

La Universidad de Zaragoza lidera un estudio del Joint Genome Institute de EEUU con plantas modelo para la futura mejora de las variedades de trigo para alimentación

Pilar Catalán, del grupo Bioflora de la Escuela Politécnica Superior del campus de Huesca, es la investigadora principal de este proyecto

El trabajo desarrollará durante cinco años un análisis comparativo entre gramíneas híbridas naturales con otras sintetizadas en laboratorio para mejorar la calidad y la resistencia del trigo

(Zaragoza, martes, 19 de diciembre de 2017). La **Universidad de Zaragoza** liderará un estudio del **Joint Genome Institute de EEUU** con plantas modelo para la futura mejora de las variedades de trigo para alimentación. **Pilar Catalán**, investigadora del **grupo Bioflora de la Escuela Politécnica Superior de Huesca** (Universidad de Zaragoza), será la investigadora principal de este proyecto, que acaba de ser **aprobado por la institución americana** para llevar a cabo un estudio comparativo entre gramíneas híbridas naturales y otras sintetizadas en laboratorio para la posible futura mejora de la **calidad y la resistencia de las variedades de trigo para alimentación**.

En el proyecto financiado por el JGI, que se desarrollará **durante los próximos cinco años (2018-2022)**, participan investigadores de la Universidad de Zaragoza en Huesca (Escuela Politécnica Superior), el INRA (Francia) y las Universidades de Silesia (Polonia) y de Aberystwyth (Reino Unido). Pilar Catalán, integrante además de la Unidad Asociada BIFI-CSIC, coordinará **la investigación de los mecanismos reguladores de la expresión génica en plantas híbridas poliploides**, empleando gramíneas modelo del género *Brachypodium*.

La **catedrática de Botánica** de la Universidad de Zaragoza participa también en investigaciones sobre los cambios de planta anual a perenne, **procesos que podrían emplearse para transformar el trigo, la cebada y el centeno en plantas perennes**, y cuyos resultados podrían aplicarse para obtener plantas más longevas, reduciendo las tareas de siembra y los costes de cultivo.

Esta dilatada experiencia llevó a que **Pilar Catalán fuera** distinguida el pasado mes de agosto como **miembro de honor de la Botanical Society of America 2017**, un prestigioso reconocimiento otorgado a distinguidos científicos senior que han hecho **aportaciones sobresalientes a la ciencia de las plantas** a lo largo de su trayectoria científica.

En este nuevo proyecto del Joint Genome Institute, Catalán analizará los mecanismos reguladores de la expresión génica en **plantas que han acumulado genomas distintos** (alopoliploides), empleando **gramíneas modelo del género *Brachypodium***.

Se estima que al menos un **70% de las plantas** que viven actualmente en el mundo son alopoliploides, es decir, plantas **de origen híbrido que** para recuperar su fecundidad **duplicaron sus genomas** progenitores en algún momento de la historia. Son plantas que han acumulado distintos genomas y **tienen más copias génicas y, por tanto, mayor capacidad adaptativa al medioambiente**, por ejemplo, a la **sequía**.

El proyecto, que no cuenta con financiación económica específica, sí que cubre los elevados costes de la secuenciación genómica y transcriptómica, que serán

asumidos por el **Joint Genome Institute**, y cuyos resultados serán explotados por el equipo científico que lidera la aragonesa Pilar Catalán.

Las plantas modelo poliploides a utilizar (*Brachypodium hybridum*), al tener doble genoma presentan un patrón genómico muy similar al de los trigos duros, cereales con genoma duplicado, o el del trigo panadero, que es una planta con tres genomas. “Esto nos facilita el trabajo” --explica Pilar Catalán—“porque **el genoma del trigo es enorme, aproximadamente quince veces más grande que el de las plantas modelo** que usamos y eso nos permite explorar las secuencias reguladoras génicas de esos genomas sin tantos esfuerzos y complejidad”.

“La **ventaja de nuestras plantas es que son pequeñas** e investigando esos patrones o vías de regulación, podemos **averiguar qué genes** de cada genoma progenitor **se expresan más, comprender mejor la capacidad adaptativa** que le confieren a la planta, a sus **tiempos de germinación y floración**, a su **tolerancia al estrés hídrico, y a su crecimiento**, entre otros, para poder predecir cómo se expresarían estos genes en los trigos”.

Trigo para la elaboración de pasta y trigo panadero

La alopoliploidía, además de ser frecuente en las plantas silvestres, es también muy común en las plantas cultivadas, domesticadas a partir de las primeras o en algunos casos producidas por el hombre. Entre los cereales más ampliamente consumidos por la humanidad destacan los trigos alopoliploides, como el trigo duro alotetraploide (*Triticum durum*) empleado para la elaboración de pasta, y el trigo panadero alohexaploide (*Triticum aestivum*), empleado para la elaboración del pan.

Aunque el genoma del trigo panadero ya ha sido secuenciado, su enorme tamaño (17 Gbp) y la posesión de abundante DNA repetitivo lo hace poco manejable a la hora de investigar los mecanismos reguladores de la expresión de sus genes. Por ello se emplean gramíneas modelo evolutivamente próximas a los trigos, como las especies del género *Brachypodium*, cuyos pequeños genomas con DNA poco repetitivo pueden ser fácilmente analizado desde un punto de vista funcional y sus resultados transferidos al estudio de las redes reguladoras de la expresión génica en trigos y otros cereales.

En el proyecto se empleará un trío de gramíneas anuales del género *Brachypodium*, consistente en dos especies progenitoras (*B. distachyon* y *B. stacei*) y en su especie derivada alotetraploide (*B. hybridum*). Se secuenciarán y analizarán los genomas y los transcriptomas de una amplia representación de ecotipos silvestres de las tres especies procedentes de diversas localidades autóctonas mediterráneas.

Los estudios desarrollados hasta la fecha en el laboratorio Bioflora por Pilar Catalán y su equipo indican que *B. hybridum* se originó repetidas veces, por cruzamientos bidireccionales de distintos individuos progenitores, durante el último millón de años. Paralelamente a ello, los investigadores estudiarán los genomas y los transcriptomas de híbridos alopoliploides sintéticos obtenidos tras cruces programados en el invernadero.

La disponibilidad de alopoliploides silvestres ancestrales de distintos orígenes y de alopoliploides sintéticos actuales permitirá llevar a cabo un análisis comparado sobre las diferencias en la expresión génica de los genes que han heredado estas plantas de uno y otro genoma progenitor, y de sus mecanismos reguladores, deduciendo cómo afecta el momento del origen de la alopoliploidización (“shock poliploide”) y su perduración en el tiempo a dicha expresión génica.

Los mecanismos de regulación de la expresión génica se analizarán a través del estudio del transcriptoma obtenido de distintos tejidos de las plantas, con diversas procedencias y adaptaciones ecológicas y sometidas a distintas condiciones de estrés ambiental, y de la identificación y caracterización de elementos reguladores de la transcripción, tales como transposones y secuencias conservadas no codificantes genómicas y de microRNAs.

Los efectos de la modificación epigenética en la regulación de la expresión génica diferencial de los genomas progenitores se estimarán a través de la cuantificación de la metilación del DNA y de los cambios de proteínas histonas relacionadas con la activación y con la represión de genes del desarrollo y de señalización ambiental, como los de la vernalización.

Estos resultados podrán ser de gran trascendencia para su traslación a las investigaciones de los mecanismos reguladores de la expresión génica en los trigos aloploidos.

Más información:

Pilar Catalán. Móvil: 618396791