



### Oferta Trabajo Fin de Master (TFM):

Tutor/es: Ana M<sup>a</sup> González y Marta Santalla

e-mail tutor/es: [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 (DevoLEG). Misión Biológica de Galicia (MBG-CSIC) – Pontevedra. [www.devoleg.es](http://www.devoleg.es).

Título: Caracterización de mutantes del desarrollo reproductivo con potencial agronómico en leguminosas cultivadas

Breve resumen del trabajo (< 100 palabras):

El Grupo DevoLEG investiga los mecanismos genéticos que regulan el desarrollo reproductivo y la adaptación de leguminosas cultivadas. Emplea la judía común (*Phaseolus vulgaris*) como especie modelo. Combina genética clásica, mutagénesis y genómica para identificar genes y rutas regulatorias implicadas en floración y formación del fruto, trasladando este conocimiento a la mejora varietal y la innovación agronómica.

El Trabajo Fin de Máster abordará la caracterización genética y fenotípica de mutantes EMS con alteraciones en distintas fases del desarrollo reproductivo, incluyendo mutaciones que afectan a la formación floral o el desarrollo de frutos partenocápicos. A partir de estos mutantes se generarán poblaciones de mapeo genético, mediante cruzamientos con genotipos de referencia para la identificación de genes causales mediante mapping-by-sequencing, y poblaciones de mejora, cruzando con líneas élite de interés agronómico, destinadas a evaluar la transmisión y el valor funcional de los rasgos mutantes. El estudio integrará análisis morfológicos, genéticos y moleculares, contribuyendo a la comprensión de las redes que regulan el desarrollo reproductivo.

Actividades a desarrollar:

**Actividad 1. Caracterización fenotípica de mutantes seleccionados.** Incluye la identificación y descripción de plantas con fenotipos alterados relacionados con la floración, la fructificación o la partenocarpia. Se realizará una comparación detallada con plantas silvestres (WT) para evaluar diferencias morfológicas y de desarrollo, tanto en estructuras florales como en la formación del fruto. Además, se estudiará el modo de herencia de los caracteres observados en familias segregantes, con el fin de determinar si las mutaciones responden a un control monogénico o poligénico, estableciendo la base para el desarrollo de poblaciones de mapeo genético orientadas a la identificación de genes causales mediante mapping-by-sequencing.

**Actividad 2. Análisis genético y aplicación en mejora.** Comprende la extracción y análisis de ADN de líneas mutantes seleccionadas, el genotipado mediante marcadores moleculares y la identificación de polimorfismos asociados a los fenotipos de interés. Los datos genéticos y fenotípicos se integrarán para identificar genes candidatos y validar su función biológica. Paralelamente, se desarrollarán cruzamientos con líneas élite de mejora, orientados a estudiar la transmisión y estabilidad de los rasgos mutantes y su potencial agronómico, sentando las bases para futuras aplicaciones en programas de mejora genética.