

# Instituto de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana (COMAV, UPV)

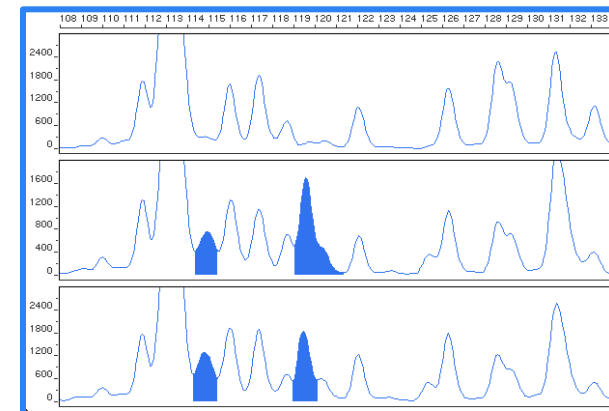
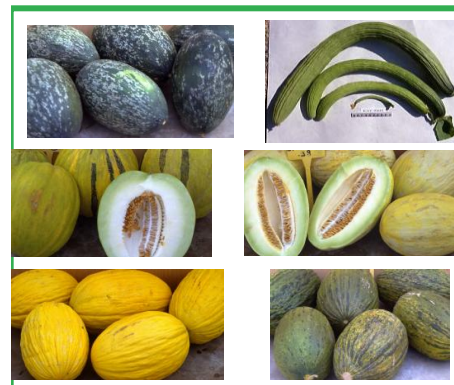
- \* *Se desarrollan actividades de investigación, transferencia de tecnología y formación en el ámbito de la Genética Vegetal*
- \* *En particular se trabaja en el campo de la mejora genética vegetal, desarrollando variedades de cultivos hortícolas que respondan a las demandas de la sociedad, y promoviendo la recuperación, conservación y utilización de los recursos fitogenéticos*



# Líneas de investigación

## \* Conservación y Utilización de Recursos Fitogenéticos: Banco de Germoplasma

- \* Selección y mejora de variedades tradicionales: valorización de lo nuestro
- \* Identificación de variantes alélicas mediante EcoTilling
- \* Análisis de la variabilidad morfológica y molecular de las colecciones de germoplasma:
  - \* Elección de los mejores genotipos para introducirlos en programas de mejora
  - \* Estudios de relación filogenéticas y procesos de domesticación

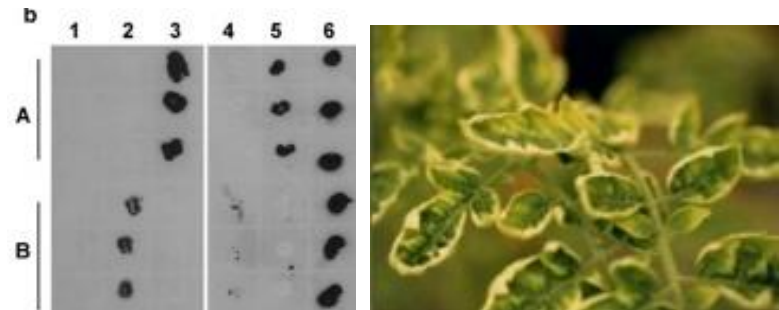
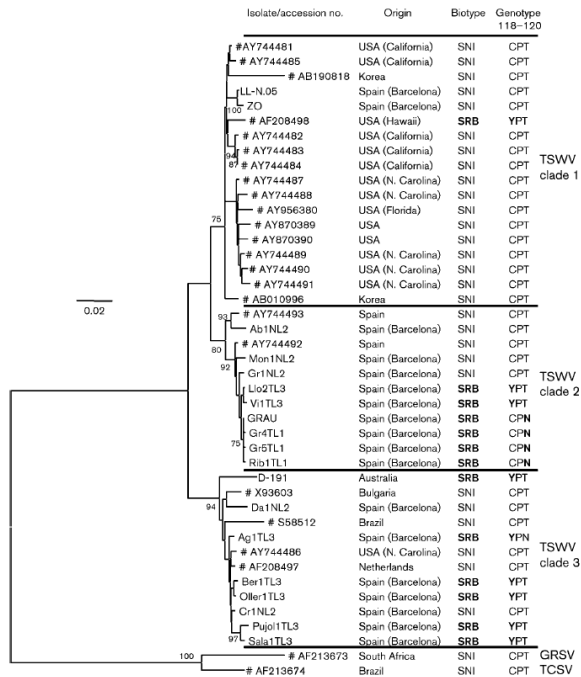


# Líneas de investigación



## \* Mejora genética del tomate y pimiento

- \* Búsqueda de genes de resistencia a virosis
- \* Hibridación interespecífica: superación de barreras de incompatibilidad
- \* Construcción de poblaciones de premejora, cartografía de genes de resistencia
- \* Caracterización molecular de virus de plantas. Desarrollo de métodos de diagnóstico
- \* Mejora de la calidad organoléptica y nutricional
- \* Desarrollo de híbridos adaptados a condiciones específicas



## Líneas de investigación

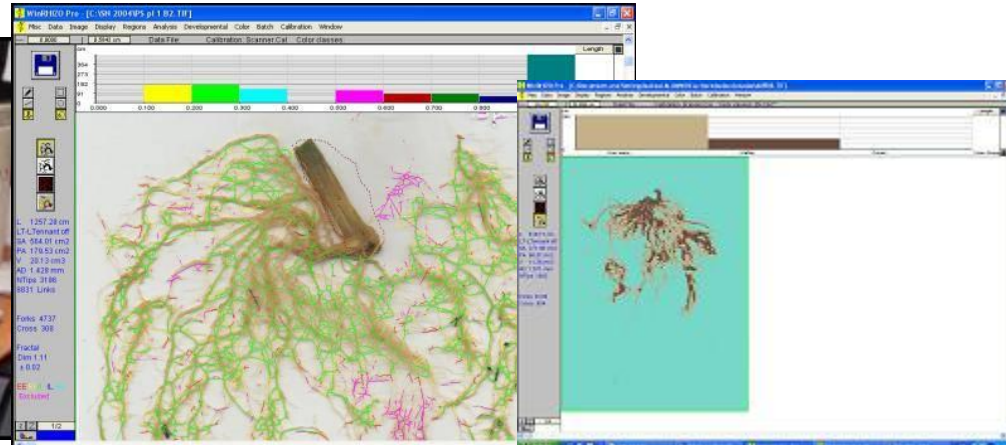
- \* **Mejora genética de la berenjena**
  - \* Construcción de mapas genéticos (*S. melongena* x *S. incanum*)
  - \* Desarrollo de marcadores moleculares
  - \* Cartografía de genes y QTLs
  - \* Desarrollo de líneas de introgresión
  - \* Mejora de la calidad



# Líneas de investigación

## \* Mejora genética de Cucurbitáceas

- \* Fenotipado de sistemas radiculares
- \* Análisis de la variación natural de genes mediante EcoTilling
- \* Aplicación de las técnicas de secuenciación masiva en calabaza (*C. pepo*, *C. moschata*)
- \* Generación de colecciones de marcadores SSRs y SNPs
- \* Construcción y aplicación de plataformas de genotipado masivo
- \* Desarrollo de poblaciones de premejora en calabacín (RILs, IIs)
- \* Construcción de mapas genéticos e identificación de QTLs



# Líneas de investigación

## **Cultivo *in vitro* y transformación genética de plantas**

- \* Micropropagación. Conservación de germoplasma *in vitro*
- \* Superación de barreras de incompatibilidad
- \* Organogénesis y embriogénesis.
- \* Genética de la capacidad de regeneración.



## \* **Obtención de doble haploides**

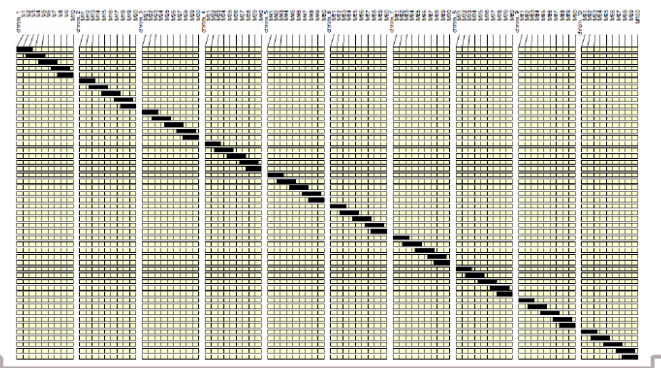
- \* Identificación de agentes inductores de androgénesis y marcadores de inducción en especies modelo
- \* Producción de líneas doble haploides en solanáceas (tomate, pimiento y berenjena)



# Líneas de investigación

Disección de caracteres cuantitativos :

Nuevas poblaciones adecuadas para la cartografía de características complejas



Berenjena



Melón



PARENTALES  
CULTIVADOS

Tomate



PARENTALES  
SILVESTRES



# *Líneas de investigación*

## \* **Bioinformática**

- \* Desarrollo de herramientas bioinformáticas aplicadas a la mejora genética
- \* -Análisis de secuencias de nueva generación, NGS
- \* -Análisis genómico y transcriptómico
- \* -Desarrollo de marcadores genéticos
- \* -Estudio de la variación en poblaciones de plantas cultivadas y silvestres a nivel genómico: procesos evolutivos, domesticación

