

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

Trabajo realizado por el alumno Pedro Perdiguero Jiménez, en la División de Genética del Departamento de Biología Aplicada y el Instituto de Bioingeniería de la Universidad Miguel Hernández de Elche.

Elche, 21 de noviembre de 2006.

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

M^a ROSA PONCE MOLET, Profesora Titular en el área de conocimiento de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche,

REBECA GONZÁLEZ BAYÓN, becaria predoctoral 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 alumno Pedro Perdiguero Jiménez. Las investigaciones reflejadas en esta memoria se han desarrollado íntegramente en la División de Genética del Departamento de Biología Aplicada y el Instituto de Bioingeniería de la Universidad Miguel Hernández de Elche.

José Luis Micol Molina

M^a Rosa Ponce Molet

Rebeca González Bayón

Elche, 21 de noviembre de 2006.

V.- RESUMEN Y CONCLUSIONES

En este trabajo hemos continuado investigaciones anteriores cuyo objetivo era la obtención de la secuencia del genoma del cloroplasto de *Phoenix dactylifera*, con el propósito de desarrollar marcadores moleculares útiles para el genotipado de individuos y el estudio de la variabilidad genética intraespecífica.

Hemos empleado como material de partida hojas y ADN de palmera obtenido en el curso de un trabajo anterior, realizado en el laboratorio de J.L. Micol (González-Bayón, Alonso-Peral, Ponce y Micol). Sólo algunas de estas muestras han resultado útiles por su integridad, mientras que otras se habían degradado.

El tamaño de los genomas cloroplásticos de las angiospermas como *Phoenix dactylifera* oscila entre 120 y 210 kb. La gran conservación de la secuencia de muchos de sus genes, así como la de su disposición relativa en el cromosoma, nos ha sido útil para definir una estrategia de amplificación de segmentos del cromosoma del cloroplasto de *Phoenix dactylifera*, basada en la sintenia prevista que hemos podido confirmar.

Hemos secuenciado un total de 9.706 pb del genoma del cloroplasto de *Phoenix dactylifera*, correspondientes a tres regiones separadas. Las secuencias exónicas que hemos obtenido están muy conservadas, tal como cabe esperar de genes que codifican enzimas clave en la fotosíntesis.

Además, hemos obtenido productos de amplificación por PCR que una vez estudiados y posteriormente ensamblados con el grupo *rpoB-rpoC* previamente caracterizado en el laboratorio de J.L. Micol, podría dar como resultado un fragmento total de secuencia del cromosoma de cloroplasto de *Phoenix dactylifera* de 19 kb.

En la secuencia obtenida en este trabajo hemos delimitado una región intergénica de unas 1.800 pb, que separa los genes *tRNA-Val* y *ndhC*, que podría utilizarse para la búsqueda de polimorfismos, con el fin de emplearlos como marcadores genéticos. Nuestros resultados podrían contribuir al desarrollo de una estrategia de genotipado de cultivares, caracterizando polimorfismos entre distintas variedades, que se podría aplicar a un método de certificación de los plantones de palmera que se comercializan como especies ornamentales. También podrían servir para los programas de mejora genética, cuyo objetivo es la producción de dátiles de calidad, o de variedades resistentes a la fusariosis, enfermedad producida por el hongo *Fusarium oxysporum*, que ha causado una gran mortandad, superior al 67%, entre las palmeras del Norte de África en los últimos 50 años.