



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

Tutor/es: Ana M<sup>a</sup> González y Marta Santalla

e-mail tutor/es: [amgonzalez@mbg.csic.es](mailto:amgonzalez@mbg.csic.es); [msantalla@mbg.csic.es](mailto:msantalla@mbg.csic.es)

Centro/Institución/Empresa: Grupo de Genética del Desarrollo de Plantas. Misión Biológica de Galicia. Consejo Superior de Investigaciones Científicas

Título: Identificación y caracterización de mutantes EMS con alteración en la actividad del meristemo de inflorescencia

Breve resumen del trabajo (< 100 palabras):

El conocimiento de aquellos genes clave que afectan al desarrollo de las plantas y a la interacción con agentes externos es un aspecto determinante, tanto desde un punto de vista aplicado como básico. Entre las estrategias para identificar estos genes la caracterización de mutantes para estos caracteres es una de las que mayores éxitos ha reportado. El Grupo DEVOLEG ha realizado la caracterización de una población compuesta por familias segregantes M2 de judía (*Phaseolus vulgaris* L.) obtenidas mediante autopolinización de la primera generación mutagenizada M1 procedente de un programa de mutagénesis química EMS (etilmetanosulfonato). La caracterización previa de estas familias M2 segregantes y el análisis de sus progenies M3, ha permitido seleccionar aquellas mutaciones que afectan al control del meristemo de inflorescencia (número de flores y de meristemos florales), y que además se ajustan a un modo de herencia monogénica. Se empleará una metodología NGS (next generation sequencing) denominada mapping by sequencing, basada en la resecuenciación masiva y el mapeo genético a partir de dos "pools" de ADN de plantas de fenotipo MUT y WT. El análisis computacional del alineamiento de las lecturas al genoma de referencia permitirá la identificación de la variante genética responsable del fenotipo alterado o mutado. El objetivo final es lograr la identificación del gen implicado, así como conocer los procesos biológicos en los que interviene dicho gen.

Actividades a desarrollar:

**ACTIVIDAD 1.-** Caracterización fenotípica del mutante seleccionado (familias M2, M3). Las tareas a desarrollar incluyen: identificación de plantas WT y MUT en las familias segregantes, análisis del modo de herencia del fenotipo mutante, caracterización fenotípica detallada de los procesos afectados por la mutación (morfología de los meristemos florales, flores y plantas adulta, comparativa detallada de plantas WT y MUT).

**ACTIVIDAD 2.-** Análisis genotípico de la cosegregación entre el fenotipo mutante y los polimorfismos candidatos. Para poder identificar la relación causal entre las variantes alélicas encontradas en la actividad anterior y el fenotipo MUT, se genotipará para estas variantes y se comprobará su cosegregación con los fenotipos observados. Las tareas a desarrollar incluyen: purificación de ácidos nucleicos, genotipado usando marcadores moleculares, secuenciación, análisis y el uso de herramientas bioinformáticas.