

Noviembre de 2009

Investigadores completan secuencia genómica de la yuca

Un equipo de investigadores de los sectores académico, gubernamental e industrial obtuvo la primera versión del genoma de la yuca (*Manihot esculenta*), considerado como un paso importante para acelerar el ritmo de la investigación sobre este cultivo de subsistencia y abordar algunas de las muchas limitaciones que los cultivadores de yuca enfrentan en todo el mundo.



La yuca es un cultivo de raíz que sirve como fuente primaria de alimento para más de 750 millones de personas cada día. Aunque tiene muchas propiedades que la hace un alimento importante en gran parte de África y Asia, también tiene muchas limitaciones. Su contenido nutricional es deficiente y susceptible a muchos agentes patógenos, particularmente en África, donde cada año se pierde un tercio de la cosecha a causa de enfermedades virales. Una de estas enfermedades, el rayado marrón de la yuca o CBSD es, en la actualidad, la principal amenaza para la seguridad alimentaria en algunas zonas de África oriental.

El impulso de esta secuencia genómica empezó en el 2003 con la formación de la Asociación Global de la Yuca ([GCP-21](#)), cuya presidencia es compartida por el Dr. Claude Fauquet, director del Laboratorio Internacional para la Biología Agrícola Tropical ([ILTAB](#)) en el Centro de Ciencias de las Plantas Donald Danforth ([DDPSC](#)) en St. Louis, Missouri, y el Dr. Joe Tohme del CIAT en Palmira, Colombia. Esta alianza, a su vez, condujo a una propuesta presentada en el 2006 por Fauquet, Tohme y otros 12 científicos internacionales al Programa de Secuenciación Comunitaria del Instituto Unificado de Genómica del Departamento de Energía de los Estados Unidos ([DOE JGI](#)), la cual fue seleccionada para un proyecto piloto.

Todo el proyecto de genómica cobró impulso a principios del 2009 cuando 454 Life Sciences, una compañía de Roche, y DOE JGI comprometieron recursos para utilizar la plataforma Genome Sequencer (GS) FLX de la compañía [454 Life Sciences](#) con química de titanio GS FLX de lectura larga para generar rápidamente los datos de la secuencia de ADN que eran necesarios para el proyecto. Más de 61 millones de lecturas de secuenciación fueron generadas y ensambladas en un proyecto genómico que contiene, en estimativo, 95 por ciento de genes de yuca. Es uno de los primeros grandes proyectos de genómica en utilizar primariamente la plataforma de secuenciación de lectura larga de 454 Life Sciences, lo cual permitió mejorar la calidad de la versión preliminar, al igual que agilizar su generación.

"La información contenida en el genoma de la yuca brindará excelentes oportunidades para mejorar este importante cultivo, trayéndolo hacia la corriente central de investigación en plantas y reduciendo, de ese modo, el tiempo y el costo de entregar cultivares mejorados a los agricultores que más los necesitan", dijo Fauquet.

"Es un logro importante y significativo para la comunidad de investigación en yuca", dijo Tohme.
"Los datos obtenidos acelerarán el desarrollo de nuevos marcadores moleculares más eficaces para

caracterizar las colecciones de *Manihot* y para ayudar a los programas de mejoramiento a desarrollar variedades adaptadas a las necesidades de la población de escasos recursos en países en desarrollo".

Financiación de la Fundación Bill & Melinda Gates

En respuesta a la urgencia de esta amenaza, y aprovechando que ya está disponible la secuencia genómica de la yuca, la [Fundación Bill & Melinda Gates](#) otorgó una subvención de US\$1.3 millones a investigadores de la Universidad de Arizona, quienes liderarán un consorcio internacional para desarrollar una base de datos de variación genómica que proporcionará herramientas de mejoramiento para ayudar a los agricultores a mejorar la yuca, con énfasis especial en una mayor resistencia al virus del rayado marrón de la yuca.

La disponibilidad de la secuencia genómica permite al proyecto recién financiado estudiar cómo las variedades de yuca se diferencian entre sí. "Las contribuciones de 454 Life Sciences y DOE JGI al hacer que el genoma de la yuca sea una realidad han abierto un nuevo capítulo en la investigación en yuca a nivel mundial. Estamos entusiasmados acerca de la oportunidad que los genetistas de yuca tienen para acceder a nuevas herramientas para mejorar un cultivo de primera necesidad en África", dijo Katherine Kahn, oficial de programa de la iniciativa de Desarrollo Agrícola de la Fundación Bill & Melinda Gates.

"Éste es el ejemplo perfecto de la rapidez con que pueden suceder las cosas cuando todos se unen en favor de una causa importante. La mayoría de los datos para el genoma se generaron en las 8 semanas después de que DOE JGI y 454 Life Sciences se unieron a la causa", dijo Steve Rounsley, de la Universidad de Arizona, quien lideró este esfuerzo colaborativo.

La historia se divide en dos

"Con este logro se divide en dos la historia del cultivo de la yuca", dijo Hernán Ceballos, coordinador del Proyecto de Yuca del CIAT. "Esta secuenciación permitirá aumentar significativamente las tareas de mejoramiento convencional y molecular del cultivo. Esperamos que muchos interrogantes que permanecían sin respuesta puedan ser resueltos. Este acontecimiento es equivalente a lo que fue la invención del radar para la navegación aérea, en el sentido que dejaremos de trabajar a ciegas", agregó.

Los investigadores utilizarán tecnologías de nueva generación para muestrear muchas variedades de yuca y desarrollar una gran base de datos de marcadores que se puede utilizar para identificar genes que participan en muchos rasgos importantes. El equipo colaborará con investigadores de Kenia, Uganda y Tanzania en la aplicación de estos marcadores genéticos para identificar la resistencia a la enfermedad del rayado marrón de la yuca. Toda la información y las herramientas que el proyecto desarrolla estarán disponibles de manera gratuita a nivel mundial.

El mejoramiento tradicional de la yuca es lento y difícil. La disponibilidad de grandes números de marcadores ayudará a que los esquemas de mejoramiento sean más eficaces. Por ejemplo, rasgos que sólo pueden aparecer en plantas maduras ahora se podrán identificar en plántulas con una prueba de ADN de bajo costo. Puesto que la yuca se utiliza para la producción de almidón industrial y tiene potencial como fuente de biocombustibles, hay aplicaciones comerciales para estas

herramientas de mejoramiento. Sin embargo, las aplicaciones más importantes serán aquellas que mejoren las vidas de quienes dependen de la yuca para subsistir.

La versión preliminar de la secuencia genómica anotada está disponible en el sitio web de Phytozome, www.phytozome.net/cassava, de DOE JGI.

Contacto: Hernán Ceballos (h.cebaldos@cgiar.org), Programa de Yuca, CIAT. Tel.: +57 (2) 4450000 +57 (2) 4450000 (ext. 3125). Cali, Colombia.