

## Los genomas de las plantas que nos comemos / Bruno Contreras



Tecnología Alimentos

Alimentación y Salud

[genoma](#) | [plantas](#) | [alimentos](#) |

Bruno Contreras

Laboratorio de Biología Computacional y Estructural

[📍 Estación Experimental de Aula Dei](#)

Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC)

Fundación Agencia Aragonesa para la Investigación y el Desarrollo (ARAID)

Actualmente en EMBL-European Bioinformatics Institute, UK

El genoma es la suma del material genético, la materia prima de la herencia, y está hecho fundamentalmente de ADN empaquetado con proteínas. En los organismos diploides, como los seres humanos, hay dos copias en cada célula. En las plantas, además del genoma principal, que se encuentra dentro del núcleo repartido en varios cromosomas, hay otro dentro de los cloroplastos, dedicado a la fotosíntesis. Gracias a los avances de la biología molecular y la genómica, desde hace dos décadas tenemos a nuestro alcance tecnologías que permiten secuenciar estos genomas, es decir, descifrar la secuencia exacta de palabras escritas con el alfabeto universal de A, C, G y T. A simple vista, estas secuencias no nos dicen nada, pero con ayuda de la biología computacional y la bioinformática podemos interpretarlas.

¿Qué hemos aprendido sobre las plantas que constituyen la base de nuestra alimentación?

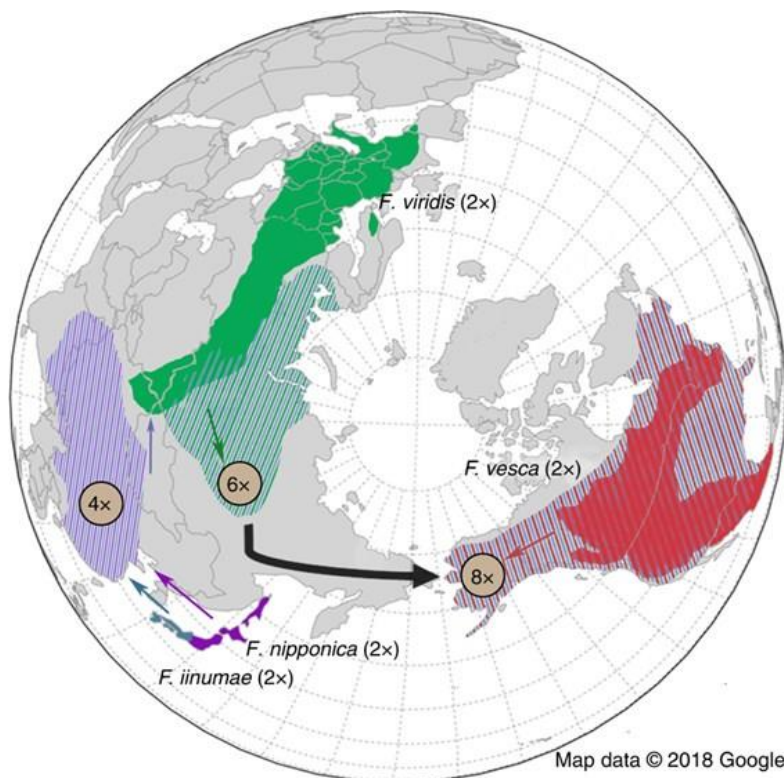
Por ejemplo, que el genoma del trigo, una gramínea resultante de la hibridación de otras tres especies, está compuesto mayormente por transposones. Estos genes saltarines, que descubrió Bárbara McClintock en el maíz, ocupan hasta el 85% del genoma del trigo y de otras especies cercanas como la cebada, generando nueva diversidad con sus saltos. También, gracias a lo que hemos aprendido de sus cromosomas, y a un trabajo meticuloso de detectives genómicos, algunos investigadores han conseguido silenciar los genes adecuados para producir granos de trigo sin gluten, algo que sin duda interesará a las personas celíacas.

Las secuencias genómicas también permiten hacer arqueología. Por ejemplo, la domesticación del maíz palomero, con el que hacemos palomitas, parece haber implicado la adaptación de las plantas a ciertos metales pesados presentes en el suelo, como el cadmio. Algo parecido observaron Jordi García Mas y sus colegas al analizar el genoma del melón, que tiene un exceso de genes implicados en el metabolismo de las fitoquelatinas. Al parecer estos genes protegen a las plantas del envenenamiento por metales pesados. Además de éstos, descubrieron varias enzimas que sintetizan cianuro para evitar que los herbívoros se coman las semillas.

Si nos pasamos a las solanáceas, de los 18,320 genes que podemos decir sin duda que han heredado patatas y tomates de sus ancestros, apenas 285 parecen haber sido modificados durante la domesticación, y por tanto serían los principales sospechosos para explicar por qué de unos nos comemos el fruto y de las otras, las papas, los tubérculos.

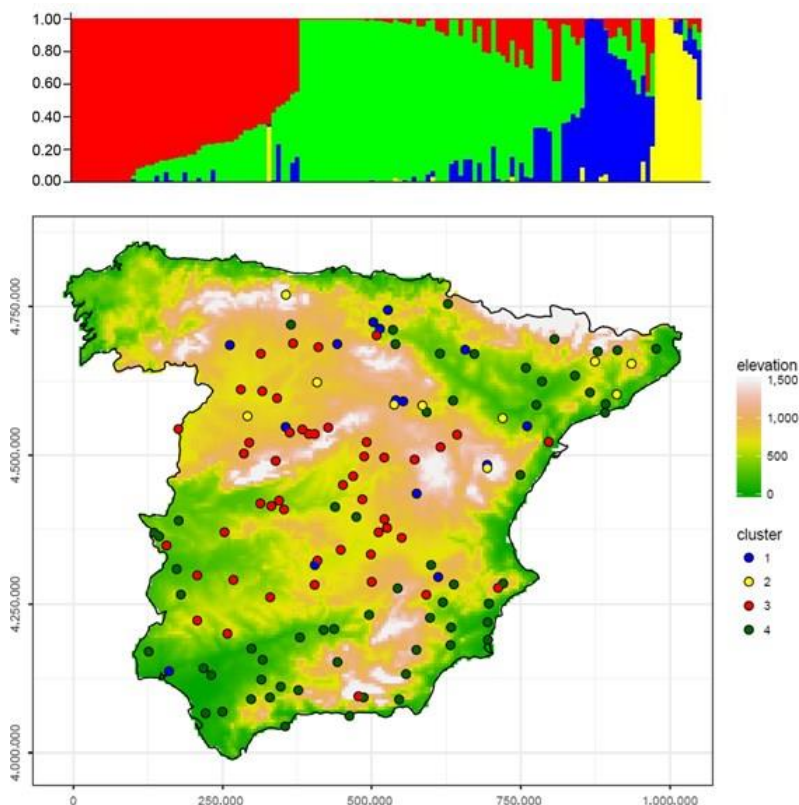
Otra especie originaria de América del Sur, que nos gusta a casi todos, es el cacao. La investigación de su genoma ha desvelado la variedad y cantidad de genes involucrados en la producción de las grasas, flavonoides, alcaloides y terpenoides que afectan a su sabor y calidad. ¿Qué significa esto? Por ejemplo, que la temperatura a la que se derrite el chocolate en las manos depende de su contenido en triacilglicerolos.

Por poner un ejemplo más, diré que los genomas de las plantas también permiten estudiar geografía. Es el caso del genoma del fresón (*Fragaria x ananassa*), un híbrido resultante del cruce de varias especies, una de ellas la que encontramos en el Pirineo (*Fragaria viridis*), que se ha resuelto recientemente y ha permitido reconstruir su historia. En concreto, la comparación de los genes de esas especies sugiere que la fresa que comemos en casa se originó en Norteamérica tras cruzar vastos territorios que hoy son continentes diferentes.



Distribuciones geográficas de los parientes diploides (2x) del fresón octoploide (8x) de Norteamérica y las probables especies intermedias tetraploides (4x) y hexaploides (6x). Fuente: <https://doi.org/10.1038/s41588-019-0356-4>

Tal vez sean la geografía y la cartografía lo más valioso que nos ofrecen los genomas de las plantas. Me explico. Además de estos ejemplos, que han servido para explicar las bases genéticas de algunas características de nuestras plantas comestibles, los genomas son en realidad los mapas que usamos los investigadores para explorar todo lo que nos falta por comprender de la fisiología de las plantas. Por eso son recursos esenciales hoy y, especialmente, para las generaciones futuras.



*La comparación de genomas revela que los cultivares antiguos de la Colección Nuclear de Cebadas Españolas se reparten en 4 poblaciones: azules y amarillas de dos carreras, rojas y verdes de seis carreras.*

Fuente: <https://doi.org/10.1111/mec.15009>