

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

- ▶ 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

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

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

- ▶ Diseñar una estrategia y una herramienta web para la identificación de genes blancos regulados por miARNs en plantas.
- ▶ Desarrollar herramientas para el análisis de los intermediarios de procesamiento de miARNs en plantas.
- ▶ 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.

- ▶ Diseñar una estrategia y una herramienta web para la identificación de genes blancos regulados por miARNs en plantas.
- ▶ Desarrollar herramientas para el análisis de los intermediarios de procesamiento de miARNs en plantas.
- ▶ 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.

Conservación y divergencia de miARNs en distintas especies

[illegible]

cons 

[illegible]

cons *****

22 miARNs que están conservados en Angiospermas

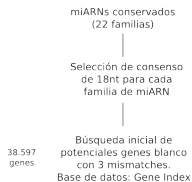
miARNs conservados
(22 familias)

Secuencias consensos de 18 nt (2-19)

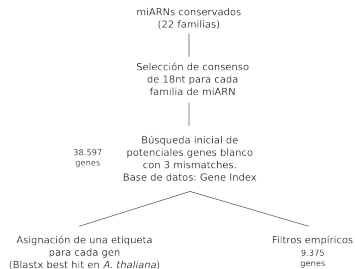
miARNs conservados
(22 familias)

Selección de consenso
de 18nt para cada
familia de miARN

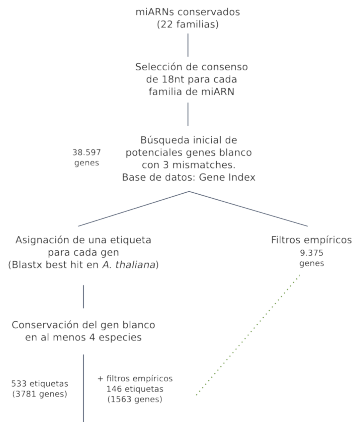
Primera búsqueda general de potenciales genes blancos



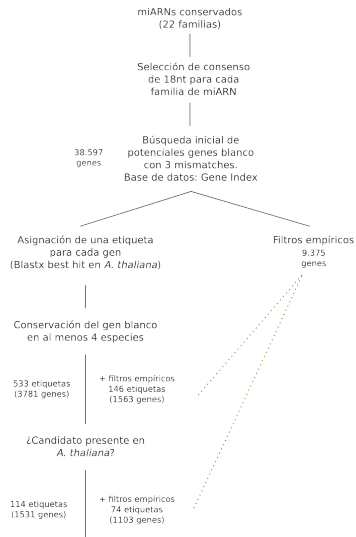
Filtros de evolución y empíricos de interacción miARN-gen blanco

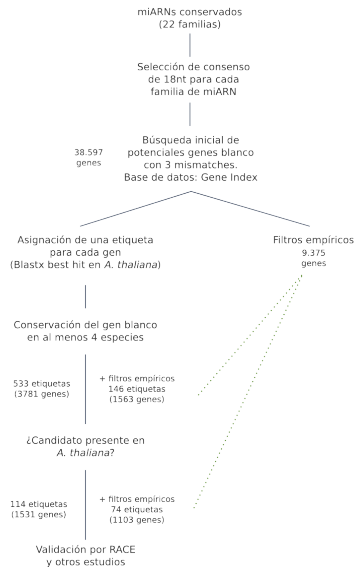


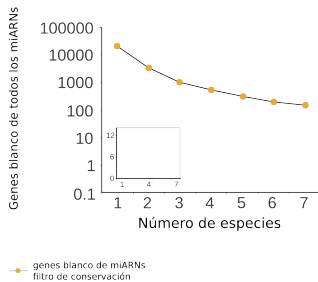
Mínimo de 4 especies requeridas

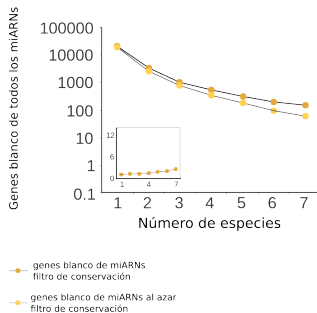


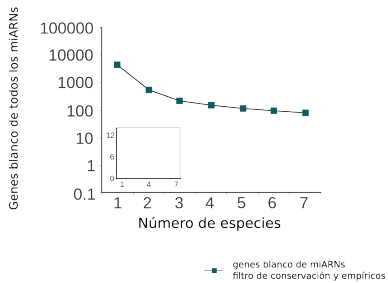
Genes blanco en *A. thaliana*

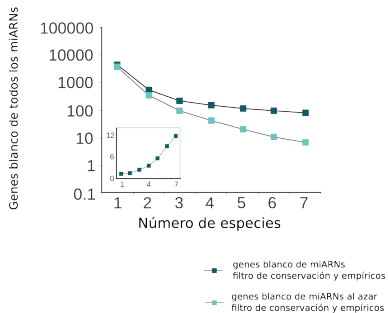


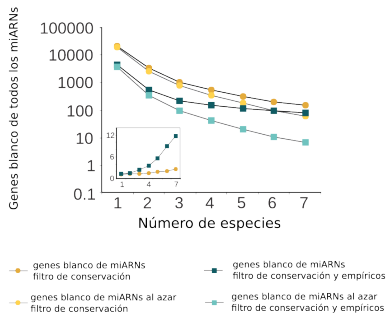


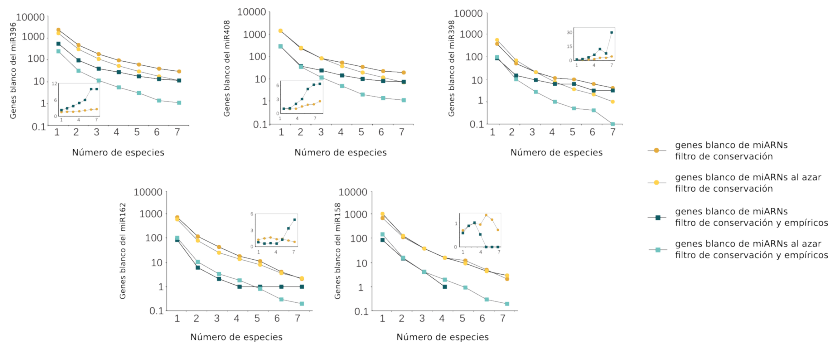












Conclusión I

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	CGCTTGGTGCAGGTCGGG	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	TGGCATTCTGTCCACCTC	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	GTGTTCTCAGGTCACCCC	Cu/Zn SODs, CytC oxidase protein subunit, Chaperona de cobre (CCS)
miR399	GCCAAAGGAGATTTGCCC	Enzima E2 de conjugación de ubiquitina
miR408	TGCACTGCCTCTTCCTCG	Blue copper proteins, Laccases, P-TYPE ATPase (PAA2), PAC1 (Proteasome component)
miR827	TAGATGACCATCAGCAA	SPX proteins

► a

► a

► a

► a

► a

► a

Muchas gracias.