

Herramientas biotecnológicas para la investigación en coníferas

José Manuel Álvarez Díaz

Fisiología Vegetal. Dpto. de Biología de Organismos y Sistemas. Universidad de Oviedo.

Los bosques de coníferas representan un tercio de los bosques mundiales. En el panorama forestal europeo las coníferas desempeñan un papel clave, tanto desde el punto de vista ambiental como forestal, y por ello, son necesarias en grandes cantidades como productores de biomasa, bioenergía y otros recursos ecológicos. A pesar de su importancia, existe poca información sobre su desarrollo a nivel molecular. Los modelos vigentes se basan fundamentalmente en angiospermas. Sin embargo, la distancia evolutiva existente entre los dos grupos sugiere que es necesario comprobar si los mecanismos descritos hasta el momento en angiospermas son aplicables a las coníferas.

En los últimos años se están realizando enormes esfuerzos para la secuenciación del genoma de varias especies de coníferas consideradas como modelo. La creciente disponibilidad de datos sobre su genoma y transcriptoma está facilitando su estudio y conocimiento. A pesar de ello, la información disponible sobre la función de los genes en estas especies es aún muy limitada, debido principalmente a la ausencia de mutantes caracterizados y a la dificultad de transformar genéticamente muchas de estas coníferas. Por ello, el desarrollo de protocolos eficientes de transformación y regeneración de estas especies está suponiendo un gran avance en este campo.

En esta charla usaremos *Pinus pinaster* y *Picea abies* como especies modelo de coníferas representativas en Europa, y veremos cómo el uso de herramientas biotecnológicas ofrece nuevas perspectivas para estudiar y comprender las bases moleculares que regulan el funcionamiento de las coníferas.