

Valencia, 24 de julio de 2020

Descifrado el genoma de la filoxera que arrasó las viñas europeas en el siglo XIX

- **En el proyecto ha trabajado un equipo internacional en el que participan Miquel Barberà y David Martínez, investigadores del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio, CSIC – Universitat de València)**
- **El estudio aparece publicado en la revista *BMC Biology***

Un equipo internacional en el que participan Miquel Barberà y David Martínez, investigadores del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (I2SysBio), centro de investigación del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universitat de València, ha descifrado el genoma de la filoxera que arrasó las viñas europeas en el siglo XIX. El estudio aparece publicado en la revista *BMC Biology*.

El trabajo confirma que la plaga proviene de América del Norte y muy probablemente de poblaciones silvestres ubicadas a lo largo del curso superior del río Misisipi. Las conclusiones del estudio han ayudado a reconstruir la invasión biológica que desencadenó las plagas mortales sobre las viñas europeas el siglo XIX, como también a avanzar en las estrategias para mejorar la productividad en viticultura.

La secuenciación del nuevo genoma ha sido impulsada por el consorcio internacional – más de setenta expertos de ocho países de todo el mundo– creado en 2011 y liderado desde el Instituto Nacional de Agricultura (INRAE) de Francia. El trabajo también tiene el apoyo técnico de la plataforma INRAE-BIPAA que ha facilitado el acceso a recursos genómicos sobre insectos asociados a agroecosistemas. El estudio cuenta también con la participación de científicos del Institut de Recerca de la Biodiversitat IRBio (Universitat de Barcelona), del Centre de Regulació Genòmica (CRG) de Catalunya y de la Universitat Pompeu Fabra.

El trabajo de los expertos del I2SysBio se ha centrado en la anotación de una serie de genes relacionados con el ritmo circadiano –un tipo de biorritmo– y con la inducción de la fase sexual. “Se trata de genes implicados en la fotorrecepción, así como de genes candidatos a desencadenar una respuesta adecuada a determinados cambios ambientales que producen modificaciones en el ciclo vital”, detalla David Martínez, investigador en el I2SysBio y uno de los firmantes del artículo. Tanto Martínez como Miquel Barberà han dedicado los últimos años de investigación a identificar y

caracterizar genes relacionados con el ciclo biológico de los pulgones, y contribuyeron hace diez años en la secuenciación y publicación del genoma del *Acyrtosiphon pisum*. “Las filoxeras son insectos emparentados con los pulgones y comparten con ellos un ciclo vital complejo, con los que pueden compartir mecanismos moleculares de control de sus ciclos vitales”. De ahí la participación de los investigadores del I2SysBio en el desciframiento del genoma de la filoxera.

Filoxera: de las orillas del Misisipi a las viñas francesas

La filoxera (*Daktulosphaira vitifoliae*) es un insecto hemíptero de la familia de los filoxéridos que se nutre de la savia que obtiene de las raíces de las viñas. Descrita por primera vez en el año 1854 por el entomólogo Asa Fitch en los Estados Unidos, originó unos primeros brotes de infección en Francia en 1863 hasta que fue identificada definitivamente en 1868 por Bazille, Planchon y Sahut, miembros de la Sociedad de Agricultura de Hérault en Montpellier. El intenso comercio de viñas entre Estados Unidos y Europa podría haber sido la puerta de entrada accidental del insecto, que se extendió de manera inexorable por Francia –el país más afectado por la plaga– y por otros territorios europeos.

Una nueva familia génica con más de 2.700 genes

Los análisis de la secuencia genómica del ADN nuclear de la filoxera revelan la existencia de la mayor familia génica jamás identificada en un genoma, con cerca de 2.700 genes cuando raramente se superan los 200, que representaría un 10% del genoma del insecto.

Estos genes, probablemente esenciales para las interacciones entre la filoxera y la viña, codifican las proteínas secretadas pequeñas, conocidas como efectores, que podrían intervenir en la desactivación de las defensas básicas de la planta. En las viñas de la región de origen, la coevolución entre planta y plaga habría permitido la resistencia de las viñas al insecto. Por contra, las viñas cultivadas en Europa no tenían un sistema de defensa adaptado para alejar la amenaza de la nueva plaga y su cóctel letal de efectores.

El trabajo publicado también confirma que la filoxera que invadió Europa procede de la especie *Vitis riparia*, un tipo salvaje de viña americana.

De la investigación básica a la mejora de la producción vitivinícola

Desde una vertiente aplicada, la información genómica del nuevo estudio permitirá potenciar la mejora genética en la práctica de la viticultura. Así pues, un mejor conocimiento de la evolución y los mecanismos de acción de la nueva familia de genes efectores ayudará a diseñar estrategias que bloquean su acción mediante intervenciones sobre la planta o el parásito.

Rispe, C., Legeai, F., Nabity, P.D. et al. *The genome sequence of the grape phylloxera provides insights into the evolution, adaptation, and invasion routes of an iconic pest.* BMC Biol 18, 90 (2020). <https://doi.org/10.1186/s12915-020-00820-5>



Miquel Barberà (izquierda) y David Martínez (derecha).

Más información:

g.prensa@dicv.csic.es

Tel.: 963 622 757

CSIC Comunicación Valencia

Fuente: I2SysBio

<http://www.dicv.csic.es>