

## Actividades divulgación Proyecto AGROALNEXT\_2022

<b>Lugar</b>	Laboratorio de José Manuel Pérez, Genética, UMH, Elche
<b>Localidad</b>	Elche
<b>Provincia</b>	Alicante
<b>Fecha</b>	22 de septiembre 2023
<b>Proyecto:</b>	ROOT4UE
<b>Código proyecto</b>	AGROALNEXT_2022/036
<b>Grupo de investigación</b>	

### INFORME DE LA ACTIVIDAD:

El pasado 22 de septiembre se celebró la 4ª reunión de coordinación del grupo IP1 e IP2 del proyecto ROOT4UE (22-09-23, Elche).

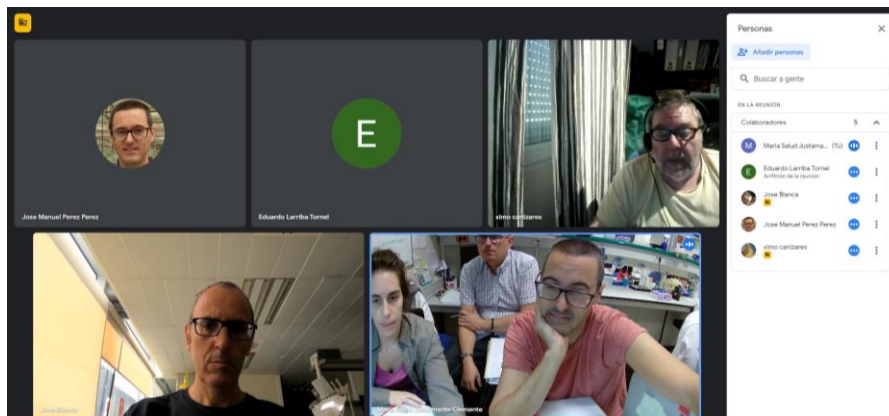
Organizadores:

- José Manuel Pérez Pérez (UMH)
- José Miguel Blanca Postigo (UPV)

Lugar: Google Meet

En esta cuarta reunión asistieron 5 personas vinculadas al proyecto ROOT4UE y se discutieron aspectos generales sobre la planificación de tareas dentro del proyecto, sugiriendo distintas líneas de abordaje de la problemática planteada.

### FOTOS DE LA ACTIVIDAD:



**ACTA DE LA REUNIÓN:**

**Acta de la cuarta reunión de los participantes en el subproyecto:  
*Transferencia de caracteres ancestrales de la raíz al cultivo de tomate  
para mejorar el uso eficiente de agua y nutrientes*  
(AGROALNEXT/2022/036).**

22 de septiembre de 2023

**Asistentes:** José Manuel Pérez Pérez, (JMP, IB-UMH) José Blanca Postigo (JB, COMAV-UPV), Joaquín Cañizares Sales (JC, COMAV-UPV), María Salud Justamante Clemente (MSJ, IB-UMH) y Eduardo Larriba Tornel (EL).

La reunión se ha llevado a cabo a través de Google Meet a las 10.00 h y JMP ha presentado un resumen de los últimos avances realizados en la selección de genes candidatos para estudiar a partir del meta-análisis realizado, sobre los cuales se llevarán a cabo distintos análisis *in silico* que permitan la selección de líneas de tomate ancestrales para los posteriores experimentos.

En este resumen, se han comentado las estrategias a seguir para la comparación genómica de las distintas líneas de tomate disponibles en el COMAV a través de polimorfismos en los genes de interés, permitiendo la clusterización en distintos grupos en función del perfil de haplotipos para los genes seleccionados. Esta agrupación permitirá la selección de líneas de tomate representativas de cada grupo de haplotipos, obteniendo la mejor representación de la variabilidad genética presente en nuestra colección de estudio en los ensayos de modulación radicular en respuesta a estrés

Sin más asuntos de tratar, finaliza la reunión a las 11:30 h.

Y para que conste a los efectos oportunos

Firma del IP1.