

# La Iniciativa Catalana per a l'*Earth Biogenome Project*

**Nous camins per tal de conèixer i preservar la biodiversitat que ens envolta**

TEXT I IMATGES : Jaume Pellicer

*Conèixer la biodiversitat que ens envolta és fonamental per a afrontar les conseqüències de l'actual crisi climàtica i la pèrdua continuada d'hàbitats. Davant d'aquest escenari, es fa palesa la necessitat d'actuar i preservar els ecosistemes del nostre entorn, i també, tota la biodiversitat que acullen. Una de les maneres més eficaces de conèixer en profunditat les espècies que viuen al nostre planeta és a través de l'estudi del seu genoma<sup>1</sup>.*

*Els avenços en el desenvolupament d'eines que permeten llegir amb gran fidelitat la seqüència d'ADN d'un organisme han estat claus per a plantejar grans iniciatives globals com l'Earth Biogenome Project (EBP), o alguns dels seus projectes afiliats, com la Iniciativa Catalana per a l'EBP, entre d'altres. Aquests consorcis neixen amb l'objectiu de generar una gran biblioteca digital de genomes de referència en organismes eucariòtics<sup>2</sup>, que estigui a l'abast de la comunitat científica i al servei de la societat.*

*La Iniciativa Catalana per a l'EBP (CBP) tindrà, aleshores, un paper fonamental com a contribució a l'estudi i la catalogació del genoma d'espècies d'interès distribuïdes al llarg de la conca mediterrània, en els territoris de parla i cultura catalanes..*

Responsabilitat i precaució amb les plantes

<sup>1</sup>Genoma: el genoma d'un organisme fa referència al contingut de material genètic de la cèl·lula en forma d'àcid desoxiribonucleic (ADN).

<sup>2</sup>Organismes eucariòtics: organismes unicel·lulars o pluricel·lulars que presenten un nucli definit, entre els quals trobem els fongs, les plantes i els animals.

La vida al nostre planeta es troba en constant evolució, formant una complexa xarxa d'organismes que ha anat canviant a mesura que han aparegut innovacions clau al llarg del temps. Durant milions d'anys, aquesta acumulació de noves variants, de modificacions, ha contribuït a l'aparició d'una extraordinària diversitat d'organismes i ecosistemes. Nosaltres, els éssers humans, sempre hem tingut la necessitat de classificar i quantificar la diversitat que ens envolta, així com d'intentar entendre quins han estat els mecanismes biològics que han tingut un paper fonamental durant la seva evolució. Naturalistes tan rellevants com Carl Linnaeus foren pioners a establir sistemes de classificació taxonòmica, ja al segle XVIII, amb contribucions tan importants com el famós *Species Plantarum* [1]. De fet, el sistema de nomenclatura binomial que ell desenvolupà continua essent utilitzat avui en dia. La taxonomia, però, ha sofert una gran revolució pel que fa referència a les eines emprades per a la classificació i l'ordenació de les espècies. Durant molts anys, aquesta tasca s'havia basat únicament en l'estudi de caràcters morfològics. Actualment, això no obstant, aquesta no s'entén si no va lligada a l'anàlisi de seqüències d'ADN. De fet, alguns estudis han posat de manifest la necessitat d'actualitzar els sistemes de classificació taxonòmica, ja que individus morfològicament semblants poden pertànyer a llinatges evolutius diferents [2]. Un exemple és el cas del nelumbe -o lotus de l'Índia- (*Nelumbo nucifera*),

una planta que morfològicament és molt semblant als nenúfars (*Nymphaea* spp.), i que tradicionalment s'havia classificat dintre del mateix grup, però l'anàlisi de seqüències d'ADN ha posat de manifest que presenta moltes més afinitats evolutives amb els plataners (*Platanus* spp.) que ens donen ombra als carrers de les ciutats (Figura 1). Exemples com aquest il·lustren el paper tan important que té l'ús de les diferents tecnologies de seqüenciació i d'anàlisi de l'ADN, així com el seu potencial com a factor clau a l'hora d'avaluar i entendre millor la biodiversitat.

El desenvolupament d'una metodologia que ens permetés determinar la disposició exacta de les bases nitrogenades que conformen la molècula de l'ADN va ser reconegut amb el Premi Nobel al seu descobridor, l'investigador Frederick Sanger. Tot i que actualment encara continuem utilitzant la seva tècnica, l'arribada d'una nova generació de tecnologies de seqüenciació de l'ADN d'alt rendiment, amb capacitat de produir un volum de dades impensable fins al moment, junt amb la gran explosió d'eines computacionals per a la seva anàlisi, han significat una revolució en la recerca científica, que ara gaudeix d'una capacitat d'explorar el genoma fins fa poc inimaginable, més enllà dels organismes model. Aquests avenços han obert les portes a l'estudi de la biodiversitat de forma global.

El coneixement de la biodiversitat que ens envolta és fonamental per afrontar les conseqüències de l'actual crisi climàtica, de l'explotació irracional



Figura 1. El nelumbe (*Nelumbo nucifera*, imatge central) és una planta morfològicament semblant als nenúfars (*Nymphaea alba*, esquerra), però genèticament emparentada amb el plàtan d'ombra (*Platanus acerifolia*, dreta).



de recursos i de la pèrdua continuada d'hàbitats i, conseqüentment, d'espècies. Davant d'aquest escenari, es fa palesa la necessitat d'actuar i preservar els ecosistemes del nostre entorn, utilitzar d'una manera responsable els recursos que ens proveeixen i, també, consensuar polítiques i estratègies de conservació de les espècies que hi habiten. L'any 2017, un consorci d'investigadores i investigadors nord-americans impulsà la creació de l'*Earth Biogenome Project (EBP)*, amb l'objectiu principal de catalogar i seqüenciar el genoma dels organismes eucariotes del planeta [3,4]. Un esforç de magnitud mai vista, que actualment requereix l'aliança i el treball en col·laboració de gran part de la comunitat científica internacional. Aquesta iniciativa té un gran potencial per revolucionar el coneixement de la biologia i l'evolució, amb implicacions tant per a la conservació dels ecosistemes com per al benestar humà en un context de canvi global. Aquest banc de dades genètic global serà clau per resoldre qüestions sobre l'evolució dels organismes eucariotes, i ens permetrà abordar qüestions tant de ciència bàsica com aplicada, amb implicacions, per exemple, en camps tan diversos com l'economia i la medicina, a través de l'estudi de molècules d'interès d'origen natural. Aquesta iniciativa fou aclamada a escala mundial i, actualment, disposa d'un gran nombre de projectes afiliats; un d'ells és la Iniciativa Catalana per a l'EBP, (CBP, *Catalan Biogenome Project*, [www.biogenoma.cat](http://www.biogenoma.cat)). La CBP és un consorci creat des de la Societat Catalana de Biologia i la Institució Catalana d'Història Natural, filials de l'Institut d'Estudis Catalans, que compta amb la implicació directa d'investigadors i investigadores de centres de recerca i universitats d'arreu dels territoris de parla catalana (Andorra, Catalunya, Catalunya del Nord, Illes Balears i País Valencià). Els seus participants representen un ventall d'interessos científics molt variat, que abasta des d'interessats en l'estudi de grans grups taxonòmics, incloent animals vertebrats i invertebrats, protists i plantes, fins a especialistes en els camps de la citogenètica, la genòmica i la bioinformàtica.

L'àmbit de treball d'aquest consorci està centrat en l'estudi i la catalogació del genoma d'espècies d'interès distribuïdes al llarg de la conca mediterrània, en els territoris de parla i cultura catalana. El nostre territori presenta un elevat índex de biodiversitat, afavorit per la complexitat geològica i la varietat climàtica que hi trobem, que inclou des d'ecosiste-



**Figura 2.** Inflorescència de la camamilla de muntanya (*Achillea ptarmica* subsp. *pyrenaica*).

mes marins fins als cims més elevats del sistema pirinenc, amb un elevat índex d'organismes que sols es poden trobar al nostre territori (endèmics). Un projecte d'aquest caire necessita la col·laboració d'especialistes en camps molt diversos de recerca, atesa la complexitat i els reptes associats amb la seqüenciació d'un genoma. Per exemple, la grandària del genoma, és a dir, com de llarga és la cadena d'ADN que s'ha de seqüenciar, és un factor limitant, ja que influirà no sols en la despesa associada al volum de seqüenciació, sinó també en la infraestructura computacional necessària per al seu assemblatge. Un altre factor limitant és el nombre de còpies del genoma presents en un nucli, que quan hi ha més de dues còpies, es coneix com poliploidia, i que en molts casos és conseqüència de l'encreuament entre dues espècies, també conegut com hibridació. És, aleshores, un altre tret a tenir en compte pel nivell de complexitat que afegeix a l'estructura del genoma, fet que pot complicar la seva seqüenciació. En general, però, la incidència de la poliploidia és relativament limitada entre els animals. En canvi, en les plantes es considera un motor de la seva evolució, amb conseqüències directes en la grandària del genoma [5].

Un dels centres d'investigació que participa al CBP és l'Institut Botànic de Barcelona, on l'equip de la Dra. Teresa Garnatje s'encarrega actualment de gestionar la seqüenciació d'una espècie icònica dels Pirineus, la camamilla de muntanya (*Achillea ptarmica* L. subsp. *pyrenaica* (Figura 2). Aquesta planta pertany a la família de les asteràcies, on hi trobem

espècies molt conegudes com el gira-sol o la carxo-fa. En particular, la camamilla de muntanya, com les altres espècies anomenades popularment camamilles, és coneguda per les seves múltiples aplicacions tradicionals (per a trastorns digestius o per posar a la ratafia, entre d'altres), que d'alguna forma han contribuït al fet que sigui recol·lectada àmpliament al territori, fet que ha fet minvar algunes de les seves poblacions. L'objectiu, doncs, d'aquest projecte és estudiar el seu genoma i obtenir informació sobre les possibles rutes de biosíntesi de molècules d'interès amb activitat farmacològica. A banda d'aportar evidències que permetin utilitzar aquestes biomolècules, podem investigar la seva presència en tàxons propers per tal d'alleugerir les pressions de recol·lecció sobre l'espècie i poder conservar les seves poblacions.

En resum, la Iniciativa Catalana per a l'EBP representa un paraigua de col·laboració incomparable a escala regional. Un espai de recerca integradora, on disciplines molt variades tindran un punt de trobada amb un objectiu clar i necessari: donar a conèixer la biodiversitat que ens envolta per tal de poder implementar eficientment les estratègies necessàries per preservar-la.

**Jaume Pellicer** és llicenciat en biologia per la Universitat de València i doctor en biologia per la Universitat de Barcelona. Actualment és investigador del programa "Ramón y Cajal" a l'Institut Botànic de Barcelona, IBB (CSIC-Ajuntament de Barcelona), on, properament, s'incorporarà com a Científic titular. La seva recerca es centra, entre d'altres, en l'estudi de l'origen i evolució dels genomes gegants en les plantes terrestres. [Més ...](#)

## REFERÈNCIES

- [1] Linnaeus, C. 1753. Species Plantarum. Vol. 1. London. Pp. 392.
- [2] Cicconardi, F., Fanciulli, P.P. & Emerson, B.C. 2013. Collembola, the biological species concept and the underestimation of global species richness. Mol. Ecol. 22: 5382-5396.
- [3] Lewin, H.A., Robinson, G.E., Kress, W.J., Baker, J.B., Coddington, J., Crandall, K.A., Durbin, R., Edwards, S.V., Forest, F., Gilbert, M.T., Goldstein, M.M., Grigoiev, I.V., Hackett, K.J., Haussler, D., Jarvis, E.D., Johnson, W., Patrinos, A., Richards, S., Castilla-Rubio, J.C., van Sluys, M., Soltis, P.S., Xu, X., Yang, H. & Zhang, G. 2018. Earth Biogenome Project: sequencing life for the future of life. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 115: 4325-4333.
- [4] Lewin, H.A., Richards, S., Lieberman Aiden, E. & Zhang, G. 2022. The Earth Biogenome Project 2020: starting the clock Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 119: e2115635118.
- [5] Pellicer, J., Hidalgo, O., Dodsworth, S. & Leitch, I.J. 2018. Genome size diversity and its impact on the evolution of land plants. Genes 9: 88.