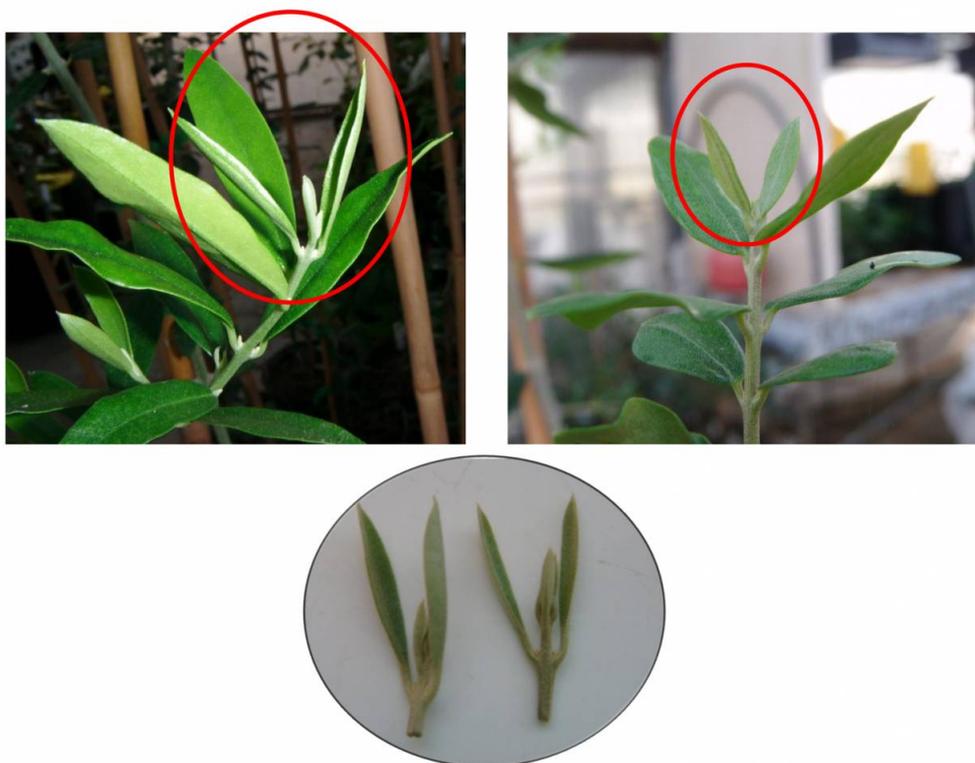


Describen por primera vez los genes del olivo

Un grupo interdisciplinar de científicos, entre los que se encuentra personal investigador de la Universidad de Jaén, ha descrito por primera vez el transcriptoma del olivo, es decir, la parte del genoma donde se hayan la mayoría de genes y de mayor información relevante, lo que va a facilitar el desarrollo de proyectos relacionados con la mejora de este árbol y la calidad de su fruto.

UJA

13/2/2013 17:00 CEST



Tipos de muestras estudiadas en el trabajo. / UJA.

Un trabajo internacional, en el que participa la Universidad de Jaén, ha desarrollado un estudio durante los últimos tres años en el que han conseguido describir por primera vez el transcriptoma del olivo, es decir, la parte del genoma donde se hayan la mayoría de genes y de mayor información relevante. El estudio, que publica la revista *DNA Research Advance Access*, servirá de herramienta útil para el desarrollo de proyectos

para conseguir una mayor eficiencia y una reducción de costes a la hora de obtener nuevas variedades mejoradas

Concretamente, se ha secuenciado el 80% de los genes del olivo que están relacionados con el tamaño del árbol, su entrada en producción y la maduración de la aceituna.

“Por primera vez se describen la mayor parte de genes que tiene el olivo, se identifican y anotan las funciones que tienen, lo que va a servir de herramienta a la comunidad científica para desarrollar aplicaciones concretas para distintos problemas”, asegura Francisco Luque, que explica que este trabajo beneficiará directamente a los diferentes proyectos de mejora genética que se desarrollan en Andalucía, “pues redundará en una mayor eficiencia y una reducción de los costes a la hora de obtener nuevas variedades mejoradas”.

Este trabajo ha estudiado distintos tejidos del olivo en diferentes circunstancias posibles, utilizando muy diversos como frutos, raíces, hojas o semillas

Para este trabajo se han estudiado distintos tejidos del olivo en diferentes circunstancias posibles, utilizando muy diversos como frutos, raíces, hojas o semillas, en distintos momentos del desarrollo, tanto del fruto como del árbol, de las variedades picual, arbequina y lechín, de Sevilla.

“Solamente hemos detectado los genes que son utilizados por las células en cada tejido y momento del desarrollo analizados”, especifica el profesor del Departamento de Biología Experimental de la UJA.

Esta investigación se enmarca en el proyecto Oleagen, iniciado en 2008 y financiado por la Fundación Genoma España, IFAPA y Corporación Tecnológica de Andalucía (CTA), cuyo fin era generar el mapa genético del olivo para conseguir información clave para obtener variedades de olivar que garanticen explotaciones más productivas y rentables, así como aceites de mayor calidad o con características más beneficiosas para la salud.

Referencia bibliográfica:

Antonio Muñoz-Mérida, Juan José González-Plaza, Andrés Cañada, Ana María Blanco, María del Carmen García-López, José Manuel Rodríguez, Laia Pedrola, M. Dolores Sicardo, M. Luisa Hernández, Raúl De la Rosa, Angjelina Belaj, Mayte Gil-Borja, Francisco Luque, José Manuel Martínez-Rivas, David G. Pisano, Oswaldo Trelles, Victoriano Valpuesta and Carmen R. Beuzón. "De Novo Assembly and Functional Annotation of the Olive (*Olea europaea*) Transcriptome", [DNA Research Advance Access](#). 1-16, 7 de enero de 2013. doi: 10.1093/dnares/dss036.

Copyright: **Creative Commons**

TAGS OLIVAR | GENES | UNIVERSIDAD DE JAÉN |

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)