



UNIVERSITAS
Miguel Hernández

Universidad Miguel Hernández de Elche

Contribución al análisis funcional de los genes de la ruta de los microARN en Arabidopsis

Jimmy Andrés Sampedro Guerrero

Tutoras:

María Rosa Ponce Molet

Raquel Sarmiento Mañús

Unidad de Genética

Instituto de Bioingeniería

Máster Universitario en Biotecnología y Bioingeniería

Curso académico 2018/2019

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

RAQUEL SARMIENTO MAÑÚS, Profesora Asociada de Genética 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 Jimmy Andrés Sampedro Guerrero 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

Raquel Sarmiento Mañús

Elche, 28 de junio de 2019.

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

Los microARN (miARN) son ARN endógenos y de pequeño tamaño que regulan la expresión génica a nivel post-transcripcional, inhibiendo la traducción o induciendo la degradación de sus ARNm diana, de los que son complementarios. En el laboratorio de la profesora María Rosa Ponce se han obtenido mutantes de varios de los genes de la maquinaria de los miARN, y en este Trabajo de Fin de Máster hemos investigado otras posibles funciones de estos genes. Hemos analizado las interacciones entre genes de esta ruta (*AGO1* y *HYL1*) y de la remodelación de la cromatina (*FAS1*), así como investigado su posible implicación en la biogénesis del ribosoma. Con este objetivo hemos obtenido los dobles mutantes *fas1-1 ago1-52*, *fas1-1 ago1-27*, *fas1-1 hyl1-2* y *fas1-1 hyl1-11*, cuyos fenotipos sinérgicos sugieren una conexión entre las rutas de regulación génica y el ensamblaje de la cromatina. Además, hemos realizado hibridaciones de *northern* para determinar si existe una alteración en los mutantes de la maquinaria de los miARN en la maduración de los ARN ribosómicos (ARNr), puesto que resultados previos del laboratorio apuntaban a su participación en la biogénesis del ribosoma. Hemos determinado que el mutante *hyl1-12* presenta múltiples alteraciones en el procesamiento del pre-ARNr 45S, lo que indicaría la participación de *HYL1* en este proceso.

Palabras clave: *microARN, ARNr, ribosoma, Arabidopsis.*

miRNAs are endogenous and small RNAs that regulate gene expression at post-transcriptional level, inhibiting translation or inducing the degradation of their target mRNAs, of which are complementary. In the laboratory of Maria Rosa Ponce, some mutants of the miRNA machinery have been obtained, and in this TFM we have investigated other possible functions of these genes. We have analyzed the interactions between the genes involved in this process (*AGO1* and *HYL1*) and in chromatin remodeling (*FAS1*). With this objective, we have obtained the double mutants *fas1-1 ago1-52*, *fas1-1 ago1-27*, *fas1-1 hyl1-2* and *fas1-1 hyl1-11*, whose synergistic phenotypes suggest a connection between these processes. In addition, we have performed northern blot hybridizations to determine if the maturation of the rRNAs is altered in the mutants of the miRNA machinery, because our previous results pointed to their participation in the biogenesis of the ribosome. We have determined that the processing of the 45S pre-rRNA is defective in the *hyl1-12* mutant, suggesting the participation of *HYL1* in this process.

Keywords: *microRNA, rRNA, ribosome, Arabidopsis.*