

DE LA SECUENCIA DE LOS GENES A LA FUNCIÓN. NUEVAS HERRAMIENTAS Y RECURSOS

*Concepción Avila, Francisco M Canovas, Francisco Cantón, Gonzalo Claros,
Fernando Gallardo.*

Departamento de Biología Molecular y Bioquímica, Universidad de Málaga

Algunas herramientas y recursos generados por nuestro programa de investigación:

- *Transcriptómica y proteómica*. Utilizando los bancos de ESTs de pino existentes en nuestro laboratorio y los de otros grupos de trabajo hemos construido un primer microarray con alrededor de 6000 genes únicos (denominado PINARRAY1) que ya se encuentra disponible para su utilización en estudios de transcriptómica. El análisis masivo de proteínas se puede realizar en colaboración con el Profesor Rafael Navarro y el Servicio de Proteómica de la Universidad de Córdoba. La aplicación de estas nuevas tecnologías de genómica funcional permitirán la identificación de genes/proteínas implicadas en estos procesos de gran importancia en árboles. La reciente secuenciación del genoma de chopo (*Populus trichocarpa*) es una referencia de gran ayuda para este trabajo (1).

- *Bioinformática*. Para el manejo automatizado y la organización ordenada de las secuencias obtenidas de la secuenciación de BACs y ESTs así como datos de perfiles de expresión y proteómica, se ha desarrollado una plataforma con interfaz web que permite el almacenamiento de datos, el análisis y comparación de secuencias y con otras bases de datos.

- *Regulación transcripcional*. La información disponible del genoma de *Populus* así como la caracterización de un número creciente de cDNAs de longitud completa de coníferas ha facilitado el aislamiento de las regiones reguladoras de genes clave y el estudio de la regulación de la expresión. Están disponibles técnicas como el aislamiento y electroporación de protoplastos o la agroinfiltración para el análisis funcional de promotores.

- *Localización celular de la expresión génica*. Métodos adaptados para determinar la localización precisa de mRNAs y proteínas. Esta aproximación experimental proporcionará nuevas perspectivas de cómo las vías metabólicas están organizadas en los diferentes tipos celulares de los árboles.

- *Estudios funcionales en árboles transgénicos*. Nuestro laboratorio ha desarrollado protocolos de rutina para la transformación de chopo y el análisis funcional de las líneas transgénicas. En colaboración con el grupo del Profesor Ricardo Ordás (Universidad de Oviedo) se está trabajando en el desarrollo de protocolos eficientes para la transferencia de genes de interés a coníferas. Estas tecnologías de genómica funcional están proporcionando nuevas posibilidades para el ensayo rápido de genes que puedan contribuir a la domesticación de rasgos de interés y el incremento de la productividad forestal.

(1) Tuskan GA, Difazio S y otros (2006) The genome of Black Cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr & Gray) Science 313, 596-604.