



UNIVERSITAS
Miguel Hernández

Universidad Miguel Hernández de Elche

**Identificación de genes
implicados en la morfogénesis
del margen foliar en Arabidopsis**

Manuel Ros Sirvent

Tutores:

José Luis Micol Molina

Samuel Daniel Lup Haruta

Área de Genética

Departamento de Biología Aplicada

Grado en Biotecnología

Facultad de Ciencias Experimentales

Curso académico 2019-2020

JOSÉ LUIS MICOL MOLINA, Catedrático de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

SAMUEL DANIEL LUP HARUTA, contratado predoctoral 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 Manuel Ros Sirvent como Trabajo de Fin del Grado en Biotecnología. Las investigaciones reflejadas en esta memoria se han desarrollado íntegramente en la Unidad de Genética del Instituto de Bioingeniería de la Universidad Miguel Hernández de Elche.

José Luis Micol Molina



Samuel Daniel Lup Haruta

Elche, 29 de junio de 2020.

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

En el laboratorio de José Luis Micol se realizó, antes del comienzo de este Trabajo de Fin de Grado, una búsqueda de mutantes insercionales de *Arabidopsis* con alteraciones en la morfología de la hoja. Dicha búsqueda se llevó a cabo en la colección SALK, que está indexada y es de dominio público. Se identificaron 608 mutantes foliares, de los que solo un 78% presentaban la inserción anotada en la base de datos de la colección, y solo en la mitad de estos últimos dicha inserción era la causa aparente del fenotipo observado. También se demostró que estos mutantes eran portadores de una media de 2,1 inserciones de ADN-T, solamente una de las cuales estaba anotada. El margen de las hojas de la roseta era más aserrado que en el tipo silvestre en 11 mutantes. Hemos estudiado 6 de estos mutantes, que no mostraban pleiotropía, estableciendo que en solo uno de ellos cosegregan el fenotipo foliar y la inserción anotada en la base de datos de la colección SALK. Hemos secuenciado masivamente el ADN de las 6 estirpes, identificando 5 inserciones no anotadas previamente. Hemos iniciado estudios de cosegregación de los fenotipos foliares y las inserciones no anotadas, así como ensayos de complementación, con el fin de establecer la eventual relación causal entre los genes mutados en las estirpes a estudio y sus fenotipos.

Palabras clave: *Arabidopsis*, margen foliar, ADN-T, secuenciación masiva.

In the laboratory of José Luis Micol, a screening for insertional mutants with leaf morphological aberrations was performed before the beginning of this End of Degree Assignment. Such screening was performed in the SALK collection, which is indexed and publicly available. A total of 608 leaf mutants were identified, only 78% of which harbored the T-DNA insertion annotated in the collection database, and only in a half of the latter such insertion seemed to cause the observed phenotype. It was also shown that the average number of insertions per mutant was 2.1, only one of which had been annotated. Rosette leaf margin was more serrated than that of the wild type in 11 mutants. We studied 6 of these mutant lines, which did not show pleiotropy, and found that in only one the leaf phenotype and the insertion annotated in the SALK collection database cosegregated. We massively sequenced the DNA of these 6 lines, identifying 5 insertions previously not annotated. We initiated cosegregation studies for the leaf phenotypes and the insertions not annotated, as well as complementation assays, to examine the possible causal relationship between the mutated genes of the lines under study and their phenotypes.

Keywords: *Arabidopsis*, leaf margin, T-DNA, next-generation sequencing