José L. Oliver

José L. Oliver Jiménez es Catedrático de Genética y dirige el Grupo de Genómica Evolutiva y Bioinformática de la Universidad de Granada, BIO-162 del PAI. Cuenta con más de un centenar de publicaciones y acumula un total de 3348 citas (ISI Web of Science).

Sus perfiles de investigación son: ResearcherID: C-7223-2008; Código ORCID: 0000-0003-0216-0393; ScopusAuthor ID: 7401628079; Google Académico. Imparte docencia de Biocomputación, Bioinformática y Genómica en el Grado de Bioquímica y en los Másteres de Genética y Evolución y de Biotecnología de la Universidad de Granada.

Dirige, o ha dirigido recientemente, varias Tesis doctorales, Trabajos Fin de Grado y Trabajos Fin de Máster sobre epigenómica. Sus investigaciones más recientes han ido enfocadas al desarrollo de herramientas bioinformáticas para explorar el epigenoma, tanto en humanos como en plantas. La metilación del DNA, y más concretamente la adición de un grupo metilo en el C5 de la citosina, es la marca epigenómica por excelencia, jugando un papel clave en muchos procesos patológicos y de desarrollo. Es bien conocido que en mamíferos la metilación aberrante (sobre todo la hipermetilación) está implicada en la aparición de desórdenes como el cáncer, la inmunodeficiencia o la inestabilidad centromérica.

Pues bien, muchos caracteres de interés agronómico en plantas están sometidos también a control epigenético. Así por ejemplo, las plantas obtenidas a partir de semillas experimentalmente desmetiladas de Arabidopsis tienen una mortalidad más alta, un mayor crecimiento del tallo, una floración retrasada y una menor producción de frutos, indicando así que los epigenes pueden influenciar la eficacia biológica.

Además, muchas respuestas epigenéticas inducidas por el medio ambiente muestran herencia transgeneracional y están también positivamente correlacionadas con la eficacia biológica. Estos datos nos llevaron a pensar que las alteraciones de la metilación podrían estar implicadas en la resistencia a ciertas plagas, como la resistencia a la araña roja en tomate. Es por eso que se planteó el proyecto que tiene actualmente en vigor (AGL2013-49090-C2-2-R). Sus publicaciones más recientes tratan sobre el desarrollo de algoritmos para la elaboración de mapas de metilación de alta resolución en citosinas individuales (F1000Research 2:217, 2014), el

 Copyright© 2025 Universidad de Granada

desarrollo de bases de datos para almacenar dichos mapas y de herramientas de minería de datos para su explotación (Nucl. Acids Res. 42 D1: D53-D59, 2014; Nucl. Acids Res. 45 (D1): D97-D103, 2017), el desarrollo de herramientas bioinformáticas para el estudio del RNA pequeño (Nucl. Acids Res. 43 W1: W467-W473, 2015), la identificación de regiones de metilación diferencial tejido-específicas y edad-específicas, así como la caracterización epigenómica de las regiones reguladoras relacionadas con la resistencia a plagas en plantas, como la araña roja en tomate mencionada más arriba y objeto del proyecto que actualmente tiene en vigor.

Copyright© 2025 Universidad de Granada