



**UNIVERSITAS**  
*Miguel Hernández*

**Universidad Miguel Hernández de Elche**

**Análisis de las interacciones  
genéticas del gen *SMO4*, que codifica  
un factor de la biogénesis del ribosoma  
en *Arabidopsis***

**Sara Fontcuberta Cervera**

Tutoras:

María Rosa Ponce Molet

Rosa Micol Ponce

Unidad de Genética

Instituto de Bioingeniería

Máster Universitario en Biotecnología y Bioingeniería

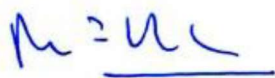
Curso académico 2017/2018

MARÍA ROSA PONCE MOLET, Catedrática de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

ROSA MICOL PONCE, Investigadora posdoctoral de la Universidad Miguel Hernández de Elche,

HACEMOS CONSTAR:

Que el presente trabajo ha sido llevado a cabo bajo nuestra dirección y recoge fielmente la labor realizada por la Graduada Sara Fontcuberta Cervera como Trabajo de Fin del Máster en Biotecnología y Bioingeniería. Las investigaciones que se reflejan en esta memoria han sido desarrolladas íntegramente en la Unidad de Genética del Instituto de Bioingeniería de la Universidad Miguel Hernández de Elche.



María Rosa Ponce Molet



Rosa Micol Ponce

Elche, 28 de junio de 2018.

## I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

El gen *Nucleolar protein p53 (Nop53)* de *Saccharomyces cerevisiae* codifica un factor de la biogénesis del ribosoma necesario para la maduración del ARN ribosómico (ARNr) 5.8S; su ortólogo en *Arabidopsis* es *SMALL ORGAN 4 (SMO4; AT2G40430)*. En el laboratorio de María Rosa Ponce se han obtenido evidencias moleculares de la relación funcional de *SMO4* con *MAS2*, *MTR4*, *NUC1* y *NUC2*, que también codifican factores de la biogénesis del ribosoma. En este Trabajo de Fin de Máster hemos analizado las interacciones genéticas entre alelos de insuficiencia de función de estos genes, obteniendo dobles mutantes y estudiando sus fenotipos morfológico y fisiológico. Se tomaron fotografías de las rosetas y micrografías de la capa subepidérmica del mesófilo en empalizada y de la venación foliar, que se transformaron en diagramas para su análisis morfométrico. Se extrajeron y cuantificaron clorofilas y antocianinas, y se visualizó la autofluorescencia de los cloroplastos. Los rasgos fenotípicos que hemos analizado en los dobles mutantes revelan la existencia de sinergia o epistasia en la mayoría de los casos y de aparente aditividad solo en algunos. Considerados en conjunto, nuestros resultados corroboran que los genes estudiados están relacionados funcionalmente.

**Palabras clave:** *SMO4*, *MAS2*, ARNr, morfometría, *Arabidopsis*.

In yeast, the *Nucleolar protein 53 (Nop53)* gene encodes a ribosome biogenesis factor required for 5.8S ribosomal RNA (rRNA) maturation; its *Arabidopsis* ortholog is *SMALL ORGAN 4 (SMO4; AT2G40430)*. The laboratory of María Rosa Ponce has obtained molecular evidence of the functional relationship of *SMO4* with *MAS2*, *MTR4*, *NUC1* and *NUC2*, genes that also encode ribosome biogenesis factors. In this End of Master Assignment, we analyzed the genetic interactions among loss-of-function alleles of these genes: we obtained double mutants and studied their morphological and physiological phenotypes. Pictures were taken from rosettes, the subepidermal layer of palisade mesophyll, and leaf venation, which were transformed into diagrams for its morphometric analysis. We extracted and quantified chlorophylls and anthocyanins, and visualized chloroplast autofluorescence. The phenotypic traits that we analyzed in double mutants revealed the existence of synergy or epistasis in most cases, and of apparent additivity in some others. Taken together, our results corroborate that the genes under study are functionally related.

**Keywords:** *SMO4*, *MAS2*, rRNA, morphometry, *Arabidopsis*.