

València, 23.02.10

La Universitat participa en la secuenciación del genoma de un pulgón que servirá para la lucha contra las plagas agrícolas

- El estudio ha sido realizado por un consorcio internacional formado por más de 50 grupos de investigación de 16 países, entre los que se encuentra el de Genómica y Salud, un grupo mixto de la Universitat de València (Institut Cavanilles) y el Centro Superior de Investigación en Salud Pública (CSISP) de la Generalitat Valenciana.

Científicos de la Universitat de València han participado en la secuenciación del genoma completo del pulgón *Acyrtosiphon pisum*, que se publica hoy en la revista *PloS Biology*, junto con la discusión de sus características más relevantes. Los resultados de este trabajo servirán para avanzar en la lucha contra las plagas agrícolas que causan importantes pérdidas en las cosechas de todo el mundo.

Este estudio ha sido realizado por un consorcio internacional formado por más de 50 grupos de investigación de 16 países diferentes. *Acyrtosiphon pisum* fue elegido en 2003 como la especie modelo para llevar a cabo estudios genómicos de entre las aproximadamente 5.000 especies de pulgones descritas. “El conocimiento de su genoma permitirá avanzar, sin duda, en la comprensión de aspectos muy interesantes de la biología de estos insectos chupadores de savia de las plantas”, argumenta Andrés Moya, jefe del área de investigación en Genómica y Salud, una unidad mixta de investigación del Institut Cavanilles de Biodiversitat i Biologia Evolutiva de la Universitat de València y el Centro Superior de Investigación en Salud Pública (CSISP).

Los científicos recuerdan, en primer lugar, que muchas especies de pulgones son plagas agrícolas importantes, sobre todo, como vectores de virus vegetales, por lo que causan la pérdida de cientos de millones de euros anuales en cosechas en todo el mundo. Por otra parte, los pulgones son de los pocos grupos de organismos que alternan en su ciclo vital la partenogénesis y la reproducción sexual. Además, se pueden dar formas vivíparas y ovíparas, pero también formas aladas y formas

ápteras. Finalmente, es de destacar que mantienen una asociación de simbiosis obligatoria con bacterias relacionadas con *Escherichia coli*. El insecto necesita productos que la bacteria le aporta y lo mismo ocurre con la bacteria, de forma tal que no pueden vivir separadamente.

EL PRIMER GENOMA DE UN INSECO HEMIMETÁBOLO

El trabajo publicado en *PloS Biology* se complementa con más de treinta artículos de investigación llevados a cabo por distintos científicos del consorcio donde se desarrollan, de forma más detallada, los diferentes aspectos abordados en el trabajo. “Una cuestión destacable es que se trata del primer genoma completo publicado de un insecto hemimetábolo (de metamorfosis sencilla) a diferencia de los publicados hasta el momento, los cuales pertenecen al grupo, evolutivamente más moderno, de insectos holometábolos (de metamorfosis compleja)”, explican los autores



Imagen de una hembra partenogenética adulta del pulgón *Acyrtosiphon pisum* alimentándose sobre un tallo de haba (*Vicia faba*).

Entre los aspectos más llamativos, los científicos compararon el mapa genómico del pulgón con los de otros insectos previamente estudiados y encontraron una sorprendente expansión (multiplicidad de copias) en más de 2.000 familias génicas y la presencia de una amplia diversidad de virus endógenos y elementos genéticos móviles, algunos de los cuales evidenciarían fenómenos de transferencia horizontal

ancestral entre ciertos insectos, humanos y otros mamíferos. Por otro lado se observa la pérdida de genes inmunitarios conservados en otros insectos, lo que tiene sentido si se piensa en que el insecto aloja bacterias simbiotes. Así como la bacteria ha cambiado con respecto a su pariente natural de vida libre, el insecto también lo ha hecho para poder albergar a los simbiotes.

Este importante trabajo constituye un paso más en el singular esfuerzo de la comunidad científica internacional en pro de comprender los distintos mecanismos de especiación biológica y supondrá un claro avance en el diseño de nuevas estrategias para el control de plagas. El proyecto ha contado con una nutrida participación de investigadores valencianos que forman parte del grupo de Genética Evolutiva del Institut Cavanilles (profesores Andrés Moya, Amparo Latorre y David Martínez), de la unidad mixta de investigación del CSISP-UV/Institut Cavanilles (Miguel Pignatelli) y del spin-off de la Universitat de València BiotechVana (Carlos Llorens).