

La aventura de aprender a leer jugando

LOS CACHORROS DE LA GRANJA

Consigue con FARO DE VIGO esta divertida colección de cuentos con historias y actividades que fomentan la imaginación y las ganas de leer mientras aprenden jugando



Por solo

Cuento
+ peluche6,95
+ cupón
del día
€

PRÓXIMA ENTREGA

El perrito Roco

Sábado 9 de julio

Existencias limitadas a 2.000 unidades / entrega



El potro Pepe



16 de julio

El pollito Luis



23 de julio

La oca Julieta



30 de julio

Suscriptores:

Colección completa 14 entregas 60 €
Pedidos en el teléfono 902 464 500Entrega gratuita
a domicilioFARO DE VIGO
Contigo, cada día más

FERNANDO CRUZ ■ Descifrador del genoma del olivo

“El genoma del olivo ayudará a mejorar la producción y la resistencia a enfermedades”

“La mayor sorpresa ha sido encontrarnos con unos 56.000 genes, más del doble que en los humanos”, afirma el investigador vigués

AMAIA MAULEÓN ■ Vigo

La noticia del descubrimiento, esta semana, del genoma completo del olivo, tiene acento gallego. De la ciudad olívica es el doctor en Biología Fernando Cruz, el primer autor de la publicación científica que ha dado a conocer este hallazgo realizado conjuntamente por el Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, el Real Jardín Botánico de Madrid (CSIC) y el Centro Nacional de Análisis Genómico de Barcelona (CNAG), en el que trabaja el vigués desde 2014. Cruz realizó su tesis en el departamento de Bioquímica, Genética e Inmunología de la Universidad de Vigo y, después, investigó el genoma del salmón Atlántico en el Trinity College (Dublín). Tras ello, se trasladó al Centro de Biología Evolutiva de la Universidad de Uppsala, en Suecia, donde estudió el efecto de la selección durante la domesticación del perro y, después, al Grupo de Bioinformática Evolutiva de la Universidad de Lausanne en Suiza, para participar en estudios de Genómica Comparada en Mamíferos.

—¿Cuándo comenzó la investigación para conseguir el genoma del olivo?

—En 2012, Toni Gabaldón, investigador del CRG, participaba junto a Pablo Vargas, investigador del CSIC en el Real Jardín Botánico, en la presentación de resultados científicos de proyectos sobre especies amenazadas, como el lince ibérico. Entonces, Pablo Vargas propuso al que era presidente del Banco Santander, Emilio Botín, que financiara la secuenciación completa del genoma del olivo empleando exactamente la misma metodología que se empleó en la secuenciación del lince. Ambas son especies emblemáticas en la Península Ibérica y Botín aceptó. En 2013 se secuenció el ADN de un olivo de unos 1.000 años de edad en el CNAG y en 2014 comenzamos el ensamblaje de su genoma, un trabajo que nos llevó cerca de dos años.

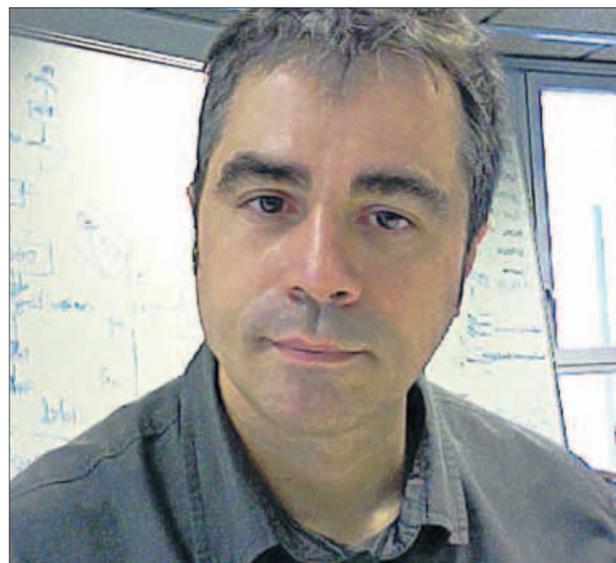
—¿Cuáles fueron las mayores complicaciones?

—El genoma del olivo tiene una elevada variabilidad genética (dentro de un mismo individuo encontramos, más a menudo de lo habitual, dos versiones alternativas de un mismo gen) y además es bastante repetitivo (muchos genes poseen múlti-

ples copias). Esto complica tremendamente el proceso de ensamblaje, que consiste en ordenar la totalidad del ADN de un organismo, lo que llamamos genoma.

—Han comenzado con una variedad de olivo, ¿se continuará con otras?

—Sí, la idea del proyecto es analizar otras variedades que se han secuenciado aquí, en el CNAG, y estudiar tanto la historia evolutiva de la especie como la base genética de su domesticación.



El biólogo Fernando Cruz, en el Centro Nacional de Análisis Genómico de Barcelona, donde trabaja.

“Este contrato de cinco años es lo más estable que he tenido hasta ahora”

—¿La secuenciación ha resultado como la esperaban o ha sorprendido por algo?

—Tras el ensamblaje nos encontramos un elevado número de genes, unos 56.000, cuando en humanos hay alrededor de 20.000. Aunque el número de genes en plantas varía entre 22.000 y 66.000, también podría deberse a un error durante el ensamblaje. Sin embargo, hemos comprobado que esto no es así, no es un artefacto sino una realidad. El olivo parece haber experimentado la duplicación de un gran número de genes o incluso de la totalidad de su genoma.

—¿Cuáles son las principales “enfermedades” que afectan al olivo y qué ventajas tendrá para combatirlas el conocimiento de su genoma?

—Una de las principales enfermedades es la verticilosis. *Verticillium dahliae* es un hongo patógeno de las plantas que afecta tremendamente al olivo. Actualmente existe un geno-

ma de referencia del *Verticillium* en las bases de datos públicas (p.e.j. GenBank). Teniendo ambos genomas de referencia será posible estudiar la interacción entre ambos y la respuesta del olivo a la infección.

—¿Podremos conocer el secreto de la longevidad del olivo por su ADN?

—Realmente es complicado saber si podemos encontrar la clave a la longevidad del olivo solamente en su genoma. Hay otras especies de árboles longevas con genomas enormes, como el del abeto, que han sufrido

duplicaciones. Se ha especulado sobre su posible relación con la longevidad pero, teniendo en cuenta la diversidad existente en plantas, no parece posible decir nada concluyente al respecto.

—¿Cuáles son las principales aplicaciones que prevén tras este logro?

—Aunque nosotros estamos más interesados en la historia evolutiva y las bases genéticas de la domesticación, el genoma de referencia del olivo es ahora un recurso que puede ayudar a los grupos de mejora genética de plantas a refinar los programas

de selección para esta especie de cara a mejorar la producción de aceites y aceitunas. Tanto en características de interés comercial como de resistencia a enfermedades. Esto puede resultar crucial ya que los olivos no alcanzan la madurez y comienzan a producir aceitunas hasta que cumplen los 35 años aproximadamente.

—Este proyecto ha tenido una financiación exclusivamente privada, ¿se necesita una mayor implicación de este tipo?

—Resulta fundamental aumentar la financiación tanto pública como privada de la ciencia y la investigación en España. En otros países como Suecia, es mucho más habitual, tanto para proyectos de ciencia aplicada como de investigación básica, que generen una gran base de conocimiento crucial.

—¿Qué expectativas tiene en el Centro Nacional de Análisis Genómico?

—De momento tengo un contrato de cinco años, lo más estable desde que acabé la tesis, y me encantaría poder quedarme aquí más tiempo porque tengo la oportunidad de trabajar en proyectos de genomas muy distintos, como el lince, el almendro y el mejillón, que estamos realizando junto a la Universidad de Vigo.