

BGI-Research codirigió la investigación del superpangenoma de garbanzos

SHENZHEN, CHINA, June 28, 2024 /EINPresswire.com/ -- El garbanzo (*Cicer arietinum* L.) es un cultivo leguminoso importante, cultivado predominantemente en regiones áridas y semiáridas de todo el mundo, con una producción global que supera los 17 millones de toneladas anuales. Además de su alta importancia económica, el garbanzo tiene un alto valor nutricional y contribuye a la fertilidad del suelo al fijar nitrógeno atmosférico. Sin embargo, el garbanzo tiene una diversidad genética limitada debido a varios cuellos de botella en su evolución, lo que resulta en una capacidad insuficiente para resistir el estrés biótico o abiótico, limitando el proceso de mejora de su cultivo.

El 23 de mayo, un estudio innovador liderado por BGI-Research, el Instituto Internacional de Investigación de Cultivos para los Trópicos Semiáridos (ICRISAT), la Universidad de Murdoch y otros, fue publicado en Nature Genetics: "El súper-pangenoma del *Cicer* ofrece perspectivas sobre la evolución de la especie y loci de rasgos agronómicos para la mejora de cultivos en el garbanzo". Esta investigación marca un avance significativo en el esfuerzo por mejorar el cultivo del garbanzo, presentando el súper-pangenoma del garbanzo basado en ensamblajes del genoma




nature genetics

Explore content ▾ About the journal ▾ Publish with us ▾

nature > nature genetics > articles > article

Article | Published: 23 May 2024

***Cicer* super-pangenome provides insights into species evolution and agronomic trait loci for crop improvement in chickpea**

[Amir W. Khan](#), [Vanika Garg](#), [Shuai Sun](#), [Saurabh Gupta](#), [Olga Dudchenko](#), [Manish Roorkiwal](#), [Annapurna Chitkikineni](#), [Philipp E. Bayer](#), [Chengcheng Shi](#), [Hari D. Upadhyaya](#), [Abhishek Bohra](#), [Chellapilla Bharadwaj](#), [Revazul Rouf Mir](#), [Kobi Baruch](#), [Bicheng Yang](#), [Clarice J. Coyne](#), [Kailash C. Bansal](#), [Henry T. Nguyen](#), [Gil Ronen](#), [Frez Lieberman Aiden](#), [Erik Veneklaas](#), [Kadambot H. M. Siddique](#), [Xin Liu](#) , [David Edwards](#)  & [Rajeev K. Varshney](#) 

[Nature Genetics](#) (2024) | [Cite this article](#)

1064 Accesses | 51 Altmetric | [Metrics](#)

El estudio "El súper-pangenoma del *Cicer* ofrece perspectivas sobre la evolución de la especie y loci de rasgos agronómicos para la mejora de cultivos en el garbanzo" fue publicado en Nature Genetics.

Table 1 | Statistical features of eight wild *Cicer* genomes

| Assembly | <i>C. reticulatum</i> | <i>C. echinospermum</i> | <i>C. bijugum</i> | <i>C. judaicum</i> | <i>C. pinnatifidum</i> | <i>C. yamashitae</i> | <i>C. chorassanicum</i> | <i>C. cuneatum</i> |
|------------------------------------------|-----------------------|-------------------------|-------------------|--------------------|------------------------|----------------------|-------------------------|--------------------|
| Total assembly size (Mb) | 895.25 | 734.27 | 434.97 | 466.6 | 643.91 | 545.79 | 566.76 | 565.22 |
| Number of scaffolds | 33,080 | 3,445 | 1,832 | 1,324 | 30,683 | 22,096 | 11,728 | 2,038 |
| Longest scaffold (Mb) | 109.19 | 107.65 | 26.36 | 30.7 | 78.63 | 68.6 | 75.74 | 82.85 |
| Number of scaffolds >10Mb | 8 | 8 | 11 | 12 | 8 | 9 | 8 | 8 |
| N50 scaffold length (Mb) | 60.33 | 92.71 | 6.76 | 9.24 | 53.1 | 54.71 | 59.62 | 75.06 |
| Assembly anchored in pseudomolecules (%) | 65.23 | 88.32 | - | - | 71 | 83.85 | 83.22 | 99.32 |
| Total transposable element ratio (%) | 58.9 | 51.37 | 49.64 | 52.02 | 56.21 | 44.12 | 47.89 | 56.6 |
| GC content (%) | 32.89 | 32.29 | 30.05 | 30.84 | 32.04 | 31.75 | 31.86 | 32.55 |
| Number of genes | 28,627 | 276,49 | 23,911 | 23,516 | 24,716 | 25,579 | 26,993 | 23,890 |
| Mean gene length (bp) | 4,293.5 | 4,362.46 | 4,582.07 | 4,578.58 | 4,551.47 | 4,593.59 | 4,671.78 | 4,435.23 |
| Number of annotated genes | 28,047 | 27,323 | 23,730 | 23,314 | 24,490 | 25,113 | 26,515 | 23,630 |
| Number of miRNA genes | 106 | 101 | 87 | 87 | 98 | 87 | 95 | 86 |
| Number of tRNA genes | 865 | 696 | 644 | 600 | 791 | 687 | 643 | 701 |
| Number of rRNA genes | 3,878 | 4,532 | 1,391 | 1,576 | 2,827 | 69,699 | 7,663 | 1,151 |
| Number of snoRNA genes | 813 | 776 | 682 | 603 | 824 | 592 | 636 | 666 |
| Number of pseudogenes | 1,297 | 1,252 | 700 | 811 | 881 | 920 | 1,141 | 1,173 |

Información estadística de los genomas de ocho especies silvestres anuales del género *Cicer*.

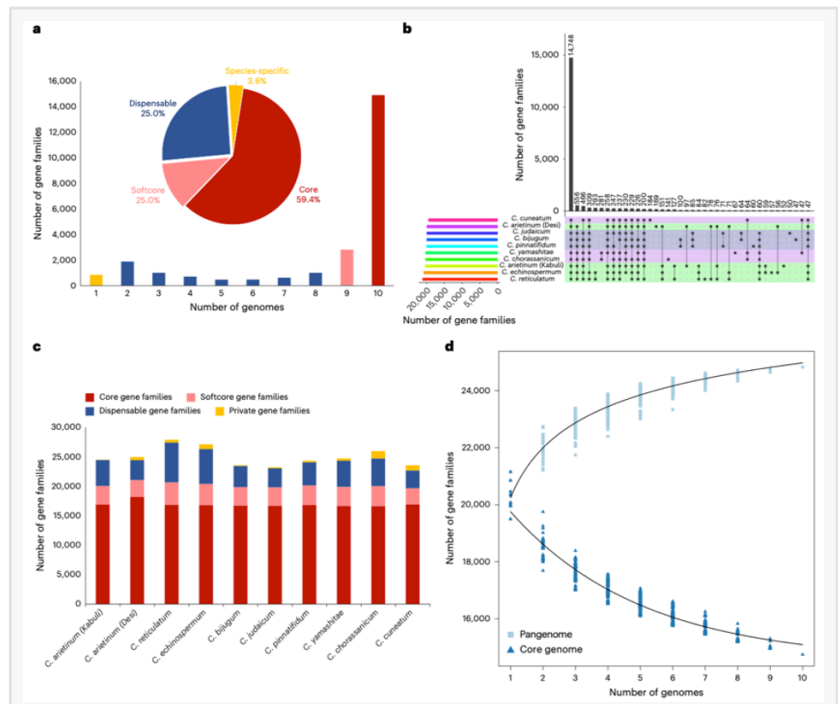
presentando el súper-pangenoma del garbanzo basado en ensamblajes del genoma

de ocho especies silvestres anuales de garbanzo y dos genomas cultivados previamente reportados, proporcionando perspectivas sin precedentes sobre la evolución de esta vital especie leguminosa y ofreciendo potencial para la mejora de cultivos.

El súper-pangenoma es el enfoque de desarrollar un pangenoma de los pangenomas de diferentes especies de un género dado, lo que proporciona un repertorio completo de variación genómica de un género y ofrece oportunidades sin precedentes para la mejora de cultivos.

El equipo de investigación secuenció ocho especies silvestres de garbanzo, produciendo un promedio de 143,03 Gb de datos de secuenciación por especie y generando un total de 1,14 Tb de datos. Además, utilizaron datos de captura de conformación cromosómica de alto rendimiento (Hi-C) para generar ensamblajes de longitud cromosómica. El análisis reveló una extensa reorganización de muchos segmentos del genoma entre las especies de garbanzo cultivadas y silvestres. También demostró que el garbanzo tiene tres principales reservas genéticas e infirió los tiempos de divergencia entre estas reservas.

El análisis del súper-pangenoma del garbanzo reveló varios hallazgos importantes sobre los genes fundamentales y dispensables. Los genes del súper-pangenoma de todas las diez especies de garbanzo se agruparon en 24.827 familias de genes. Basado en estas familias de genes, el súper-pangenoma del garbanzo está compuesto por 14.748 genes fundamentales (presentes en todas las especies), 2958 genes de núcleo blando (presentes en nueve especies), 6212 genes dispensables (presentes en dos a ocho especies) y 909 familias de genes específicos de especies. Mientras que las familias de genes fundamentales están involucradas en funciones biológicas esenciales como el crecimiento, la reparación del ADN, la comunicación celular, el



Panorama del súper-pangenoma del género Cicer.

Desde 2013, el BGI ha colaborado con el equipo de Rajeev Varshney en una serie de estudios genómicos del garbanzo y logros destacados (foto cortesía de Rajeev Varshney).

transporte, la metilación, el procesamiento del ARN, el metabolismo y la detección de estímulos, las familias de genes dispensables están enriquecidas con genes relacionados con la respuesta defensiva, la respuesta a auxinas, la respuesta a estímulos bióticos, la modificación de la pared celular y la homeostasis de iones.

El equipo de investigación identificó 29,44 millones de variantes genéticas no redundantes y 6,33 millones de pequeñas inserciones o deleciones. También se identificaron un total de 491.937 variaciones estructurales. Basado en estos datos, se construyó un súper-pangenoma basado en gráficos. El gráfico revela variaciones estructurales precisas en las 477 accesiones de especies cultivadas y silvestres, revelando su papel vital en el tiempo de floración del garbanzo, la vernalización, la resistencia a enfermedades y otros caracteres.

El profesor Rajeev Varshney FRS, coautor corresponsal y director del Centro Estatal de Biotecnología Agrícola en la Universidad de Murdoch, dijo: "Los recursos genómicos y los genes únicos presentados en parientes lejanos de los garbanzos modernos en este nuevo estudio beneficiarán en gran medida la mejora del garbanzo y el avance de la comunidad investigadora en esta área en Australia y a nivel mundial".

"Aprovechando la diversidad genética encontrada en los parientes silvestres del garbanzo, podemos ampliar significativamente la base genética de los garbanzos cultivados", añade Aamir W. Khan, primer autor y oficial científico sénior en ICRISAT. "Esto allana el camino para programas de mejora destinados a desarrollar variedades de garbanzo más robustas y de mayor rendimiento. Nuestro trabajo destaca el potencial no explotado de las especies silvestres para mejorar el conjunto de herramientas genéticas disponibles para la mejora de cultivos".

Desde que se completó el genoma de referencia por primera vez con el proyecto del genoma del garbanzo iniciado en 2013, ha habido una serie de investigaciones genómicas e hitos en los que el BGI ha participado y logrado con el equipo del profesor Varshney.

Desde el inicio del proyecto del genoma del garbanzo en 2013, que completó el primer genoma de referencia del garbanzo, el BGI y el equipo de Rajeev Varshney han colaborado en numerosos proyectos de investigación genómica y alcanzado hitos significativos.

"Ha sido un placer colaborar con el BGI y otros socios para desarrollar el súper-pangenoma del Cicer", dijo el profesor Varshney. "Nuestro estudio encontró que las especies silvestres tienen más diversidad genética y variaciones que podrían ser útiles para mejorar características del garbanzo como la resistencia a enfermedades, el tiempo de floración y la tolerancia al estrés". Xin Liu, coautor corresponsal e investigador de BGI-Research, concluyó que "Desde 2013, más de una década de cooperación científica y producción investigadora ha resaltado el valor y la importancia de la colaboración global. Una serie de estudios genómicos promoverá mejoras en la cría del garbanzo, mientras proporciona soluciones para mejorar otros cultivos, abordar el cambio climático y garantizar la seguridad alimentaria".

El estudio se puede acceder aquí: <https://www.nature.com/articles/s41588-024-01760-4>

Richard Li
BGI Group
[email us here](#)

Visit us on social media:

[Facebook](#)

[X](#)

[LinkedIn](#)

This press release can be viewed online at: <https://www.einpresswire.com/article/723558919>

EIN Presswire's priority is source transparency. We do not allow opaque clients, and our editors try to be careful about weeding out false and misleading content. As a user, if you see something we have missed, please do bring it to our attention. Your help is welcome. EIN Presswire, Everyone's Internet News Presswire™, tries to define some of the boundaries that are reasonable in today's world. Please see our Editorial Guidelines for more information.

© 1995-2024 Newsmatics Inc. All Right Reserved.