

Simposio Internacional

Nuevas fronteras de la genómica forestal: secuenciación e interpretación funcional del genoma de las coníferas

International Symposium

New frontiers in forest genomics: sequencing and functional understanding of the conifer genome

INTRODUCCIÓN:

Las coníferas constituyen uno de los grupos vegetales evolutivamente más antiguos, y más longevos, que ocupan un gran número de ecosistemas y, por consiguiente, han desarrollado sistemas de adaptación muy variados y eficaces. Es importante indicar que han divergido de las angiospermas hace más de 300 millones de años por lo que la información que puede transferirse de los genomas de angiospermas secuenciadas (como por ejemplo chopo o Arabidopsis), aunque útil, es limitada.

Las coníferas constituyen un grupo vegetal de gran importancia ecológica que además incluye la mayor parte de las especies forestales de mayor importancia económica. Los bosques naturales de coníferas abarcan la mayor extensión boscosa de hemisferio norte, asimismo, se han empleado de forma generalizada en procesos de repoblación, proporcionando una cubierta vegetal contra la erosión y sumideros de CO₂. Además de su importancia social (recreación), los productos forestales constituyen una importante fuente de ingresos en un gran número de países al ser fuente renovable de un gran número de materias primas como madera, pasta de papel y productos no maderables.

Por otro lado, debido al gran tamaño del genoma de las coníferas, y a su complejidad estructural (elevado porcentaje de secuencias repetidas, grandes familias génicas, numerosos pseudogenes, etc), la secuenciación de su genoma supone un gran reto desde el punto de vista tecnológico. Debido al desarrollo de nuevas tecnologías de secuenciación de alta eficacia, y de nuevos sistemas bioinformáticos que permiten el ensamblaje de secuencias pertenecientes a genomas complejos (como por ejemplo del maíz), la secuenciación de una conífera es considerada como un reto tecnológico actualmente abordable por especialistas en técnicas de secuenciación.

La secuenciación del genoma de coníferas permitirá no sólo conocer la estructura de especies tan longevas sino abordar estudios de evolución del genoma e identificar secuencias intactas de genes de interés y de familias génicas completas, así como analizar el detalle de los elementos (como retrotransposones) que conforman, en gran número, el genoma de estas especies.

La identificación de genes intactos permitiría diseccionar caracteres de interés como los relacionados con caracteres productivos (producción de madera papel, celulosa, derivados de lignina, hemicelulosa y otros compuestos de interés que valorizan la biomasa forestal en biofuel y otras aplicaciones energéticas), vías metabólicas que definen la diversidad química estructural específica de especie o especies, así como caracteres adaptativos (resistencia a patógenos y plagas, control fenológico, y caracteres implicados en la reducción del impacto del cambio climático como la respuesta a sequía y a frío,) que permitan acometer una restauración y reforestación sostenible con la que luchar contra los incendios y la erosión.

Asimismo, las coníferas están conformadas por un gran número de especies que muestran niveles de similitud genética muy elevados, facilitando la transferencia de información de la especie que sea objeto de secuenciación a otras especies de pinos e

incluso a otras coníferas de interés pan-nacional o regional. Por este motivo, la iniciativa internacional propone no sólo abordar la secuenciación del genoma de una especie seleccionada, sino generar, de forma paralela, las herramientas necesarias para transferir esta información a otras especies de interés bien porque constituyan modelos más apropiados para el estudio del control genético de ciertos caracteres (para los que muestren una mayor variabilidad), o bien porque representan especies de gran interés económico o ecológico en áreas concretas.

INTRODUCTION:

Conifers are long-evolved and long-lived plant organisms. They are present today in a large number of ecosystems and have evolved various efficient adaptation systems. The group diverged from angiosperms more than 300 million years ago and the study of their genome may reveal unique information which cannot be inferred from currently sequenced angiosperm genomes (such as poplar or Arabidopsis).

Ecological importance of conifers pairs with its great economic importance as the group includes mayor forest tree species. Conifers represent most of the Northern hemisphere natural (primary) woods. Conifers are indeed very commonly used in forestry for re-population, and their wood coverage provides CO₂ sinks as well as means to fight against erosion. Conifer products represent a very important renewable source of raw materials such as wood, paper pulp and other non-wood products. They are also of great social importance, as they are linked to major recreational areas.

Due to the large size of their genome and its structural complexity (high number of repeated sequences, large gene families and numerous pseudogenes), conifer genome sequencing implies a very important challenge from a technological standpoint. The development of new high-efficiency sequencing and genotyping technologies, as well as new bioinformatics tools which enable assembly of sequences belonging to complex genomes (such as maize), makes it possible to consider this challenge as a goal within attainable range for specialists.

Conifer genome sequencing will not only provide better knowledge of the genome structure of a very long-lived organism, thereby enabling long-term evolution studies within the species, but also to identify sequences of complete gene-families, including intact genes, of interest. Another expected benefit is the possibility to study specific genome features such as retrotransposons, which are quite abundant in this species.

Intact gene identification will likely lead to genetic dissection of productive traits (for production of wood, paper, cellulose, lignin derivatives, hemicellulose and other valuable compounds which valorize forest tree biomass into biofuels and other energy applications), metabolic pathways accounting for species specific structural chemical diversity (of particular interest are green chemistry products) as well as adaptive traits (for resistance to pathogens and plagues, phenological control and reduction of climatic change impact related traits such as drought and cold stress) which allow to approach sustainable reforestation and restoration, which enable to fight forest fire and land erosion).

Conifers are formed by a high number of species with high genetic similarity. This is an interesting feature which enables use of pertinent sequence information to study genes from other pine species and even other conifers of national and regional interest. The international conifer genome sequencing initiative aims, in addition to sequencing, also to generate tools which enable to transfer information to other species of interest which can be model species (for trait dissection) or species of economic or ecological importance.

Programa científico
Scientific programme

Co-directoras / Co-directors

María Teresa Cervera
CIFOR-INIA, Madrid

Carmen Díaz-Sala
Universidad de Alcalá de Henares, Madrid

February 24th

09:00 h Sesión Inaugural /Opening session

Raimundo Pérez-Hernández y Torra
Director Fundación Ramón Areces / Chairman of the Ramon Areces Foundation

Federico Mayor Zaragoza
Presidente del Consejo Científico de la Fundación Ramón Areces / Chairman of the Ramon Areces Foundation Scientific Advisory Committee

Julio Rodríguez Villanueva
Vicepresidente del Consejo Científico de la Fundación Ramón Areces / Deputy Chairman of the Ramon Areces Foundation Scientific Advisory Committee

María Teresa Cervera
Carmen Díaz-Sala
Coordinadoras / Coordinators

PRIMERA SESIÓN / FIRST SESSION
Iniciativas en genómica de coníferas
World - wide initiatives in conifer genomics

09:15 h Importancia de las coníferas: qué beneficios se derivan de los estudios de genómica de estas especies?
Importance of conifers: What benefits can be expected from conifer genomics research?
Jean Bousquet
Centre for Forest Research, Université Laval. Québec. Canada

10:00 h Red Transnacional de Genómica de coníferas (CTGN) – Mejora molecular basada en análisis de asociación
Translational Genomics Network - (CTGN) Molecular breeding based on association analysis
David Neale
University of California. Davis. USA

10:45 h Proyecto Arborea - Identificación de genes y análisis de expresión
Arborea project - Gene discovery and analysis in the expressed conifer genome.
John MacKay

Centre for Forest Research, Université Laval. Québec. Canada

11:30 h Descanso / Break

11:45 h Proyecto Treenomix - Integración de diferentes disciplinas para interpretar funcionalmente el genoma de las coníferas

Treenomix project - "Omic" integration to functionally interpret conifer genomes

Joerg Bohlmann

Michael Smith Laboratories, University of British Columbia. Vancouver. Canada

12:30 h Iniciativas europeas en genómica de coníferas - Construcción de mapas genéticos funcionales de alta densidad como herramientas para secuenciación y mapeo comparativo

European initiatives in conifer genomics - Construction of dense functional maps as tools for sequencing and comparative mapping

María Teresa Cervera

Centro de Investigaciones Forestales - INIA. Madrid. Spain

13:00 h Estudio de los análisis de expresión génica en coníferas

Gene expression analysis in conifer species

Francisco Cánovas

Universidad de Málaga. Málaga. Spain

13.30 h Epigenómica de genomas complejos. Aplicación en coníferas

Epigenomics of complex genomes. Application to the study of conifer genomes

Mario F. Fraga

Centro Nacional de Investigaciones Oncológicas (CNIO). Madrid. Spain

14:00 h Lunch

SEGUNDA SESIÓN / SECOND SESSION

Herramientas para el desarrollo de un programa de genómica de coníferas

Tools for a conifer genomics programme

16:00 h Construcción de librerías BACs de coníferas. Estrategias de mapeo físico

Building a BAC library of conifer species. Strategies of physical mapping

Gonzalo Claros

Universidad de Málaga. Málaga. Spain

16:30 h Nuevas herramientas para la secuenciación de grandes genomas

New tools to approach sequencing of large and complex genomes

José Luis García

Centro de Investigaciones Biológicas - CSIC. Madrid. Spain

17:00 h Discusión / Discussion

February 25th

09:00 h Transposones, variación funcional y pant-genomas vegetales
Transposable elements, functional variation and the plant pant-genomes.
Michele Morgante
University of Udine. Udine. Italy

09:45 h Herramientas bioinformáticas para analizar grandes genomas complejos
Bioinformatic tools to analyze large and complex genomes
Roderic Guigó
Research Group in Biomedical Informatics. Universitat Pompeu Fabra.
Barcelona. Spain

TERCERA SESIÓN / THIRD SESSION

Ejemplos de estudio en genómica de coníferas
Case of study in conifer genomics

10:15 h Estudio de las bases moleculares que controlan la respuesta adaptativa de coníferas
Study of molecular control of conifer adaptive response
Christophe Plomion
UMR biogeco 1202, INRA Pierroton. France

11:00 h Transferencia de tecnología: De las ómicas de coníferas al sector productivo
Technology transfer: From conifer omics to the productive sector
Luc Harvengt
FCBA Technological Institute. Allée de Boutaut. France

11:45 h Descanso / Break

12:15h Genómica vegetal y bio-economía
Plant genomics and bio-economy
Timothy Hall
Head of unit: Agriculture, Forestry, Fisheries and Aquaculture. Directorate Biotechnologies, Agriculture and Food. DG Research. European Commission. Brussels. Belgium

CUARTA SESIÓN / FOURTH SESSION

Iniciativas de secuenciación de otros modelos vegetales
Genome sequencing initiatives in other plant model species

13:00 h Secuenciación de otros genomas de especies forestales: El caso de *Populus*
Sequencing other forest tree species: Case of Populus
Gerald Tuskan
Oak Ridge National Laboratory. Tennessee. USA

13:45 h Lunch

16:00h EUCAGEN: red internacional para el estudio del genoma de *Eucalyptus*
International Eucalyptus Genome Network (EUCAGEN)
Matias Kirst
University of Florida. Gainesville. USA

16:45 h La importancia de las redes internacionales y la colaboración entre el sector público y privado para la secuenciación del genoma de plantas
The importance of international networking and private-public collaboration for achieving plant genome sequencing

Pere Puigdoménech

IBMB, Laboratorio de Genética Molecular Vegetal CSIC-IRTA. Barcelona. Spain

17:15 h Iniciativa internacional para la secuenciación del genoma de conífera
International initiative for conifer genome sequencing

David Neale

University of California. Davis. USA

18:00 h Clausura / *Closing ceremony*