

Análisis genético de la variabilidad natural de la halotolerancia en *Arabidopsis thaliana*

Trabajo realizado por el alumno Santiago García Martínez, en la División de Genética,
Departamento de Biología Aplicada, Universidad Miguel Hernández de Elche.

San Juan de Alicante, 1 de marzo de 2001.

JOSE LUIS MICOL MOLINA, Catedrático de Universidad en el área de conocimiento de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche,

VICTOR MANUEL QUESADA PEREZ, Ayudante de Escuela Universitaria en el área de conocimiento de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

JUAN JOSE RUIZ MARTINEZ, Profesor Titular en el área de conocimiento de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche,

HACEMOS CONSTAR

que el presente trabajo ha sido realizado bajo nuestra dirección y recoge fielmente la labor realizada por el alumno Santiago García Martínez. Las investigaciones reflejadas en esta memoria se han desarrollado íntegramente en la División de Genética del Departamento de Biología Aplicada de la Universidad Miguel Hernández de Elche.

José Luis Micol Molina Víctor Manuel Quesada Pérez Juan José Ruiz Martínez

San Juan de Alicante, 1 de marzo de 2001.

VI.- RESUMEN Y CONCLUSIONES

La salinización progresiva de los suelos cultivados constituye un importante factor limitante para la explotación de muchas especies de utilidad agraria. Es un inconveniente que padecen algunas de las regiones agrícolas más productivas del planeta, entre ellas las de la costa mediterránea española. Con el fin de contribuir a la búsqueda de soluciones a este problema, hemos estudiado en este trabajo la variabilidad natural de la tolerancia a la salinidad en una colección de 100 líneas recombinantes endógamas (LRE) del organismo modelo *Arabidopsis thaliana*, que fueron utilizadas como población cartográfica para la identificación de loci de caracteres cuantitativos (QTL) implicados en la respuesta al NaCl. Este estudio constituye una parte de un abordaje genético al estudio y la manipulación de la tolerancia a la salinidad, que se encuentra en curso en el laboratorio de José Luis Micol.

Hemos analizado cuantitativamente el comportamiento de las LRE, estudiando cuatro caracteres: la tasa de germinación y su variación con el tiempo, en medios suplementados con NaCl 250 mM, y la variación del peso durante el crecimiento vegetativo en presencia de NaCl 50 mM.

Aplicando un método múltiple de búsqueda de QTL hemos identificado 14 regiones genómicas candidatas a albergar loci implicados en la tolerancia a la salinidad. La existencia de 13 de estos QTL se determinó a partir del análisis de la germinación, siendo 6 los deducidos a partir de los valores de las tasas de germinación, y 8 de su variación con el tiempo, resultando 1 común a ambos estudios. Se identificaron 4 QTL implicados en la tolerancia a la salinidad durante el crecimiento vegetativo, 3 de los cuales se deducen tanto del estudio de la variación del peso fresco como la del peso seco. Es destacable que 3 de los 14 QTL identificados están aparentemente implicados en las respuestas a la salinidad tanto en la germinación como en el crecimiento vegetativo.

La reciente disponibilidad de la secuencia completa del genoma de *Arabidopsis thaliana* nos ha permitido proponer algunos genes como candidatos a corresponder a los QTL identificados en este trabajo. La caracterización de estos y otros candidatos permitirá la identificación de genes de *Arabidopsis thaliana* implicados en la tolerancia a la salinidad y la de sus ortólogos en especies vegetales cultivadas.