



FUE PUBLICADO EN AGOSTO DE 2024 EN LA REVISTA PLANT BIOLOGY

Investigador lidera estudio de genes en desarrollo de frutilla comercial

TALCA. La frutilla cultivada es un área de gran relevancia agronómica y económica para Chile, y para la Región, por ello comprender el papel que juegan ciertos genes en el desarrollo de sus frutos, tanto en condiciones normales como bajo estrés ambiental, es crucial para avanzar en la investigación científica. En este marco, un equipo de investigadores ha estado analizando los genes YABBY, conocidos por regular el desarrollo tanto vegetativo como reproductivo de las plantas. Sin embargo, su rol específico en el desarrollo de la frutilla comercial sigue siendo un área poco explorada. “Los genes YABBY tienen un papel importante en el desarrollo de las plantas, pero su función en la frutilla, particularmente en su fruto y su respuesta a distintos estreses ambientales, es aún poco conocida”, explica el doctor e investigador Carlos Figueroa. El estudio publicado en agosto de 2024 en la revista *Plant Biology*, es pionero en ofrecer una caracterización filogenética y genómica profunda de esta familia de factores de transcripción. El análisis abarcó tanto la frutilla octoploide cultivada

como cinco especies diploides del género *Fragaria*. “Incorporamos distintas especies como *F. daltoniana*, *F. nilgerrensis*, *F. pentaphylla* y *F. viridis* para enriquecer el conocimiento sobre la variabilidad genética de estos factores de transcripción”, agrega Figueroa. El estudio reveló que el patrón de expresión de los genes YABBY es bastante similar entre la especie octoploide *F. vesca*, destacando una expresión diferencial en tejidos como hojas, flores y frutos de cada especie. “Estos hallazgos abren la puerta a futuras investigaciones que podrían mejorar genéticamente las plantas de frutilla, aumentando su tolerancia a estreses abióticos como la sequía o el frío”, añade el investigador.



El estudio publicado en agosto de 2024 en la revista *Plant Biology*, es pionero en ofrecer una caracterización filogenética y genómica profunda de esta familia de factores de transcripción.

El estudio publicado en agosto de 2024 en la revista *Plant Biology*, es pionero en ofrecer una caracterización filogenética y genómica profunda de esta familia de factores de transcripción.

El estudio reveló que el patrón de expresión de los genes YABBY es bastante similar entre la especie octoploide *F. vesca*, destacando una expresión diferencial en tejidos como hojas, flores y frutos de cada especie. “Estos hallazgos abren la puerta a futuras investigaciones que podrían mejorar genéticamente las plantas de frutilla, aumentando su tolerancia a estreses abióticos como la sequía o el frío”, añade el investigador.