

Estudios sobre la regulación de la expresión génica por microARNs en plantas mediante estrategias bioinformáticas

Uciel Chorostecki

Director Dr. Javier Palatnik
Instituto Biología Molecular y Celular Rosario



miARNs

- Los microARNs (miARNs) son ARN pequeños de 20-22 nt que regulan la expresión génica en animales y plantas.
- En plantas controlan procesos vitales como el desarrollo, señalización hormonal y respuestas al estrés



Objetivos

- 1 Identificar genes regulados por miARNs en plantas.
- 2 Estudiar la biogénesis de los miARNs en plantas.



Objetivos

- 1 Identificar genes regulados por miARNs en plantas.
- 2 Estudiar la biogénesis de los miARNs en plantas.



Objetivos específicos

- Diseñar una estrategia para la identificación de genes blanco regulados por miARNs en plantas, basado en la conservación evolutiva del par miARN-gen blanco.
- Desarrollar herramientas que permitan el análisis de los intermediarios de procesamiento de miARNs en plantas a partir de bibliotecas de secuenciación masiva de ARN.
- Identificar y caracterizar precursores de miARNs en distintas especies que tengan mecanismos de procesamiento distintos.
- Caracterizar la relación entre la evolución de los precursores de miARNs en plantas y los mecanismos de procesamiento determinados previamente.



Objetivos específicos

- Diseñar una estrategia para la identificación de genes blanco regulados por miARNs en plantas, basado en la conservación evolutiva del par miARN-gen blanco.
- Desarrollar herramientas que permitan el análisis de los intermediarios de procesamiento de miARNs en plantas a partir de bibliotecas de secuenciación masiva de ARN.
- Identificar y caracterizar precursores de miARNs en distintas especies que tengan mecanismos de procesamiento distintos.
- Caracterizar la relación entre la evolución de los precursores de miARNs en plantas y los mecanismos de procesamiento determinados previamente.



Aplicaciones bioinformáticas para el estudio de interacciones miARN-gen blanco



Conservación y divergencia de miARNs en distintas especies

miR319		miR160	
BAD	AVG 0000	BAD	AVG 0000
ath miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ath miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ath miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ath miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ath miR319c	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ath miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
bdi miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	bdi miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
cpa miR319	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	bdi miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
csi miR319	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	bdi miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	bdi miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	bdi miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319e	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	bdi miR160f	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319g	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	cpa miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319h	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	cpa miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319j	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	cpa miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319k	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	cpa miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319l	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	cpa miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319m	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	cpa miR160f	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319p	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	csi miR160	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
gma miR319q	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	gma miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
mdm miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	gma miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
mdm miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	gma miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ntr miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	gma miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ntr miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	gma miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ntr miR319c	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	gma miR160f	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ntr miR319d	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mdm miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
osa miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mdm miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
osa miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mdm miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ppe miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mdm miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mdm miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mtr miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319c	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mtr miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319d	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mtr miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319e	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mtr miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319f	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	mtr miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319g	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	osa miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319h	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	osa miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
ptc miR319i	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	osa miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
sls miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	osa miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
sls miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	osa miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
sls miR319c	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	osa miR160f	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
stu miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ppe miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
stu miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ppe miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
vvi miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
vvi miR319c	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
vvi miR319f	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
vvi miR319g	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
vvi miR319e	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
zma miR319a	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160f	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
zma miR319c	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160g	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
zma miR319b	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	ptc miR160h	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
zma miR319d	UUGGACUGAAGGGAAGCUCCU U	sls miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
cons	*** *****	stu miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		stu miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		vvi miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		vvi miR160b	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		vvi miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		vvi miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		vvi miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		zma miR160a	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		zma miR160c	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		zma miR160d	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		zma miR160e	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		zma miR160f	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA
		zma miR160g	UGCCUGGCUCCUGUAUGCCA

cons



Conclusión I

miARN	Consenso (18 nt)	Targets conocidos ^(a,b)
miR156	GACAGAAGAGAGTGAGCA	factores de transcripción SPL
miR159	TTGGATTGAAGGGAGCTC	factores de transcripción MYB, NOZZLE (NZL)
miR160	GCCTGGCTCCCTGTATGC	factores de transcripción ARF
miR162	CGATAAACCTCTGCATCC	DCL1
miR164	GGAGAAGCAGGGCACGTG	factores de transcripción NAC
miR166	CGGACCAGGCTTCATTCC	factores de transcripción HDZip
miR167	GAAGCTGCCAGCATGATC	factores de transcripción ARF, IAA-ALANINE RESISTANT 3 (IAR3)
miR168	CGCTTGGTGACGGTCGGG	AGO1
mir169	AGCCAAGGATGACTTGCC	factores de transcripción CCAAT-HAP2
mir171	TTGAGCCGTGCCAATATC	factores de transcripción GRAS
miR172	GAATCTTGATGATGCTGC	factores de transcripción AP2
miR319	TGGACTGAAGGGAGCTCC	factores de transcripción TCP
miR390	AGCTCAGGAGGGATAGCG	TAS RNA
miR393	CCAAAGGGATCGCATTGA	TIR1 proteins, F-BOX proteins
miR394	TGGCATTTCTGTCCACCTC	proteínas F-BOX
miR395	TGAAGTGTTGGGGGAAC	ATP-sulfurilasas, transportadores de sulfato
miR396	TCCACAGCTTTCTTGAAC	factores de transcripción GRF, MMG4.7, FLUORESCENT IN BLUE LIGHT (FLU)
miR397	CATTGAGTGCAGCGTTGA	Laccases
miR398	GTGTTCTCAGGTACCCCC	Cu/Zn SODs, CytC oxidase protein subunit, Chaperona de cobre (CCS)
miR399	GCCAAAGGAGATTGCCCC	Enzima E2 de conjugación de ubiquitina
miR408	TGCACTGCCTCTTCCCTG	Blue copper proteins, Laccases, P-TYPE ATPase (PAA2), PAC1 (Proteasome component)
miR827	TAGATGACCATCAGCAAA	SPX proteins



Conclusión I

- a



Conclusión I

- a
- a



Conclusión I

- a
- a
- a



Objetivos específicos

- Diseñar una estrategia para la identificación de genes blanco regulados por miARNs en plantas, basado en la conservación evolutiva del par miARN-gen blanco.
- Desarrollar herramientas que permitan el análisis de los intermediarios de procesamiento de miARNs en plantas a partir de bibliotecas de secuenciación masiva de ARN.
- Identificar y caracterizar precursores de miARNs en distintas especies que tengan mecanismos de procesamiento distintos.
- Caracterizar la relación entre la evolución de los precursores de miARNs en plantas y los mecanismos de procesamiento determinados previamente.



Objetivos específicos

- Diseñar una estrategia para la identificación de genes blanco regulados por miARNs en plantas, basado en la conservación evolutiva del par miARN-gen blanco.
- Desarrollar herramientas que permitan el análisis de los intermediarios de procesamiento de miARNs en plantas a partir de bibliotecas de secuenciación masiva de ARN.
- Identificar y caracterizar precursores de miARNs en distintas especies que tengan mecanismos de procesamiento distintos.
- Caracterizar la relación entre la evolución de los precursores de miARNs en plantas y los mecanismos de procesamiento determinados previamente.



Muchas gracias.

