



### Oferta Prácticas Externas (PE):

Profesor responsable: Ana M<sup>a</sup> González y Marta Santalla

e-mail: [amgonzalez@mbg.csic.es](mailto:amgonzalez@mbg.csic.es); [msantalla@mbg.csic.es](mailto:msantalla@mbg.csic.es)

Centro/Institución/Empresa: Grupo de Genética del Desarrollo de Plantas. Misión Biológica de Galicia. Consejo Superior de Investigaciones Científicas

Número de plazas ofertadas: 2

Título: Identificación de genes implicados en caracteres reproductivos en leguminosas

Período: A convenir

Actividades a desarrollar:

El Grupo Devoleg ([www.devoleg.es](http://www.devoleg.es)) se enfoca en el estudio de los mecanismos genéticos responsables del desarrollo reproductivo de las plantas, en concreto, transición de la floración y arquitectura de planta, para hacer de la planta un organismo mejor adaptado al ambiente. El estudio de estos procesos lo abordamos mediante dos diferentes vías, estudiando la variedad natural de la especie o generando nueva variabilidad genética mediante nuevos cruzamientos o mutagénesis. Utilizamos la judía común (*Phaseolus vulgaris*) como especie modelo, siendo uno de los principales cultivos de leguminosas del mundo, y que cuenta con una amplia fuente de variación intraespecífica e interespecífica natural, parte de la cual es conservada en nuestro banco de germoplasma (alrededor de 3000 accesiones). Además, el grupo dispone de una colección de mutantes EMS (etilmetasulfonato) formada por  $\approx$ 2000 líneas mutantes M2 independientes.

Las Actividades a desarrollar:

Actividad 1.- Fenotipado de caracteres implicados en el tiempo a floración y desarrollo de fruto en un panel de diversidad genética (variedades locales, tipos silvestres, líneas élite) de judía y en familias de mutantes de EMS. Las tareas a desarrollar incluyen: toma de datos en diferentes condiciones ambientales controladas (Fotoperiodos de días largos y cortos, LD y SD), actualización de bases de datos.

Actividad 2.- Genotipado del panel de diversidad y de poblaciones segregantes. Las tareas a desarrollar incluyen: extracciones de ADN, control de calidad por electroforesis y Nanodrop, análisis de marcadores moleculares de polimorfismo mediante PCR convencional, diseño de marcadores.

El número de horas presenciales es de 225 h que incluyen el trabajo en el centro (5 semanas 40 h/semana= 200 h) y la elaboración de la memoria (25 h).