

València, 13 de setembre de 2023

L'I2SysBio (CSIC-UV) participa en la seqüenciació completa del genoma de la vinya i ajuda a dissenyar la vinya del futur

- **S'ha aconseguit completar les versions 4 i 5 del genoma de referència de la vinya en les quals es troben gens relacionats amb la resposta a l'estrés per plagues o per la falta d'aigua**
- **El Jardí Botànic de la Universitat de València ha acollit aquesta setmana, des del dilluns fins hui dimecres, la reunió anual de Grapedia, organitzada per Tomás Matus, investigador de l'I2SysBio**

Una investigació internacional en la qual participa l'Institut de Biologia Integrativa de Sistemes (I2SysBio), centre mixt del Consell Superior d'Investigacions Científiques (CSIC) i la Universitat de València, aconsegueix completar les versions 4 i 5 del genoma de referència de la vinya (*vitis vinifera*) en les quals es troben una gran quantitat de gens relacionats amb la resposta a l'estrés per plagues, per la falta d'aigua o gens determinants de la capacitat aromàtica dels fruits. La informació obtinguda permetrà dissenyar la vinya del futur més resistent al canvi climàtic que amenaça greument a la indústria del vi. Aquests treballs han sigut publicats en les revistes *Horticulture Research* i *G3 Gens/Genomes/Genetics*.

Si bé la seqüenciació de la vinya es va completar, per primera vegada, en 2007, aquesta primera versió i les que li van seguir estaven incompletes, amb moltes regions encara desconegudes. Molts d'aquests fragments del genoma, que ara han sigut correctament assemblats, corresponen a regions centromèriques i telomèriques (és a dir, del centre i els extrems dels cromosomes), que estaven constituïdes d'un considerable nombre de repeticions que feia difícil la seua lectura, motiu pel qual no es tenien en versions anteriors del genoma.

Comptar amb la millor versió d'un genoma obri les portes a conèixer el 100% dels gens d'una espècie. Ara, i gràcies a aquesta investigació, es podrà estudiar la funció de tots ells i es podrà associar a caràcters d'interés per a la indústria vitivinícola, mitjançant la utilització d'eines de la biologia computacional. En aquest sentit, la millora genètica, mitjançant mètodes tradicionals (*breeding*), també es veurà afavorida.

Versions 4 i 5 del genoma de la vinya

La versió 4 del genoma va demostrar el pedigrí del cultiu utilitzat anomenat PN40024. Inicialment es creia que corresponia a la varietat *Pinot Noir*, creuada nou vegades per endogàmia, l'anàlisi genòmica posterior va demostrar que era en realitat la varietat *Helfensteiner* (un encreuament entre *Pinot Noir* i *Schiava Grossa*). Aquesta versió també va permetre generar un recurs molt valorat: una anotació de tots els gens del genoma manualment curada per membres de la comunitat científica. Amb la versió 5 del genoma, podem dir hui que tenim la seqüència completa del genoma de la vinya.

La tecnologia emprada es basa en la seqüenciació de fragments llargs (*long read sequencing*). Es tracta d'una tècnica de seqüenciació d'ADN que permet seqüenciar fragments d'ADN molt més llargs que els mètodes tradicionals de seqüenciació de lectura curta. Mentre que la versió 4 utilitza la tecnologia estàndard de PacBio de seqüències llargues, la versió 5 utilitza la tecnologia HiFi o d'alta fidelitat. Les lectures HiFi es produeixen utilitzant la manera de seqüenciació per consens circular en els sistemes de lectura llarga PacBio. Les lectures d'alta fidelitat proporcionen una alta resolució amb una precisió de lectura d'una sola molècula del 99,9%.

Projecte COST Grapedia

Els dos treballs científics han estat desenvolupats en el marc del projecte COST Grapedia, una base de dades federativa proposada com una plataforma d'accés obert destinada a abordar els desafiaments en l'accés i utilització de les dades genètiques, òmics i de fenotipat relacionats amb la vinya. José Tomás Matus, investigador del Programa Ramón y Cajal de la Universitat de València i l'I2SysBio (CSIC – UV), és el coordinador d'aquesta iniciativa finançada per l'Oficina Europea COST (Cooperation in Science and Technology).

El Jardí Botànic de la Universitat de València ha acollit aquesta setmana, des del dilluns fins hui dimecres, la reunió anual de Grapedia, organitzada pel científic de l'I2SysBio. Investigadors internacionals que han contribuït al projecte i amb valuosa experiència sobre bases de dades i dades FAIR s'han donat cita en un esdeveniment que ha tingut accés lliure i s'ha pogut continuar en línia.

Els autors d'aquestes dues publicacions científiques formen part d'un consorci format per diversos instituts, que inclouen, a més de l'I2SysBio, l'Institut Nacional per a la Investigació Agronòmica de França (INRAE, per les seues sigles en francès), l'Acadèmia Xinesa de Ciències Agrícoles, i el Centre d'Investigació i Tecnologia Agroalimentària d'Aragó, entre altres.

Més informació de Grapedia: <https://grapedia.org/annual-meeting/>

Referències:

Amandine Velt, Bianca Frommer, Sophie Blanc, Daniela Holtgräwe, Éric Duchêne, Vincent Dumas, Jérôme Grimplet, Philippe Hugueneu, Catherine Kim, Marie Lahaye, José Tomás Matus, David Navarro-Payá, Luis Orduña, Marcela K Tello-Ruiz, Nicola Vitulo, Doreen Ware, Camille Rustenholz. ***An improved reference of the grapevine genome reasserts the origin of the PN40024 highly-homozygous genotype***, *G3 Genes/Genomes/Genetics*, 2023. <https://doi.org/10.1093/g3journal/jkad067>

Xiaoya Shi, Shuo Cao, Xu Wang, Siyang Huang, Yue Wang, Zhongjie Liu, Wenwen Liu, Xiangpeng Leng, Yanling Peng, Nan Wang, Yiwen Wang, Zhiyao Ma, Xiaodong Xu, Fan Zhang, Hui Xue, Haixia Zhong, Yi Wang, Kekun Zhang, Amandine Velt, Komlan Avia, Daniela Holtgräwe, Jérôme Grimplet, José Tomás Matus, Doreen Ware, Xinyu Wu, Haibo Wang, Chonghuai Liu, Yuling Fang, Camille Rustenholz, Zongming Cheng, Hua Xiao, Yongfeng Zhou. ***The complete reference genome for grapevine (Vitis vinifera L.) genetics and breeding***, *Horticulture Research*, 2023. <https://doi.org/10.1093/hr/uhad061>



José Tomás Matus, investigador del Programa Ramón y Cajal de la Universitat de València i l'I2SysBio (CSIC – UV), és el coordinador del projecte Grapedia COST. Crèdits: I2SysBio.