



Principado de
Asturias



Nota de prensa

Viernes, 14 de noviembre de 2025

El Serida secuencia el primer genoma completo de la Faba Granja Asturiana y avanza en su mejora y conservación

- Este trabajo permitirá desarrollar variedades más productivas y adaptadas a las necesidades del sector
- El estudio, financiado por el Principado y los fondos Feder, contribuirá a la construcción del *pangenoma* de la judía común

Investigadores del equipo de Genética Vegetal del Servicio Regional de Investigación y Desarrollo Agroalimentario (Serida) han publicado una primera versión del genoma de la variedad Faba Granja Asturiana, un avance clave para la mejora genética y la conservación de la legumbre más emblemática de Asturias.

El trabajo, que se ha publicado en la revista *Data in Brief* bajo el título *Chromosome-level dataset from de novo assembly of a Fabada common bean genotype using Illumina and PacBio technologies*, es resultado del proyecto Sustcrop y lo firman los investigadores del equipo de Genética Vegetal María Jurado, Juan José Ferreira y Ana Campa, que han contado con la colaboración del investigador José Vicente Die, de la Universidad de Córdoba.

El grupo considera este trabajo “un avance clave para la mejora genética y conservación de la variedad. Nos permitirá identificar con mayor precisión sus características, estudiar la evolución de la especie y aportará una base sólida para optimizar y acelerar los programas de mejora genética, impulsando el desarrollo de variedades más productivas, resistentes y adaptadas a las necesidades del sector agroalimentario”.

Resulta fundamental disponer de genomas de referencia para los programas de mejora genética vegetal ya que proporcionan una base molecular precisa para comprender su ADN (la estructura, función y variabilidad). Esta información permite identificar la red de genes asociados a características agronómicas clave, como el rendimiento, la resistencia a enfermedades, la tolerancia al estrés o la calidad del fruto. Esto facilita desarrollar herramientas para hacer una gestión más eficiente y agilizar los programas de mejora.

Nota de prensa

Hasta la fecha, se habían publicado en el *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) los genomas completos de nueve variedades diferentes de judía común (*Phaseolus vulgaris*). El genoma de Faba Granja Asturiana (variedad *Andecha*) se suma ahora a este conjunto, que contribuirá a la construcción del *pangenoma* de la judía común, es decir, el catálogo completo de genes que existen dentro de la especie.

Este conocimiento también permitirá identificar con mayor precisión las características genéticas propias de la Faba Granja Asturiana que no siempre se reflejan en el genoma de referencia de la especie, y que controlan, por ejemplo, el tamaño de semilla, la calidad de grano o su susceptibilidad a plagas y enfermedades.

El equipo investigador trabaja ya en la publicación de la anotación del genoma, un proceso que consiste en identificar y describir los genes presentes en cada cromosoma y sus posibles funciones biológicas. Este paso complementará el ensamblado actual y aportará una visión aún más detallada de la base genética que hace que las características morfológicas de esta variedad local sean únicas en la especie.

Apoyo institucional y financiación

Este trabajo ha sido financiado por el Gobierno del Principado de Asturias en el marco del Plan de Ciencia, Tecnología e Innovación, y su publicación científica ha sido financiada por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades y la Agencia Estatal de Investigación, en ambos casos con el apoyo de fondos Feder.

El artículo de la revista *Data in brief* se puede consultar en el siguiente enlace: <https://goo.su/luFV8>

También está disponible en acceso abierto en este enlace <https://goo.su/edLcB>

Las secuencias genómicas pueden consultarse en el NCBI a través de este enlace <https://goo.su/47A7B>