

**Oferta Trabajo Fin de Master (TFM):**

Tutor/es: Ana Mª González y Marta Santalla

e-mail tutor/es: amgonzalez@mbg.csic.es, msantalla@mbg.csic.es

Centro/Institución/Empresa: Grupo de Genética del Desarrollo de Plantas (DEVOLEG). Misión Biológica de Galicia. Consejo Superior de Investigaciones Científicas (MBG-CSIC)

Título: Caracterización fenotípica del desarrollo reproductivo del mutante alterado en la *producción de meristemos florales* de judía, *Phaseolus vulgaris*

Breve resumen del trabajo (< 100 palabras):

La judía común supone uno de los principales cultivos de leguminosas, a nivel mundial. Uno de los requisitos fundamentales para su comercialización, es la adaptación a las condiciones ambientales. Aquí, los programas de mejora genética prestan especial atención a la mejora del desarrollo reproductivo. Los trabajos clásicos en el campo de la Genética clásica han demostrado que la mejor forma de inferir con claridad la función de un gen radica en la obtención y caracterización de mutantes con anulación o alteración de función. Estos han permitido identificar más de una centena de genes implicados en el desarrollo floral y del fruto de Arabidopsis, y de otras especies. El grupo de Genética del Desarrollo de Plantas de la MBG, dispone de una colección de mutantes afectados en caracteres relacionados con el desarrollo floral y del fruto. Entre ellos, el mutante alterado en la *producción de meristemos florales* que se caracteriza por presentar sólo meristemos vegetativos y no completar el desarrollo floral, al contrario que sucede en las plantas wild- type; fenotipo que sigue un patrón de herencia monogénico y recesivo. Tales anomalías se originan en etapas muy tempranas del desarrollo vegetativo, puesto que la mutación produce ausencia de meristemos florales, que a su vez, tiene efectos pleiotrópicos sobre otros caracteres reproductivos, entre los que destaca la ausencia de flores y frutos. Los objetivos concretos de este trabajo serán los siguientes: la caracterización fenotípica y genética de distintos parámetros en plantas WT y mutantes para determinar el papel del gen mutante durante el desarrollo vegetativo de judía.

Actividades a desarrollar:

1. Caracterización fenotípica y genética de la población compuesta por familias segregantes M2 del mutante 2020 alterado en el desarrollo de meristemos florales procedente de un programa de mutagénesis química. Brevemente, después de la generación de la población mutante EMS, se analiza la selección de la planta mutante que posee el rasgo de interés, exclusiva presencia de meristemos vegetativos, y la herencia genética de la mutación.
2. Análisis molecular utilizando la progenie de los cruzamientos del mutante con plantas WT, lo que permitiría dilucidar si la mutación corresponde a un nuevo alelo de alguno de los genes de desarrollo de meristemos vegetativos ya descritos o por el contrario se trata de un nuevo gen implicado en este proceso. El protocolo que se utilizará para la identificación de la mutación será la estrategia de mapping-by-sequencing. Se prepararán dos pools de ADN genómico de plantas F2 para el fenotipo de tipo mutante y el fenotipo de tipo WT, que serán secuenciados a una profundidad de lectura de ~ 20–40 ×. Las secuencias se se someterán a análisis bioinformático. Los polimorfismos identificados se confirmarán mediante el genotipado en la población cartográfica.
3. Estudio de microscopia en diferentes estadios del desarrollo vegetativo en plantas wild-type y mutantes.
4. Estudio del nivel de expresión relativa de los genes de función conocida que se analizará mediante PCR cuantitativa a tiempo real (RT-qPCR).