
DOSSIER DE PRENSA

Entrevista al Dr. Miodrag Grbić

- INVESTIGACIÓN 'SECUENCIA DEL GENOMA DE LA ARAÑA ROJA'. *NATURE*, 24-11-2011.
-

Cuestionario respondido por el investigador principal, Miodrag Grbić:

1. Breve introducción al trabajo.

Nuestro grupo internacional ha secuenciado el genoma de la araña roja (*tetranychus urticae*) una de las mayores plagas de la agricultura mundial. Este ácaro se alimenta de más de 1.000 plantas diferentes, entre ellas pimientos, tomates, fresas, manzanas, peras, maíz, vid, clementinas, etc. También es el primer genoma de chelicerata, el segundo grupo de animales terrestres más grande del mundo que incluye arañas, escorpiones y ácaros.

2. Por qué es importante conocer el genoma de la araña roja.Cuál es el sentido último de la investigación.

Como dije, este ácaro es una plaga muy importante en agricultura. Esta especie es muy polífaga, puede afectar a más de 150 plantas de interés agrícola a nivel mundial. Los gastos de control de esta plaga se acercan a 1.000 millones de dólares. Esta plaga desarrolla muy rápidamente la resistencia contra plaguicidas: por ejemplo después de la introducción de un nuevo plaguicida la resistencia en la población de araña roja aparece después de dos a cuatro años. Nuestra investigación tiene el objetivo de conocer el genoma de la araña roja y descubrir el "talón de Aquiles" de esta plaga. La idea es desarrollar nuevas tecnologías para controlar dicha plaga sin pesticidas con un acercamiento genómico y ecológico.

3. Qué presupuesto ha tenido la investigación. Qué entidad/es la han asumido principalmente.

Este trabajo es financiado por el Ministerio de Energía de Estados Unidos (con 2 millones de dólares) y después con un proyecto entre Genoma Canada y Unión Europea sumando en total 4 millones de euros. Esta financiación era esencial para el establecimiento de equipo internacional. Además de grupos españoles y canadienses en nuestro grupo multidisciplinar tenemos grupos de Bélgica, Francia, Portugal, Estados Unidos, Chile, Alemania y Suiza.

4. En resumen cuáles serían los principales hallazgos de la investigación.

Primero hemos medido el genoma de *tetranychus* y hemos determinado que es muy pequeño: 90 Mbp (25 veces más pequeña que el genoma de garrapata y 30 veces más que el de humanos). Pero una sorpresa es que ese genoma tan pequeña tiene muchos genes: por ejemplo tiene 18,414 genes que es mucho, si comparamos con genoma humano que es 30 veces más grande pero tiene 25,000 genes. Esto significa que el genoma de este ácaro es muy denso y que los genes ocupan la mayor parte del genoma, más del 50%. Esta es una utilización de genoma muy eficiente, especialmente cuando sabemos que los genes del genoma humano apenas ocupan un 1,5% del genoma siendo el resto “secuencias basura”. También hemos descubierto que este ácaro ha multiplicado y evolucionado muchos genes nuevos, genes para detoxificación de toxinas de plantas útiles para la defensa contra las plagas. Otra sorpresa era que el ácaro ha “cogido” unos genes de otros organismos (este se llama transferencia de genes horizontal) incluidos bacteria, hongos y plantas. Estos genes no existen en otros animales pero se utilizan para romper toxinas de plantas. Así, el ácaro tiene unas armas especiales para combatir las defensas anti-plagas de las plantas y por tanto puede desarrollar una resistencia a plaguicidas utilizando los mismos genes “detoxificadores”. Finalmente hemos descubierto que la seda de este ácaro es única. Esta seda es muy fina (mucho más que seda de araña) y el diámetro de fibras individuales de seda es en nivel de nanómetros. Entonces esta seda es un bio – nano material natural y tiene posibilidades para utilización en industria de aviones, coches pero también en regeneración de tejido humano como un rastrel para crecimiento de células, para microcápsulas para entregar los medicamentos y para huesos artificiales.

5. Cuándo empezó la investigación.

La idea nació en el año 1998 y hemos empezado entonces ya con el trabajo. El mayor éxito en el proceso de desarrollo de este proyecto era la financiación de la secuencia del genoma por parte del Ministerio de Energía de Estados Unidos en el año 2006. Después con el apoyo y financiación de Genoma Canada hemos empezado con la formación de equipo internacional y los estudios del genoma.

6.Cuál ha sido el papel de los centros de investigación españoles, y del ICVV en particular, en esta investigación. Qué valoración haría de su participación.

Debo decir de manera muy explícita que la colaboración con los grupos españoles ha favorecido a este proyecto muchísimo. Después de mi charla en Madrid en el año 2007 4 grupos españoles con un entusiasmo enorme han participado en este proyecto: El grupo de Isabel Díaz en Universidad Politécnica de Madrid, el grupo de Félix Ortego del CSIC, el Grupo de Marisela Vélez en la Universidad Autónoma de Madrid y finalmente el grupo de José Miguel Martínez Zapater aquí, en La Rioja, en el ICVV.



La atmósfera y entusiasmo en el ICVV para este proyecto fue crucial para su desarrollo. El ICVV proporcionó espacio para colocar parte de nuestro laboratorio, establecido la colaboración con grupos de entomología de Vicente Marco e Ignacio Pérez y con su entusiasmo y generosidad crearon un ambiente excelente para este trabajo. Este fue una hospitalidad de corazón. Quería utilizar esta oportunidad para agradecer al ICVV, Logroño y La Rioja para su apoyo y la aportación a este trabajo.