

Francisco Martínez-Abarca Pastor

Grupo de Ecología Genética de la Rizosfera. Estación Experimental del Zaidín – CSIC. Granada.

<http://www.eez.csic.es/?q=es/node/41>

Doctor en Ciencias Biológicas (Esp Bioquímica y Biología Molecular) por la Universidad Autónoma de Madrid (1992). Científico Titular desde el 2001 y desde el 2009 es Investigador Científico en el CSIC.

Su formación investigadora comienza con su introducción a la Biología Molecular desde la Virología Animal en el Centro de Biología Molecular Severo Ochoa bajo la dirección del Dr Luis Carrasco Llamas en proteínas codificadas por el Virus de la Polio.



Posteriormente dirige su Investigación a estudios moleculares del desarrollo de la Nodulación en Plantas producida por bacterias del “tipo” *Rhizobium* con el Dr Ton Bisseling de la Universidad Agrícola de Wageningen (1993-1996). Es, en este tema científico: Interacción bacteria-Planta donde desarrolla sus líneas de Investigación, centrándose en la actualidad sobre el microsimbionte (Rhizobio).

Las líneas actuales de Investigación en el grupo del que forma parte son: (i) Análisis genómico de comunidades microbianas del suelo: desarrollo y explotación de metagenomas. (ii) Mecanismos moleculares de la colonización de la rizosfera por microorganismos de interés biotecnológico: *Sinorhizobium meliloti* como modelo. (iii) Desarrollo de intrones del grupo II como vectores de reconocimiento génico y su aplicación en genómica funcional de microorganismos y plantas.

Ha participado en 28 proyectos competitivos (4 de Investigador Principal), 42 artículos en revistas del SCI, 4 capítulos de Libros y 2 patentes, una de ellas en fase PCT. Ha dirigido 3 tesis doctorales.

Es el responsable del servicio de secuenciación de su centro y recientemente ha publicado el cierre completo de la primera bacteria Rhizobiaceae “española” (la 4ª de este grupo).

2005 Un antes y un después ...

La revolución derivada de los nuevos métodos de Secuenciación Masiva.

Si acudes a esta charla es porque sientes cierta curiosidad ante este tipo de preguntas:

- (i) ¿Qué son las letras AGTC?, un lenguaje, compuestos químicos, nomenclatura humana; nomenclatura virtual, todo a la vez?.
- (ii) ¿Qué diferencias hay entre un genoma y un gen?
- (iii) ¿Por qué hay *bichos* de los que conocemos bien su genoma y otros de los que a la pregunta (simple) de qué tamaño tienen no podemos dar una respuesta fácil?
- (iv) ¿Qué nos espera en el futuro inmediato en cuanto a la secuenciación de genomas humanos?. ¿Cómo de lejos andamos de disponer de nuestro genoma por 800 €, ¿y para qué nos puede servir?.
- (v) ¿En qué se basan las nuevas plataformas de secuenciación masiva?
- (vi) ¿Qué revolución están suponiendo en la investigación (bases de datos), nuevas maneras de obtener resultados?
- (vii) ¿Nuevas Empresas biotecnológicas asociadas?
- (viii) ¿Cómo funciona un servicio de secuenciación?