

**Desarrollo de herramientas para
el análisis genético de la palmera datilera
(*Phoenix dactylifera* L.):
Secuenciación parcial del genoma cloroplástico**

Trabajo realizado por la alumna Sonia Coy González, en la División de Genética,
Departamento de Biología Aplicada, Universidad Miguel Hernández de Elche.

Elche, 14 de junio de 2002.

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

JOSÉ MANUEL PÉREZ PÉREZ, Ayudante de Universidad 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 la alumna Sonia Coy González. 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

José Manuel Pérez Pérez

Elche, 14 de junio de 2002.

VI.- RESUMEN Y CONCLUSIONES

Este trabajo constituye una contribución al desarrollo de herramientas para el análisis genético de la palmera datilera, *Phoenix dactylifera* L., y se enmarca en un proyecto del laboratorio de Genética de la Universidad Miguel Hernández, bajo la dirección del Dr. José Luis Micol Molina.

El objetivo de este trabajo era la secuenciación de parte del cromosoma del cloroplasto de la palmera datilera. Para ello, hemos desarrollado, en primer lugar, un protocolo basado en la realización de centrifugaciones sucesivas, a distintas velocidades, para enriquecer la muestra en cloroplastos, y a continuación extraer el ADN mediante el método desarrollado por Dellaporta *et al.* Ha sido necesario diseñar oligonucleótidos a partir de las regiones más conservadas entre cromosomas cloroplásticos organulares secuenciados previamente, y su utilización como cebadores para la amplificación mediante PCR de las regiones que flanquean en el cromosoma del cloroplasto de *Phoenix dactylifera*. Las moléculas así amplificadas han sido secuenciadas y sometidas a análisis bioinformático.

Una parte de la secuencia obtenida en este trabajo, que totaliza 6.832 pb, corresponde a un segmento intergénico de unas 850 pb, que separa los genes *atpB* y *rbcL*. Dicho segmento puede resultar útil para la búsqueda de polimorfismos a nivel de cambios de un sólo nucleótido en poblaciones de palmera datilera. Los cebadores desarrollados en este trabajo serán de utilidad para la identificación de genes de los genomas cloroplásticos de otras especies.