



**UNIVERSITAS**  
*Miguel Hernández*

**Universidad Miguel Hernández de Elche**

**Cartografía mediante secuenciación  
de alelos insercionales de genes implicados  
en la morfogénesis del margen foliar en  
Arabidopsis**

**Cristina Allué Garriga**

Tutores:

José Luis Micol Molina

Samuel Daniel Lup Haruta

Lucía Juan Vicente

Área de Genética

Departamento de Biología Aplicada

Grado en Biotecnología

Facultad de Ciencias Experimentales

Curso académico 2022-2023

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

SAMUEL DANIEL LUP HARUTA, doctor por la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

LUCÍA JUAN VICENTE, contratada 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 Cristina Allué Garriga 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.

JOSE  
LUIS|  
MICOL|  
MOLINA

Firmado digitalmente por JOSE LUIS| MICOL|MOLINA  
Fecha: 2023.08.29 16:22:43 +02'00'

José Luis Micol Molina



Samuel Daniel Lup Haruta

LUCIA|  
JUAN|  
VICEN  
TE

Firmado digitalmente por LUCIA| JUAN| VICENTE  
Fecha: 2023.08.29 16:57:38 +02'00'

Lucía Juan Vicente

Elche, 29 de agosto de 2023.

## I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

En este Trabajo de Fin de Grado hemos intentado identificar nuevos genes implicados en la morfogénesis del margen de las hojas de la roseta de *Arabidopsis*. Hemos usado para ello cinco mutantes insercionales (UMH\_89, UMH\_159, UMH\_510, UMH\_531 y UMH\_634), cuyo margen foliar es más indentado que el de su tipo silvestre, el acceso Col-0; este rasgo fenotípico no está causado por las inserciones de ADN-T indexadas que contienen. Antes del comienzo de este trabajo se identificaron 5 inserciones no anotadas en dichas líneas, adicionales a las inicialmente indexadas. Hemos obtenido poblaciones cartográficas F<sub>2</sub>, exocruzando por *Ler* las líneas mencionadas, y hemos extraído, mezclado y secuenciado masivamente su ADN para llevar a cabo cartografías de mutaciones puntuales mediante secuenciación, pero no hemos logrado delimitar inequívocamente regiones candidatas a contener las mutaciones causantes de su fenotipo foliar. También hemos usado las lecturas así obtenidas para realizar cartografías de inserciones de ADN-T, en las que hemos identificado otras 3 no anotadas previamente, cuya implicación en los fenotipos a estudio se establecerá más adelante.

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

In this End of Degree Assignment, we attempted to identify novel genes involved in the morphogenesis of *Arabidopsis* rosette leaf margins. To this end, we focused on 5 insertional mutants (UMH\_89, UMH\_159, UMH\_510, UMH\_531, and UMH\_634) exhibiting a leaf margin more indented than that of the wild-type Col-0 accession. The increased margin indentation of these mutants is not caused by their indexed T-DNA insertions. Prior to commencing this study, 5 unannotated insertions were identified in these lines in addition to the initially indexed ones. To elucidate the genetic basis of the leaf phenotypes of the lines under study, we outcrossed these lines to *Ler* to obtain F<sub>2</sub> mapping populations; DNA of the plants from these populations was extracted, pooled and massively sequenced, and the reads obtained were used for mapping-by-sequencing. Despite these efforts, we were unable to unequivocally delimit genomic candidate intervals harboring the mutations causal for the observed leaf phenotypes. We also used our sequencing data to conduct T-DNA insertion mapping, leading to the identification of 3 additional insertions. The causal relationship between these previously unidentified insertions and the studied leaf phenotypes requires further investigation and will be assessed in future studies.

**Keywords:** *Arabidopsis*, leaf margin, T-DNA, massive sequencing.