorio Nacional de Genómica para la Biodiversidad (Langebio), Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN.
- Departamento de Ingeniería Genética, Unidad Irapuato, Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN.
- Instituto de Biotecnología (IBT), Universidad Nacional Autónoma de México.
- Centro de Ciencias Genómicas (CCG), Universidad Nacional Autónoma de México.
- Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP).
- Universidad Autónoma de Zacatecas (UAZ).
- Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México.