

## Secuenciación y análisis del genoma de coníferas: estudio de *Pinus pinaster*

Sterck, L. (1,2); Cabezas, J.A. (3,4); Ávila, C. (5); de Miguel Vega, M. (6); Li, Z. (1,2); de María, N. (3,4); Rodrigues, A. (7,8); Cañas, R.A. (5); Ehrenmann, F. (6); Guevara, Á. (3,4); Chaves, I. (7,8); Mongy, M. (6); López-Hinojosa, M. (3,4); de la Torre, F.N. (5); Vélez, M-D. (3,4); Pizarro, A. (9); Manjarrez, L.F. (3,4); Vasques Costa, B. (7,8); Pascual, M.B. (5); Alioto, T. (10,11); Codoñer, F.M. (12); Collada, C. (4,13); Salse, J. (14); De la Torre, A.R. (15); Arrillaga, I. (16), Miguel, C. (7,8,17); Plomion, C. (6); Cánovas, F.M. (5); Van de Peer, Y. (2); Díaz-Sala, C. (9); **Cervera, María-Teresa** (3,4)\*

(1) Ghent University, Department of Plant Biotechnology and Bioinformatics, Ghent, Belgium. (2) VIB Center for Plant Systems Biology, Ghent, Belgium. (3) Dpto. Ecología y Genética Forestal, Centro de Investigación Forestal (CIFOR), Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA-CSIC), Madrid, Spain. (4) Unidad Mixta de Genómica y Ecofisiología Forestal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria / Universidad Politécnica de Madrid (INIA/UPM), Madrid, Spain. (5) Grupo de Biología Molecular y Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, Spain. (6) BIOGECO, INRA, Université de Bordeaux, Cestas, France. (7) Instituto de Tecnologia Química e Biológica António Xavier, Universidade Nova de Lisboa (ITQB-NOVA), Oeiras, Portugal. (8) Instituto de Biologia Experimental e Tecnológica (iBET), Oeiras, Portugal. (9) Dpto. de Ciencias de la Vida, Facultad de Biología, Universidad de Alcalá, Alcalá de Henares, Spain. (10) CNAG-CRG, Centre for Genomic Regulation (CRG), The Barcelona Institute of Science and Technology, Barcelona, Spain. (11) Universitat Pompeu Fabra (UPF), Barcelona, Spain. (12) Lifesequencing / ADM Nutrition R&D, Paterna, Valencia, Spain. (13) Grupo de Investigación en Genética, Fisiología e Historia Forestal (GENFOR), Universidad Politécnica de Madrid (UPM), Madrid, Spain. (14) GDEC, INRA-UCA, Clermont-Ferrand, France. (15) School of Forestry, Northern Arizona University, Flagstaff AZ86011, Arizona, USA. (16) ERI Biotec/Med, Dpto. Biología Vegetal, Universidad de Valencia, Valencia, Spain. (17) Universidade de Lisboa, Faculdade de Ciências, BioISI - Biosystems & Integrative Sciences Institute, Lisboa, Portugal.  
[\\*cervera@inia.es](mailto:cervera@inia.es)

El pino marítimo, también conocido como pino resinero (*Pinus pinaster* Ait.), es una conífera de elevado valor ecológico y económico, asociada principalmente a la producción de madera y resina. Autóctona del Mediterráneo occidental, muestra una distribución fragmentada, ocupando diferentes ecosistemas. Esta especie se ha empleado como conífera modelo en el estudio de los caracteres productivos y adaptativos en el suroeste de Europa.

El consorcio internacional, formado por los grupos de investigación que presentan este trabajo, ha desarrollado el draft de la secuencia del genoma de este pino europeo combinando secuencias *mate-pair* (Roche 454 FLX Titanium), *paired-end* (Illumina) y ONT. El ensamblaje se ha apoyado en datos de mapeo genético y transcriptómicos. El transcriptoma de referencia, en sentido amplio, incluye datos procedentes de distintos genotipos, órganos y tejidos de árboles sometidos a distintos tratamientos y en distintas etapas del desarrollo, incluyendo una gran variedad de tipos celulares aislados mediante microdissección láser. Asimismo, el mapa de ligamiento genético de Pinaceae, con una elevada densidad de marcadores SNP y del que *Pinus pinaster* forma parte, no sólo permitió asignar algunos de los scaffolds a pseudomoléculas, sino también profundizar en el análisis evolutivo de la especie, estudio comparativo que se complementó con el análisis de secuencias genómicas de pino y abeto. El draft del genoma ensamblado es una herramienta clave para desentrañar los procesos biológicos implicados en la expresión de caracteres de interés económico y adaptativo, de gran importancia en un contexto de cambio climático como el que enfrenta la Cuenca Mediterránea. Entre estos caracteres, nuestro grupo estudia la respuesta a sequía. Para ello estamos empleando aproximaciones complementarias basadas en el estudio comparativo de genotipos de *P. pinaster* que muestran diferencias contrastadas en su susceptibilidad a sequía, que se que se discutirán en esta presentación.