



Miguel Hernández
Universidad Miguel Hernández de Elche

**Cartografía de alta resolución
de mutaciones no señalizadas
en *Arabidopsis thaliana***

María Teresa Jareño Marco
Trabajo de fin de Máster
Elche, 2009

MARÍA ROSA PONCE MOLET, Profesora Titular de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

JOSÉ LUIS MICOL MOLINA, Catedrático 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 que ha llevado a cabo la Licenciada María Teresa Jareño Marco 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.

María Rosa Ponce Molet

José Luis Micol Molina

Elche, 22 de junio de 2009

I.- RESUMEN Y CONCLUSIONES

El objetivo primordial de los abordajes genéticos a la disección de un proceso biológico es la identificación de los genes implicados, que suele hacerse a partir del aislamiento de mutantes portadores de mutaciones inducidas por mutágenos insercionales (señalizadas), físicos o químicos (no señalizadas). La mayor de las objeciones que se han opuesto al uso de los mutágenos físicos y químicos es que la identificación de las mutaciones a estudio debe llevarse a cabo mediante clonación posicional, que ha sido considerada durante mucho tiempo lenta y tediosa. Este punto de vista, sin embargo, ha cambiado merced a la disponibilidad de la secuencia completa del genoma de *Arabidopsis thaliana*, el incremento de la densidad de los marcadores moleculares en el mapa genético de esta planta, y el desarrollo de técnicas de cartografía génica de gran rendimiento y alta resolución.

Esta memoria describe el trabajo que realizamos en el servicio de cartografía de mutaciones no señalizadas de *Arabidopsis thaliana* que se ha implementado en el laboratorio de María Rosa Ponce, financiado por el proyecto Consolider-Ingenio 2010 CSD2007-00057 del Ministerio de Ciencia e Innovación. El servicio analiza muestras remitidas por los grupos de investigación españoles que emplean *Arabidopsis thaliana* como organismo experimental. Dichas muestras consisten en 50 individuos de la F₂ de un cruzamiento entre una planta homocigótica para una mutación de interés y un ecotipo distinto de su ancestro silvestre. Su ADN es extraído por el servicio de cartografía, para llevar a cabo un primer análisis del ligamiento a 32 marcadores moleculares, que permite determinar la posición de mapa de la mutación a estudio dentro de un intervalo de 15 cM (unas 3 Mb). La cartografía de alta resolución se realiza en una segunda etapa, en la que se emplean 450 plantas F₂ adicionales para delimitar, mediante análisis iterativo del ligamiento a marcadores moleculares adicionales, un cóntigo de dos o tres clones BAC (100-200 kb), correspondiente al segmento del genoma de *Arabidopsis thaliana* en el que radica el gen afectado por la mutación de interés. La cartografía de baja resolución se completa habitualmente en una semana, y la de alta resolución en un mes.