



## Vicente Moreno Ferrero

Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas  
(UPV-CSIC)

### Curriculum

Nuestras líneas de investigación tienen una doble vertiente: desarrollar métodos de cultivo in vitro que permitan aplicaciones en la mejora y avanzar en la disección genética de caracteres agronómicos. Hemos puesto a punto métodos de regeneración y transformación en diversas especies. Nuestra capacidad para obtener materiales útiles para la mejora (e.g. doble-haploides, híbridos somáticos, variantes somaclonales) nos ha permitido una fructífera interacción con empresas. En colaboración con el Dr. Lozano y la Dra. Bolarín estamos abordando un programa de mutagénesis insercional en tomate y especies relacionadas. El objetivo es avanzar en el conocimiento de los genes y mecanismos que determinan caracteres agronómicos. Nuestro grupo ha generado 7500 líneas T-DNA y, en el contexto del proyecto, se han identificado 29 genes que regulan caracteres del desarrollo y 5 relacionados con tolerancia a salinidad o estrés hídrico. Hemos iniciado una línea sobre edición de genes con CRISPR/Cas. En colaboración con la Dra. Picó y el Dr. Darós estamos empleando esta aproximación para obtener plantas de melón resistentes a ToLCNDV, oídio y minador de la hoja. Además, estamos abordando la edición de genes mediante transfección de protoplastos.

### “Edición de genes mediante transformación de explantes y transfección de protoplastos con CRISPR/Cas”

El sistema inmune CRISPR consta básicamente de dos elementos: los loci genómicos CRISPR y sus nucleasas asociadas (Cas). En 2005, el Dr. Mojica y sus colaboradores encontraron unas secuencias muy extrañas en el genoma de una arquea que medra en las salinas de Santa Pola. Poco después se descubrió que estas secuencias forman parte de un sistema de defensa de las bacterias y arqueas contra la invasión de material genético de virus. En 2012, se publicó la primera edición genómica con CRISPR/Cas. En tan solo seis años este sistema ha conducido a un salto cualitativo en la biotecnología vegetal. Esta técnica se utiliza habitualmente para generar mutaciones en secuencias codificadoras, pero se puede emplear también para modificar secuencias reguladoras que son las que han tenido un mayor papel en la evolución, domesticación y mejora. En particular, el uso de vectores con varios RNAs permite generar múltiples variantes alélicas para el promotor de un gen, lo que tiene una gran relevancia a nivel básico y aplicado. Además, la disponibilidad de métodos de regeneración de plantas a partir de protoplastos permite abordar la edición genómica mediante transfección, lo que conduce a la modificación genética deseada sin integración del vector.