



Universidad Miguel Hernández de Elche

Genética inversa del desarrollo foliar en *Arabidopsis thaliana*

David Wilson Sánchez
Trabajo de fin de Máster
Elche, 2011

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

SARA JOVER GIL, Investigadora postdoctoral 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 Licenciado David Wilson Sánchez como trabajo final del Máster en Bioingeniería. 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

Sara Jover Gil

Elche, 9 de septiembre de 2011.

I.- RESUMEN Y CONCLUSIONES

Las hojas de las plantas producen el oxígeno que respiramos y constituyen la fuente directa o indirecta de casi todos los alimentos que consumimos. El interés del estudio y la eventual manipulación del desarrollo de las hojas radica en que son el órgano fotosintético básico, en torno al cual gravita la vida en nuestro planeta.

La disección de un proceso biológico no puede lograrse sin la identificación y caracterización de los genes que lo controlan. En la planta modelo *Arabidopsis thaliana*, se han obtenido mediante abordajes genéticos clásicos centenares de mutantes que manifiestan perturbaciones en el desarrollo foliar, pero no se ha alcanzado la saturación de su genoma. El grupo de J.R. Ecker, en el Salk Institute, está generando una colección indexada de líneas homocigóticas para inserciones de ADN-T en los 27.000 genes de *Arabidopsis*. Con el objetivo de identificar nuevos genes implicados en la organogénesis foliar, el laboratorio de J.L. Micol está estudiando 20.718 de estas líneas mutantes, que corresponden a 14.585 genes. En este trabajo se describe el análisis de 1.500 líneas de ADN-T, entre las que hemos identificado 48 mutantes genuinos, que muestran un fenotipo foliar con penetrancia completa y expresividad relativamente constante. Otros miembros del laboratorio de J.L. Micol han estudiado 9.350 líneas adicionales, e identificado otros 262 mutantes.

En este trabajo hemos genotipado 199 de los 310 mutantes foliares aislados hasta ahora en la colección SALK, comprobando que en el 75% de ellos la inserción de ADN-T está presente en homocigosis en el locus anotado. Empleando las bases de datos públicas, hemos obtenido información acerca de la naturaleza molecular de los productos de los genes interrumpidos por las inserciones. Entre sus productos hay componentes de rutas de transducción de señales hormonales, reguladores de la transcripción y la traducción, y transportadores y reguladores del metabolismo de proteínas, entre otros. Algunos de los procesos en los que participan estos genes son la división celular, la fotosíntesis, la organización de los microtúbulos, el metabolismo de la pared celular, el transporte de proteínas, y las respuestas al estrés. Todos estos procesos son, por lo tanto, fundamentales para la organogénesis foliar. Nuestros resultados de la caracterización fenotípica de estos mutantes se reflejarán en una base de datos pública.