

Descifrado el genoma completo del olivo, el árbol más emblemático del Mediterráneo

- **Un equipo de científicos de tres centros españoles logra secuenciar por primera vez el genoma completo del olivo.**
- **Los resultados se publican esta semana en la revista de acceso abierto *GigaScience* y abren la puerta a poder contribuir a la mejora genética de la producción de aceitunas y aceite, de gran relevancia en la economía y en la dieta españolas.**
- **El ejemplar secuenciado es un olivo de más de 1300 años de antigüedad de la variedad Farga, una de las más importantes del este de España.**

El olivo es uno de los primeros árboles que se domesticaron en la historia de la humanidad, seguramente hace unos 6000 años. Emblema por excelencia del Mediterráneo, tiene una gran importancia en la economía española y de otros países de esta región (Italia, Grecia, Portugal). No en vano España es el máximo productor de aceite de oliva del mundo. Cada año se elaboran casi tres millones toneladas de aceite, tanto para consumo local como para exportación, de las cuales España produce un tercio.

Sin embargo, hasta el momento se desconocía el genoma del olivo que regula, por ejemplo, las diferencias entre las variedades, tamaños y sabor de las aceitunas, por qué son tan longevos, o las claves de su adaptación al seco.

Ahora un equipo de investigadores del Centro de Regulación Genómica (CRG) de Barcelona, del Real Jardín Botánico de Madrid (CSIC-RJB) y del Centro Nacional de Análisis Genómico de Barcelona (CNAG-CRG), arroja luz sobre el puzle genético del olivo al lograr secuenciar por primera vez el genoma completo de esta especie. Los resultados de este trabajo, financiado íntegramente por el Banco Santander, se recogen esta semana en la vanguardista revista de acceso abierto *GigaScience*. Esta publicación abre las puertas a nuevos trabajos de investigación que servirán para ayudar al olivo, tanto a su desarrollo como a protegerse de infecciones que ahora están causando verdaderos estragos, como son los ataques de bacterias (*Xylella fastidiosa*) y hongos (*Verticillium dhaillae*).

“Es, sin duda, un árbol emblemático cuya mejora vegetal resulta muy difícil puesto que hay que esperar al menos 12 años para ver qué características morfológicas tendrá y ver si resulta o no interesante para hacer, por ejemplo, cruces”, destaca Toni Galbaldón, profesor de investigación ICREA y jefe del grupo de genómica comparativa del CRG, que ha liderado este trabajo. “Conocer la información genética del olivo nos permitirá ahora contribuir a la mejora de la producción de aceites y aceitunas, de gran relevancia en la economía española”, añade.

Financiación privada para apoyar la ciencia pública

La historia de este trabajo empieza con un reconocimiento, una casualidad y un reto. Hace cuatro años, Gabaldón 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 linco ibérico, que ya habían contado con financiación del Banco Santander.

Por entonces el Banco Santander mostraba gran interés en financiar ciencia española y, en un momento durante aquella presentación, Pablo Vargas propuso a Emilio Botín la secuenciación completa del genoma del olivo empleando exactamente la misma metodología que se empleó en la secuenciación del linco, es decir la estrategia tecnológica más vanguardista en la consecución de un genoma de calidad.

Cinco meses después de aquel encuentro, se firmó el contrato para llevar a cabo la primera secuenciación completa del ADN del olivo, una investigación coordinada por Pablo Vargas y que ha durado tres años.

“En la secuenciación de un genoma hay tres fases: la primera, aislar todos los genes, que es algo que ya publicamos hace dos años. La segunda, ensamblar el genoma, que es ordenar esos genes uno detrás de otro, como si concatenáramos frases sueltas de un libro. Y, finalmente identificar todos los genes, es decir montar el libro. Esas dos últimas fases son las que hemos realizado y presentamos ahora”, explica este investigador del Real Jardín Botánico del CSIC.

Siguiendo con la analogía del libro, para Tyler Alioto del CNAG-CRG “este genoma ha generado unos 1,31 mil millones de letras, que son más de 1000 GBytes de datos. Estamos sorprendidos porque hemos detectado más de 56.000 genes, significativamente más que los detectados en genomas secuenciados de plantas relacionadas y el doble que el genoma humano.”

Descifrar su historia evolutiva

Además de la secuenciación completa del genoma del olivo, los investigadores también han comparado el ADN de este árbol milenario con otras variedades como el acebuche (olivo salvaje). Asimismo, han obtenido el transcriptoma, es decir, los genes que se expresan para valorar qué diferencias existen a nivel de expresión génica en hojas, raíces y frutos en diferentes estadios de maduración.

El siguiente paso, señalan, será descifrar la historia evolutiva de este árbol, que forma parte de la vida de las poblaciones del viejo mundo desde que en la Edad de Bronce comenzara un proceso de domesticación a partir del acebuche en el este del Mediterráneo que resultó en los olivos actuales. Posteriores procesos de selección en distintos países del Mediterráneo dieron origen a las cerca de 1000 variedades de cultivo que contamos hoy día.

Conocer la evolución de olivos de distintos países, además, permitirá averiguar sus orígenes y desentrañar las claves que le han posibilitado adaptarse a condiciones medioambientales muy diversas; también, obtener las claves de su extraordinaria longevidad, ya que pueden vivir hasta 3000 y 4000 años.

“De hecho, esa longevidad convierte al olivo que hemos secuenciado casi en un monumento vivo”, señala Gabaldón. “Hasta el momento todos los individuos



secuenciados, desde la mosca del vinagre (*Drosophila melanogaster*) hasta el primer ser humano analizado, han vivido un tiempo determinado, en función de la esperanza de vida de cada especie, pero luego han muerto o morirán. Ésta es la primera vez que se secuencian el ADN de un individuo de más de 1000 años que puede seguir vivo tal vez otro milenio más” comentan Gabaldón y Vargas.

Referencia:

Fernando Cruz, Irene Julca, Jèssica Gómez-Garrido, Damian Loska, Marina Marcet-Houben, Emilio Cano, Beatriz Galán, Leonor Frias, Paolo Ribeca, Marta Gut, Manuel Sánchez-Fernández, Jose Luis García, Ivo G. Gut, Pablo Vargas, Tyler S. Alioto, and Toni Gabaldón. “Genome sequence of the olive tree, *Olea europaea*” *GigaScience* 2016. DOI: [10.1186/s13742-016-0134-5](https://doi.org/10.1186/s13742-016-0134-5)

Imagen disponible en:

<https://www.dropbox.com/sh/k11ulb9k7kbb2iw/AACTz3H45t6b0PPjlrX53wQKa?dl=0>

Para más información y entrevistas:

Centro de Regulación Genómica (CRG)

Laia Cendrós, responsable de prensa

Tel. +34 93 316 0237 – Móvil +34 607 611 798 – laia.cendros@crg.eu

Real Jardín Botánico – CSIC

Jesús García, responsable de comunicación

Tel. +34 91 420 30 17 ext 188 – prensa@rjb.csic.es

Centro Nacional de Análisis Genómico (CNAG-CRG)

Anna Borrell, communication assistant

Tel. + 34 93 402 0580 – anna.borrell@cnag.crg.eu