

Nota de Premsa

La seqüència dels genomes de l'ametller i el presseguer permet entendre les diferències dels fruits i llavors d'aquestes dues espècies tan properes

- Un equip internacional liderat per investigadors del CRAG ha seqüenciat el genoma de l'ametller i l'ha comparat amb el del seu parent més proper, el presseguer.
- Les diferències més importants entre aquestes espècies tan properes evolutivament s'expliquen per la variació creada pels elements mòbils del genoma.
- Els resultats donen pistes úniques pel que fa a l'evolució recent de les dues espècies i seran eines clau per a la seva millora genètica, incloent l'erradicació de les ametlles amargues, la qualitat de la fruita i l'adaptació al canvi climàtic.

Bellaterra (Barcelona), 25 de Setembre de 2019

L'ametller i el presseguer són dues espècies ben conegudes ja que els humans fa milers d'anys que en consumim el seu fruit (el préssec) o la seva llavor (l'ametlla). Tot i que a primer cop d'ull els productes d'aquests arbres poden semblar molt diferents, les dues espècies formen part del gènere *Prunus* i són molt semblants genèticament, tant, que es poden encreuar i obtenir-ne híbrids fèrtils. Ara, un equip internacional liderat per investigadors del [Centre de Recerca en Agrigenòmica \(CRAG\)](#) ha seqüenciat el genoma d'una varietat d'ametller i l'ha comparat amb el genoma del presseguer. La comparació detallada dels dos genomes dona pistes sobre la seva història evolutiva i revela el paper clau dels elements mòbils del genoma (també anomenats *transposons*) en la diversificació d'aquestes dues espècies. Segons expliquen els autors del treball, el moviment dels transposons podria ser a l'origen de les diferències entre el fruit d'ambdues espècies o del sabor de l'ametlla.

Conèixer el genoma de l'ametller serà una eina molt important per a millorar l'espècie. "Aquesta informació ens permetrà, per exemple, buscar varietats més productives i que siguin resistent a malalties, i també descartar més fàcilment aquelles que produeixen ametlles amargues," explica l'investigador de l'IRTA al CRAG [Pere Arús](#). Arús ha liderat l'estudi que es publica ara a la revista *The Plant Journal* i també va participar en el consorci internacional que va obtenir la seqüència del genoma del presseguer l'any 2013.

Un ancestre comú al centre d'Àsia

La comparació del genoma de la varietat d'ametller 'Texas'—en la seqüenciació de la qual ha participat l'equip de [Tyler Alioto](#) del Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica (CNAG-CRG), part del [Centre de Regulació Genòmica \(CRG\)](#)— i del genoma del presseguer situa la divergència de les dues espècies sis milions d'anys enrere. Els resultats són compatibles amb la hipòtesi prèvia que situa l'existència d'un ancestre comú d'aquestes espècies de *Prunus* al centre d'Àsia, i la posterior separació de dues poblacions produïda per l'aixecament del massís de l'Himàlaia. Aquest fenomen geològic hauria fet que les dues poblacions de *Prunus* quedessin exposades a climes absolutament diferents, en els quals haurien evolucionat les dues

espècies: l'ametller en les estepes àrides del centre i l'oest de l'Àsia, i el presseguer en els climes subtropicals de l'est, en el que avui és el sud de la Xina.

La diferenciació: els elements mòbils del genoma

Els autors del treball van comprovar que, tal com era esperable, els genomes de l'ametller i del presseguer tenen un alt grau de conservació, i van investigar en detall quines eren les diferències i si aquestes es podrien explicar per l'acció dels transposons.

Els transposons són trossos d'ADN que tenen la capacitat de desplaçar-se pel genoma i proliferar, saltant d'un cromosoma a l'altre i ocupant una part important del genoma. En aquest procés de transposició, aquests elements mòbils poden produir mutacions o canviar les propietats locals del genoma afectant la regulació dels gens. La utilitat per als genomes d'aquests elements mòbils ha sigut molt discutida des que Barbara McClintock va predir la seva existència fa quasi 70 anys, i pel que va rebre el Premi Nobel de Medicina i Fisiologia l'any 1983.

Els resultats de l'anàlisi dels genomes de l'ametller i del presseguer mostren que ambdues espècies tenen aproximadament un 37% del seu genoma format per elements mòbils, i que alguns dels gens clau en la diferenciació en les dues espècies estan afectats per la presència d'aquests elements. *"En aquest estudi hem descobert que la història recent dels transposons de l'ametller i el presseguer podria estar a la base de moltes de les diferències importants entre aquestes dues espècies,"* explica [Josep M. Casacuberta](#), investigador del CSIC al CRAG expert en elements mòbils i colíder de l'estudi. *"Tot i que cada cop hi ha més estudis que mostren el paper clau dels elements mòbils en l'evolució, la comparació de l'ametller i presseguer, dues espècies amb característiques diferenciades però amb genomes molt propers, dona unes pistes úniques sobre l'impacte dels transposons als primers passos de la separació de dues espècies",* afegeix Casacuberta.

Claus per erradicar l'ametlla amarga

La majoria d'espècies de *Prunus* tenen una llavor amarga i tòxica, però hi ha una colla de varietats d'ametller que produeixen una ametlla dolça, un caràcter que ha estat clau per la seva domesticació i el seu interès agroeconòmic. Estudis anteriors han identificat alguns gens involucrats en la síntesi del compost que confereix l'amargor i toxicitat a aquestes llavors: l'amigdalina. L'equip del CRAG ha descobert ara que en cultius d'ametller dolç almenys un d'aquests gens implicats en la síntesi de amigdalina està afectat per insercions de transposons, suggerint el seu paper clau no només en la diversificació de l'ametller i el presseguer, sinó també en les variacions dins de la mateixa espècie (ametlla amargant i ametlla dolça).

Imatges:

- 1) Préssecs i ametlles_1 (Crèdit: CRAG)
- 2) Préssecs i ametlles_2 (Crèdit: CRAG)
- 3) Els investigadors del CRAG que han liderat l'estudi. Josep M. Casacuberta (a l'esquerra) i Pere Arús (a la dreta) (Crèdit: CRAG)

Les imatges es poden descarregar a:

<https://drive.google.com/drive/folders/1oT11isiEf8fodwixJ4tRJndCxUqcheRf?usp=sharing>

Referència bibliogràfica:

Alioto T., et al. **Transposons played a major role in the diversification between the closely related almond and peach genomes: Results from the almond genome sequence** The Plant Journal (2019) DOI: [10.1111/tpj.14538](https://doi.org/10.1111/tpj.14538)

Sobre el finançament de l'estudi

Aquest treball ha rebut finançament del Ministeri d'Economia i Competitivitat a través dels projectes MINECO/FEDER AGL2012-40228-C02-01, AGL2015-68329-R, AGL2016-78992-R i RTA2015-00050-00-00, del programa Severo Ochoa de Centres d'Excel·lència (SEV-2015-0533), i de la Generalitat de Catalunya a través del programa CERCA. L'autor M.W. també agraeixen el suport del *Waite Research Institute of the University of Adelaide*. M.J.R agraeix el suport del *Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)* (RTA-2014-00062).

Sobre el Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG)

El Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG) és un centre que forma part del sistema CERCA de la Generalitat de Catalunya, i que es va establir com a consorci de quatre institucions: el Consell Superior d'Investigacions Científiques (CSIC), l'Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries (IRTA), la Universitat Autònoma de Barcelona (UAB) i la Universitat de Barcelona (UB). La investigació del CRAG s'estén de la investigació bàsica en biologia molecular de plantes i animals de granja, a les aplicacions de tècniques moleculars per la millora genètica d'espècies importants per l'agricultura i la producció d'aliments en estreta col·laboració amb la indústria. El CRAG ha estat reconegut com a "Centre d'Excel·lència Severo Ochoa 2016-2019" pel Ministeri d'Economia, Indústria i Competitivitat.

Per més informació i entrevistes:

Departament de Comunicació
Centre de Recerca en Agrigenòmica (CRAG)
+34 93 563 66 00 Ext 3033
+34 609 088 368
email: zoila.babot@cragenomica.es