

Desxifrat el genoma de l'olivera, l'arbre més emblemàtic de la Mediterrània

- **Un equip de científics de tres centres espanyols aconsegueix seqüenciar, per primera vegada, el genoma complet de l'olivera.**
- **Els resultats es publiquen aquesta setmana a la revista d'accés obert *GigaScience* i obren la porta a poder contribuir a la millora genètica de la producció d'olives i d'oli, de gran rellevància en l'economia i la dieta espanyoles.**
- **L'exemplar seqüenciat és una olivera de més de 1.300 anys d'antiguitat de la varietat Farga, una de les més importants de l'est d'Espanya.**

L'olivera és un dels primers arbres que es van domesticar en la història de la humanitat, segurament fa uns 6.000 anys. Emblema per excel·lència de la Mediterrània, té una gran importància en l'economia espanyola i d'altres països d'aquesta regió (Itàlia, Grècia, Portugal). No en va Espanya és el màxim productor d'oli d'oliva del món. Cada any s'elaboren gairebé tres milions tones d'oli, tant per a consum local com per a exportació, de les quals Espanya produeix un terç.

No obstant això, fins al moment es desconeixia el genoma de l'olivera que regula, per exemple, les diferències entre les varietats, mides i sabor de les olives, per què són tan llargs, o les claus de la seva adaptació al secà.

Ara un equip d'investigadors del Centre de Regulació Genòmica (CRG) a Barcelona, del Real Jardí Botànic a Madrid (CSIC-RJB) i del Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica a Barcelona (CNAG-CRG), aporta nova llum sobre el puzzle genètic de l'olivera en aconseguir seqüenciar per primera vegada el genoma complet d'aquesta espècie. Els resultats d'aquest treball, finançat íntegrament pel Banc Santander, es recullen aquesta setmana a la revista d'accés obert *GigaScience*. Aquesta publicació obre les portes a nous treballs de recerca que serviran per ajudar a l'olivera, tant al seu desenvolupament com a protegir-se d'infeccions que ara estan causant veritables estralls, com són els atacs de bacteris (*Xylella enutjosa*) i fongs (*Verticillium dhaillae*).

"És, sens dubte, un arbre emblemàtic i la seva millora vegetal resulta molt difícil ja que cal esperar almenys 12 anys per veure quines característiques morfològiques tindrà i veure si resulta o no interessant fer-ne, per exemple, encreuaments", destaca Toni Galbaldón, professor d'investigació ICREA i cap del grup de genòmica comparativa del CRG, que ha liderat aquest treball. "Conèixer la informació genètica de l'olivera ens permetrà ara contribuir a la millora de la producció d'olis i olives, de gran rellevància en l'economia espanyola", afegeix.

Finançament privat per donar suport a la ciència pública

La història d'aquest treball comença amb un reconeixement, una casualitat i un repte. Fa quatre anys, Gabaldón participava al costat de Pablo Vargas, investigador del CSIC al Real Jardí Botànic, en la presentació de resultats científics de projectes sobre espècies amenaçades, com el linx ibèric, que ja havien comptat amb finançament del Banc Santander.

En aquells dies el Banc Santander mostrava gran interès a finançar ciència espanyola i, en un moment durant aquella presentació, Pablo Vargas va proposar a Emilio Botín la seqüenciació completa del genoma de l'olivera emprant exactament la mateixa metodologia que es va emprar en la seqüenciació del linx, és a dir, la tecnologia més avantguardista en la consecució d'un genoma de qualitat.

Cinc mesos després d'aquella trobada, es va signar el contracte per dur a terme la primera seqüenciació completa de l'ADN de l'olivera, una investigació coordinada per Pablo Vargas que ha durat tres anys.

"En la seqüenciació d'un genoma hi ha tres fases: la primera, aïllar tots els gens, que és quelcom que ja vam publicar fa dos anys. La segona, acoblar el genoma, que és ordenar aquests gens l'un darrere l'altre, com si encadenéssim frases separades d'un llibre. I finalment, identificar tots els gens, és a dir muntar el llibre. Aquestes dues últimes fases són les que acabem de realitzar i presentem ara", explica aquest investigador del Real Jardí Botànic del CSIC.

Seguint amb l'analogia del llibre, per Tyler Alioto, investigador del CNAG-CRG "aquest genoma ha generat uns 1.310.000.000 de lletres, que són més de 1.000 GBytes de dades. Estem sorpresos perquè hem detectat més de 56.000 gens, significativament més que els detectats en genomes seqüenciats de plantes relacionades i el doble que el genoma humà."

Desxifrar la seva història evolutiva

A més de la seqüenciació completa del genoma de l'olivera, els investigadors també han comparat l'ADN d'aquest arbre mil·lenari amb altres varietats com l'ullastre o olivera borda (salvatge). Així mateix, n'han obtingut el transcriptoma, és a dir, els gens que s'expressen per valorar quines diferències hi ha a nivell d'expressió gènica en fulles, arrels i fruits en diferents estadis de maduració.

El següent pas, assenyalen, serà desxifrar la història evolutiva d'aquest arbre, que forma part de la vida de les poblacions del món antic des que en l'Edat de Bronze comencés un procés de domesticació de l'ullastre a l'est de la Mediterrània que va resultar en les oliveres actuals. Posteriors processos de selecció en diferents països de la Mediterrània van donar origen a les prop de 1.000 varietats de cultiu amb què comptem avui dia.

Conèixer l'evolució d'oliveres de diferents països, a més, permetrà esbrinar els seus orígens i desxifrar les claus que li han possibilitat adaptar-se a condicions mediambientals molt diverses; també, obtenir les claus de la seva extraordinària longevitat, ja que poden viure fins a 3.000 i 4.000 anys.

"De fet, aquesta longevitat converteix a l'olivera que hem seqüenciat gairebé en un monument viu", assenyala Gabaldón. "Fins al moment tots els individus seqüenciats, des de la mosca del vinagre (*Drosophila melanogaster*) fins al primer ésser humà analitzat, han viscut un temps determinat, en funció de l'esperança de vida de cada espècie, però després han mort o moriran. Aquesta és la primera vegada que se seqüencia l'ADN d'un individu de més de 1.000 anys que seguirà viu potser mil anys més", comenten Gabaldón i Vargas.

Referència:

Fernando Creu, 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)

Imatge disponible a:

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

Per a més informació i entrevistes:

Centre de Regulació Genòmica (CRG)
Laia Cendrós, responsable de premsa
Tel. +34 93 316 0237 - Mòbil +34 607.611.798 - laia.cendros@crg.eu

Real Jardí Botànic – CSIC
Jesús Garcia, responsable de comunicació
Tel. +34 91 420 30 17 ext 188 - prensa@rjb.csic.es

Centre Nacional d'Anàlisi Genòmica (CNAG-CRG)
Anna Borrell, communication assistant
Tel. + 34 93 402 0580 - anna.borrell@cnag.crg.eu