



Universidad Miguel Hernández de Elche

Análisis de la regulación de la expresión del gen *DEAL1* de Arabidopsis

Sergio Navarro Cartagena

Tutores:

José Luis Micol Molina

David Wilson Sánchez

Unidad de Genética

Instituto de Bioingeniería

Máster en Biotecnología y Bioingeniería

Curso académico 2015-2016

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

DAVID WILSON SÁNCHEZ, contratado predoctoral de la Universidad Miguel Hernández de Elche,

HACEMOS CONSTAR:

Que el presente trabajo ha sido realizado bajo nuestra dirección y recoge fielmente la labor realizada por el Graduado Sergio Navarro Cartagena como Trabajo de Fin del Máster en Biotecnología y Bioingeniería. 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.

David Wilson Sánchez

José Luis Micol Molina

Elche, 31 de agosto de 2016

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

En el laboratorio de J.L. Micol se llevó a cabo una búsqueda de mutantes foliares de *Arabidopsis*, en la que se encontraron 706, solo uno de los cuales presentaba hojas vegetativas asimétricas: *desigual1-1* (*deal1-1*). La expresión del gen *DEAL1* se restringe a las células en división activa. En este Trabajo de Fin de Máster hemos iniciado el análisis de su regulación transcripcional mediante un escrutinio de factores de transcripción basado en el ensayo de un híbrido de la levadura. Hemos comparado el promotor de *DEAL1* con los de sus ortólogos en otras brassicáceas, e identificado sus regiones más conservadas. Hemos diseñado y construido a continuación varios cebos que contienen dichas regiones conservadas, con los que hemos sometido a escrutinio una genoteca de presas en la que están representados 1.200 factores de transcripción de *Arabidopsis*. Hemos detectado solo una interacción, con ACTIVATOR OF SPOMIN::LUC2 (ASML2), un factor de transcripción poco estudiado, cuya sobreexpresión incrementa la actividad de genes inducibles por azúcares metabolizables. ASML2 contiene un dominio CCT, como los factores de transcripción CONSTANS, CONSTANS-LIKE y TIMING OF CAB EXPRESSION1, que participan en el control del momento de la floración y el reloj circadiano.

Palabras clave: *Arabidopsis*; *DESIGUAL1*; promotor; factor de transcripción; ensayo de un híbrido de la levadura.

In a screen for *Arabidopsis* leaf mutants, conducted in the laboratory of J.L. Micol, 706 insertional lines were identified, only one of which exhibited asymmetric vegetative leaves: *desigual1-1* (*deal1-1*). Expression of the *DEAL1* gene was found restricted to actively dividing cells. In this Master's Thesis we have started the analysis of the transcriptional regulation of *DEAL1* through a screen for transcription factors based on the yeast-one-hybrid assay. We first compared the promoter of *DEAL1* with those of their orthologs in other brassicaceae, and identified their most conserved regions. We then designed and constructed several baits containing these conserved regions, with which a prey library representing 1,200 *Arabidopsis* transcription factors was screened. We detected only one interactor: ACTIVATOR OF SPOMIN::LUC2 (ASML2), a poorly studied transcription factor, whose overexpression increases the activity of genes inducible by metabolizable sugars. ASML2 contains a CCT domain, as the CONSTANS, CONSTANS-LIKE and TIMING OF CAB EXPRESSION1 transcription factors, which participate in the control of flowering time and the circadian clock.

Keywords: *Arabidopsis*; *DESIGUAL1*; promoter; transcription factors; yeast-one-hybrid assay.