

Descifrando el genoma de la encina: por qué, para qué y cómo

Rey MD*, Tienda-Parrilla M, Ruíz-Fernández A, Castillejo MA, Maldonado-Alconada AM, Jorrín-Novo JV*

Bioquímica, Proteómica y Biología de Sistemas Vegetal y Agroforestal, Departamento de Bioquímica y Biología Molecular. Universidad de Córdoba, UCO-CeiA3, 14014 Córdoba, España

*b52resam@uco.es; bf1jonoj@uco.es



La biotecnología se presenta como una estrategia válida a integrar en los programas de manejo, conservación y explotación de los ecosistemas forestales y, más concretamente, en el de la dehesa/montado. Nuestro grupo ha venido trabajando en esta dirección en los últimos 25 años. Dos son las líneas y objetivos prioritarios, los programas de mejora basados en la selección asistida por marcadores moleculares, y el uso alimentario e industrial de la bellota y productos derivados. Pretendemos caracterizar genotipos, genes, productos génicos y mecanismos asociados a la resiliencia a condiciones ambientales adversas relacionadas con la seca y cambio climáticos, y con la producción de bellotas de alto valor nutricional y nutracéutico. Siguiendo el dogma central de la biología molecular y en la dirección de la Biología de Sistemas, empleamos las diferentes técnicas -ómicas, siendo estas integradas con otras de morfometría, microscopía, fisiología y bioquímica clásica (Maldonado-Alconada et al., 2022). La reciente secuenciación del genoma de la encina por nuestro grupo ha supuesto un hito investigador para la especie. A partir del genoma identificamos genes o familias génicas asociados a fenotipos de interés, resiliencia, producción. Los análisis transcriptómico, proteómico y metabolómico nos ayudan a entender los mecanismos de respuesta a estreses y la biosíntesis de metabolitos que determinan el valor industrial y alimenticio de la bellota. Se proponen genes marcadores para su uso en programas de mejora y se identifican variantes alélicas presentes en individuos élite. Este conocimiento podría ser fundamental para desarrollar estrategias de reforestación, manejo, conservación y explotación de la dehesa.

Introducción

Los bosques de *Quercus* han formado parte de nuestra geografía, vida y medios de subsistencia desde la antigüedad, constituyendo un patrimonio y una herencia que deben preservarse para las generaciones futuras. El elemento clave de los ecosistemas forestales mediterráneos es la **encina (*Quercus ilex* L.)**. Como especie predominante y más representativa de la geografía andaluza, y elemento definitorio del sistema agrosilvopastoral dehesa/montado, juega un **papel clave en nuestro medio ambiente y economía**, especialmente en el medio rural.

La **encina** se considera un **buen candidato para la forestación debido a su alta adaptabilidad a nuestras condiciones climáticas**, tolerancia a la sequía y plasticidad de respuesta a condiciones edáficas variables. Sin embargo, es un hecho constatado que la encina, y por tanto la dehesa/montado, se enfrentan a **graves problemas que ponen en peligro su conservación y aprovechamiento**. Factores como el envejecimiento de los árboles, la sobreexplotación y escasa regeneración, la pérdida de subvenciones y el efecto de estreses bióticos y abióticos, entre los que destacan patógenos (como *Phytophthora cinnamomi*), las altas temperaturas y los largos periodos de sequía, están amenazando a la especie, contribuyendo, en mayor o menor medida, al denominado **síndrome de la Seca**, proponiéndose a *P. cinnamomi* y la sequía como principales agentes causales (Figura 1). Además, esta situación puede agravarse en un escenario de cambio climático.

Por ello, urge **poner en marcha estrategias de conservación, gestión y reforestación**, en las que la **biotecnología** puede realizar importantes aportaciones. Entre las alternativas biotecnológicas la más realista para ser utilizada con esta especie es la **explotación de la variabilidad natural y la selección de genotipos élite o plus**. Con ello, se **seleccionarán aquellos individuos que muestren mayores tasas de germinación, con una alta producción de bellotas y rasgos de calidad deseables relacionados con valores nutricionales y nutracéuticos, así como la adaptación a estreses bióticos y abióticos**.

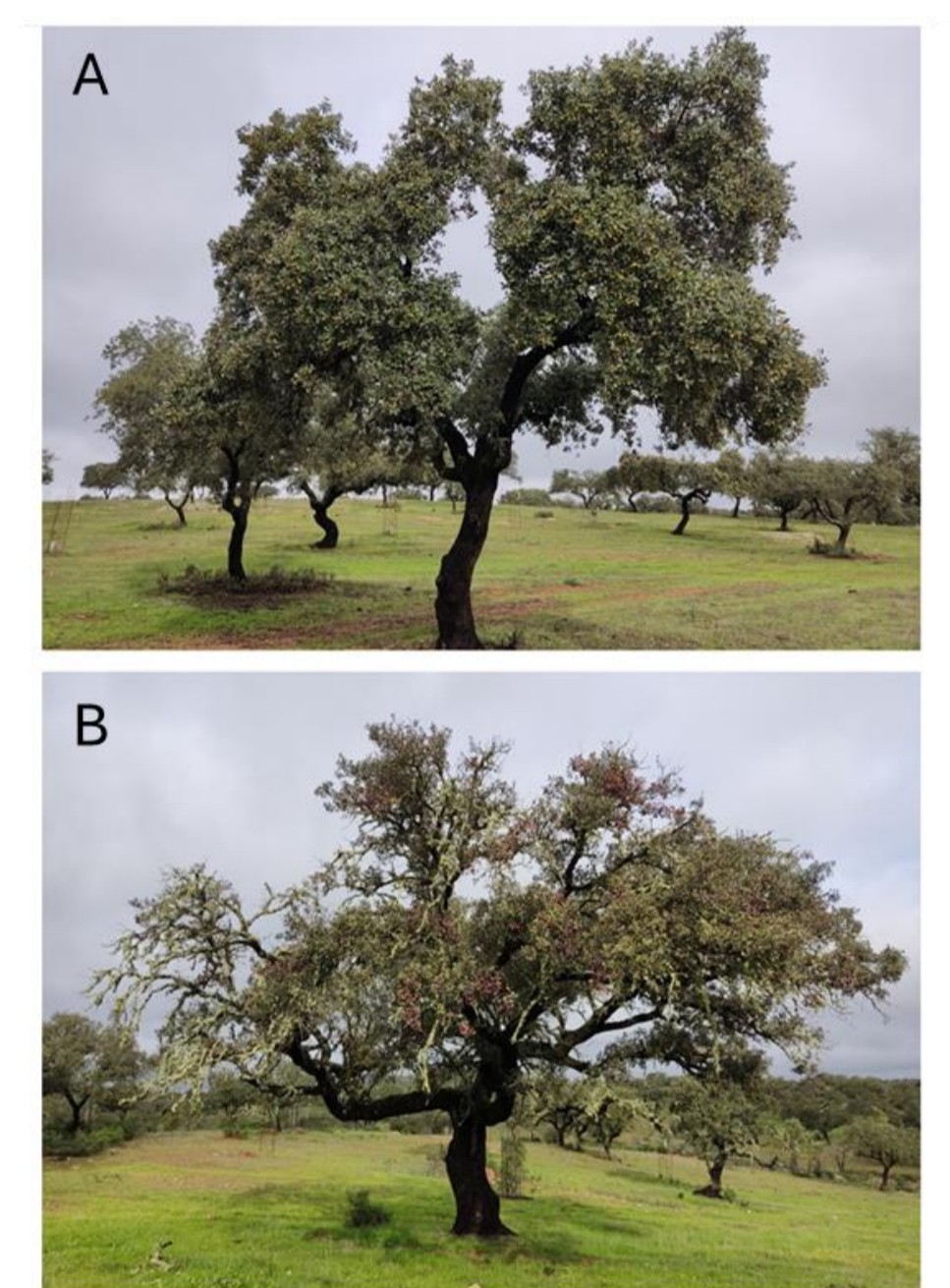


Figura 1. Individuo asintomático (A) e individuo sintomático (B) de *Q. ilex*

Líneas de investigación

- Los programas de mejora basados en la selección de genotipos élite asistidos por marcadores moleculares y en el tratamiento con bioestimulantes.
- El uso alimentario e industrial de la bellota y productos derivados.

Resultados

Se han anotado un total de **39.443 genes codificadores de proteínas** en el primer borrador del genoma de *Q. ilex* (Rey et al. 2023). Del total, 1206 son específicos de *Q. ilex*, no encontrándose en otras especies del género *Quercus* (*Q. suber*, *Q. robur*, *Q. variabilis*), forestales (*Juglans regia*, *Populus trichocarpa*) o la herbácea modelo *Arabidopsis thaliana*. El conocimiento del genoma permite la anotación funcional e identificación de genes de interés relacionados con los estreses asociados al síndrome de la Seca y propiedades nutricionales y nutracéuticas del fruto, así como la validación de datos ómicos (transcriptómica, proteómica y metabolómica) generados previamente (Maldonado-Alconada et al. 2022).

Proponemos un panel de **29 genes candidatos** para ser utilizados como marcadores moleculares para ser utilizados en programas de mejora. Son genes implicados en el metabolismo de los carbohidratos, la vía fenilpropanoide y su extensión a ligninas, flavonoides, taninos, enzimas antioxidantes, proteasas, y otras descritas como proteínas de respuesta a estrés. Todos ellos están vinculados a la aclimatación y adaptación a estreses ambientales, incluyendo los asociados al síndrome de la Seca y cambio climático. Como ejemplo, destacamos el gen de la chalcona sintasa (CHS) por su sobreexpresión en respuesta a la inoculación con *P. cinnamomi* en plántulas de encina de 6 meses de edad (Figura 2).

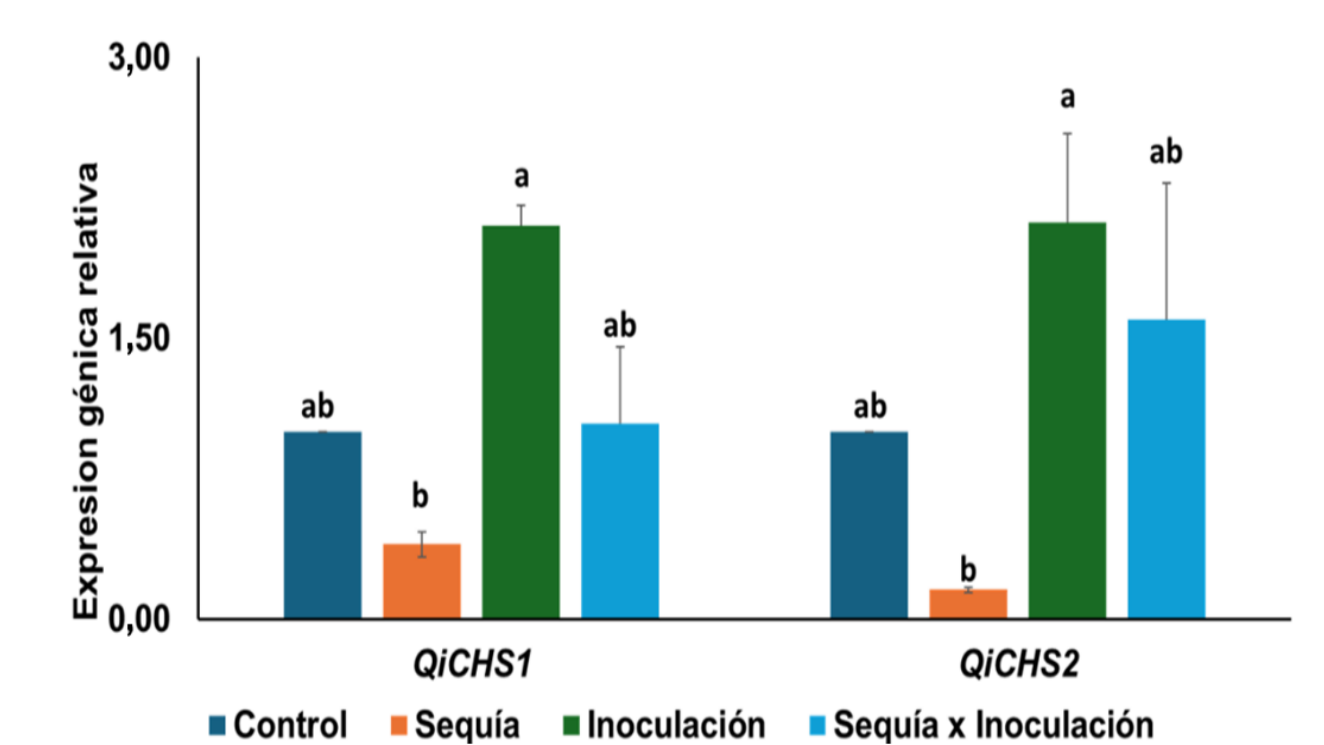


Figura 2. Perfil de expresión del gen *CHS* en plántulas de *Q. ilex* sometidas a condiciones de estrés individual (sequía o inoculación con *P. cinnamomi*) y combinado (sequía x inoculación con *P. cinnamomi*).

La **harina de bellota** presenta un alto **valor nutricional y nutracéutico**. Presenta un **alto contenido en fibra, hierro, proteínas, carbohidratos complejos y carecen de gluten** (Tabla 1). Además, este fruto destaca por sus **propiedades antioxidantes y antimicrobianas** (Figura 3), así como por su **perfil lipídico comparable al del aceite de oliva** (Tabla 2). Entre los compuestos bioactivos presentes en *Q. ilex*, los fenoles, especialmente los **flavonoides**, son los más abundantes. Asimismo, las bellotas contienen una notable cantidad de **taninos**, lo que les confiere un aroma acre y un sabor astringente característico. Estos compuestos ofrecen beneficios para la salud humana, destacando por sus propiedades antiproliferativas y anticancerígenas (Figura 3). Estas características hacen que las bellotas sean atractivas para su uso como fruto seco, harina o aceite culinario. Además, el grupo de investigación ha identificado individuos que producen bellotas dulces y muy dulces, cuyas propiedades nutricionales y compositivas están siendo evaluadas con el fin de explorar su potencial en la industria alimentaria.

Tabla 1. Composición química de bellotas de 60 individuos de encina determinada mediante análisis NIRS.

Cenizas (%)	Proteínas (%)	Grasa (%)	Azúcares (%)	Fenólicos (%)	Fibras (%)	Almidón (%)
1.99 ± 0.06	5.41 ± 0.12	10.42 ± 0.32	7.8 ± 0.46	1.03 ± 0.04	2.30 ± 0.01	65.46 ± 0.54
(0.75-3.34)	(2.76-7.43)	(2.07-17.72)	(2.20-18.04)	(0.11-2.41)	(2.06-2.62)	(53.21-76.12)

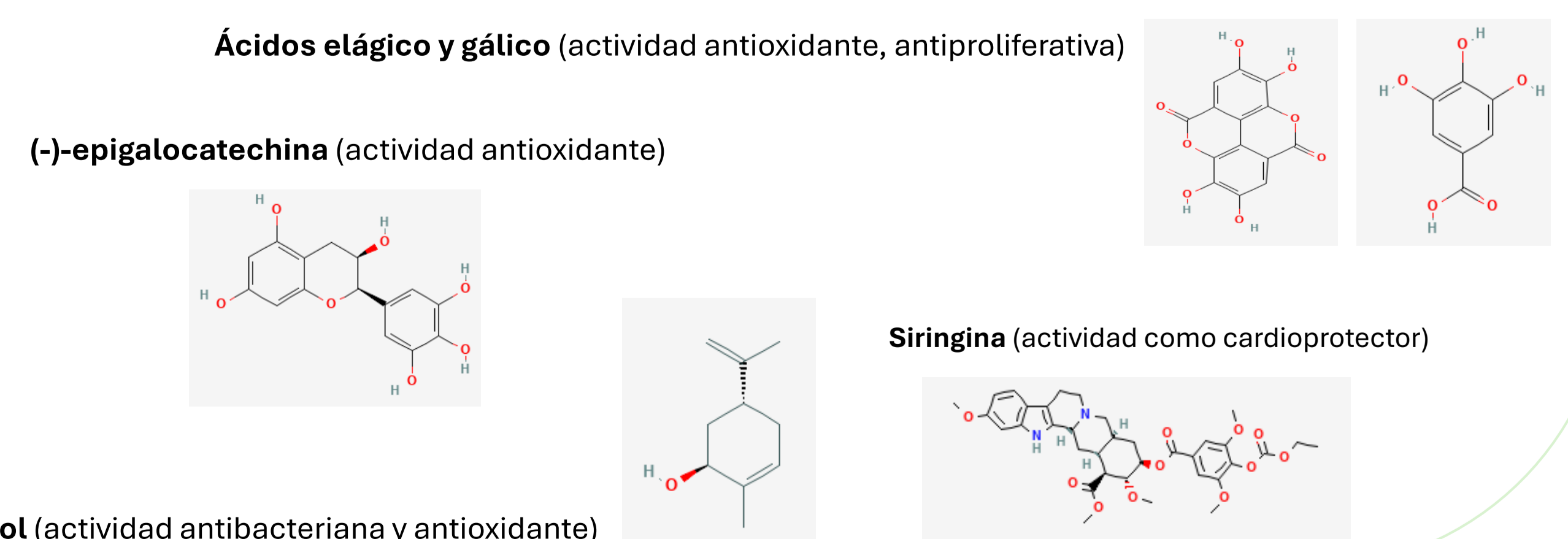
Los datos corresponden a la media ± al error estándar (mínimos-máximos)

Tabla 2. Perfil de ácidos grasos obtenido a partir de bellotas de 60 individuos de encina determinada mediante análisis NIRS.

Ácido palmítico (%)	Ácido esteárico (%)	Ácido oleico (%)	Ácido linoleico (%)
22.49 ± 0.49	2.49 ± 0.11	66.69 ± 0.55	13.26 ± 0.50
(16.15-37.12)	(0.42-4.08)	(54.95-77.22)	(0.78-22.33)

Los datos corresponden a la media ± al error estándar (mínimos-máximos)

Figura 3. Compuestos fenólicos abundantes en la bellota de *Q. ilex*.



Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por ENCINOMICS-3 PID2022-141599OB-I00 del Ministerio de Economía y Competitividad de España, y ProyExcel_00881 de la Consejería de Transformación Económica, Industria, Conocimiento y Universidades de la Junta de Andalucía. M. Tienda-Parrilla: contrato FPU21/02298.

Referencias: Maldonado-Alconada et al. (2022). Int. J. Mol. Sci. 23:9980; Rey et al. (2023). Front Mol Biosci 10:1242943.