



UNIVERSITAS
Miguel Hernández

**Expresión heteróloga de genes
de la familia CUPULIFORMIS
en *Arabidopsis thaliana***

Pablo Anselmo Penalva Pérez

Tutores:

José Luis Micol Molina

Lucía Juan Vicente

Área de Genética

Departamento de Biología Aplicada

Grado en Biotecnología

Facultad de Ciencias Experimentales

Curso académico 2018-2019

JOSÉ LUIS MICOL MOLINA, Catedrático de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

LUCÍA JUAN VICENTE, contratada predoctoral del Programa de Formación de Profesorado Universitario (FPU) del Ministerio de Educación, Cultura y Deporte,

HACEMOS CONSTAR:

Que el presente trabajo ha sido realizado bajo nuestra dirección y recoge fielmente la labor llevada a cabo por Pablo Anselmo Penalva Pérez como Trabajo de Fin del Grado en Biotecnología. Las investigaciones reflejadas en esta memoria se han desarrollado íntegramente en la Unidad de Genética del Instituto de Bioingeniería de la Universidad Miguel Hernández de Elche.

Lucía Juan Vicente

José Luis Micol Molina

Elche, 27 de junio de 2019.

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

Se han descrito en las plantas —y en particular en los animales— procesos biológicos regulados epigenéticamente por proteínas evolutivamente conservadas. En el laboratorio de José Luis Micol se están estudiando dos genes parálogos, *INCURVATA11* (*ICU11*) y *CUPULIFORMIS2* (*CP2*), que codifican proteínas que forman parte de la maquinaria epigenética de *Arabidopsis thaliana*. Las proteínas ICU11 y CP2 pertenecen a la superfamilia de las dioxigenasas dependientes de 2-oxoglutarato y Fe²⁺, pero se desconoce su función molecular concreta. En este Trabajo de Fin de Grado se ha iniciado un estudio de la conservación funcional de las proteínas ICU11 y CP2 en el reino vegetal, obteniendo transgenes de expresión constitutiva de los presuntos ortólogos de *ICU11* y *CP2* de la brassicácea *Brassica rapa*, la astérida *Solanum lycopersicum*, la monocotiledónea *Oryza sativa*, el musgo *Physcomitrella patens* y la hepática *Marchantia polymorpha*. Estamos transfiriendo a *Arabidopsis thaliana* dichos transgenes, a fin de estudiar los efectos fenotípicos de su expresión heteróloga en plantas silvestres S96 y mutantes *icu11-1*. Nuestros resultados preliminares sugieren la conservación de la función de *ICU11* y *CP2* entre las angiospermas, al menos.

Palabras clave: Arabidopsis, epigenética, familia CUPULIFORMIS, expresión heteróloga.

Biological processes epigenetically regulated by evolutionarily conserved proteins have been described in plants, and in particular, in animals. In the laboratory of José Luis Micol, two paralogous genes are under study: *INCURVATA11* (*ICU11*) and *CUPULIFORMIS2* (*CP2*), which encode proteins that form part of the epigenetic machinery of *Arabidopsis thaliana*. The ICU11 and CP2 proteins belong to the Fe²⁺/2-oxoglutarate-dependent dioxygenase superfamily, but its function is unknown. In this End of Degree Assignment, we initiated a study of the extent of the functional conservation of the ICU11 and CP2 proteins in the Plant Kingdom. To this end, we generated transgenes overexpressing putative orthologs of *ICU11* and *CP2* from *Brassica rapa* (representing *Brassicaceae*), *Solanum lycopersicum* (Asterids), *Oryza sativa* (Monocotyledons), *Physcomitrella patens* (Mosses), and *Marchantia polymorpha* (Liverworts). The transfer of these transgenes to *Arabidopsis thaliana* should allow the study of the phenotypic effects of their heterologous expression on wild-type S96 and mutant *icu11-1* plants. Our preliminary results suggest that the function of *ICU11* and *CP2* is conserved at least in angiosperms.

Keywords: Arabidopsis, epigenetics, CUPULIFORMIS family, heterologous expression.