



Becas colaboración curso 2016/2017

Fecha: 28 Junio 2016

Vicerrectorado de Investigación, Innovación y Transferencia

Subcomisión de I+D+i

Propuesta del departamento *BIOTECNOLOGIA*

Núm Proyecto: 2016/02/00011

Responsable

Gadea Vacas, José

E-mail

jgadeav@ibmcp.upv.es

Ext.

79928

Título proyecto

Identificación de genes responsables de la longevidad de las semillas

Valoración proyecto

4

Descripción proyecto

La longevidad de las semillas es una propiedad crucial para el mantenimiento de la diversidad genética de las plantas en la naturaleza y en bancos de semillas. Las semillas gradualmente pierden viabilidad durante el almacenamiento y la velocidad de envejecimiento depende de factores ambientales y genéticos. Para llegar a la identificación de los genes responsables de este rasgo, se ha realizado un análisis de asociación de genoma completo (GWAS), utilizando más de 250 variantes naturales de la planta modelo *Arabidopsis thaliana*. Los resultados preliminares nos están permitiendo la identificación de SNPs altamente asociados a longevidad de semilla. Los genes cercanos a esos SNPs son considerados candidatos a estar implicados en estos procesos. La selección de estos genes candidatos, así como la comprobación de su relación con la longevidad mediante el uso de mutantes de pérdida de función será el objetivo principal de este proyecto.

Actividades a realizar por el alumno

El estudiante realizará estudios de selección de los genes candidatos, basándose en su anotación estructural y funcional. Seguidamente, realizará estudios de expresión en semilla para comprobar que dichos candidatos se expresan en este tejido. Paralelamente, se realizarán estudios de genética reversa con mutantes de pérdida de función en los genes seleccionados, que se caracterizarán fenotípicamente y se harán estudios de envejecimiento acelerado para comprobar si dichos mutantes tienen un fenotipo de mayor o menor longevidad que la planta silvestre, y corroborar así su implicación en el mantenimiento de la viabilidad de la semilla. Por lo tanto, el estudiante utilizará herramientas bioinformáticas para seleccionar los genes más relevantes, técnicas de biología molecular, como extracción de ácidos nucleicos, síntesis de cDNA y qRT-PCR, entre otras, y se familiarizará con la principal especie modelo en plantas.

Horario

A convenir