



UNIVERSITAS
Miguel Hernández

Universidad Miguel Hernández de Elche

Interacciones genéticas del gen *PHAX* de *Arabidopsis thaliana*

Anastasija Pju-Kovrova

Tutoras:

María Rosa Ponce Molet

Sara Fontcuberta Cervera

Área de Genética

Departamento de Biología Aplicada

Grado en Biotecnología

Facultad de Ciencias Experimentales

Curso académico 2023-2024

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

SARA FONTCUBERTA CERVERA, Investigadora 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 Anastasija Pju-Kovrova como Trabajo de Fin del Grado en Biotecnología. 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.



María Rosa Ponce Molet



Sara Fontcuberta Cervera

Elche, 20 de junio de 2024.

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

En este Trabajo de Fin de Grado se ha contribuido a la caracterización funcional de la proteína PHOSPHORYLATED ADAPTOR FOR RNA EXPORT (PHAX) de Arabidopsis. Para ello, se ha continuado con el trabajo iniciado en el laboratorio en relación con el análisis de interacciones genéticas entre dos alelos presuntamente hipomorfos del gen *PHAX* (*phax-1* y *phax-2*), y otros nulos o hipomorfos de genes que codifican factores de la biogénesis del ribosoma y proteínas ribosómicas (*mtr4-2*, *parl1-2*, *rrp7-1*, *smo4-3* y *rps24b-2*), o factores relacionados con el *splicing* (*amiR-MAS2*, *prp8-7* y *cxip4-2*). La ausencia de dobles mutantes en las familias F₂ y F₃ de la mayoría de los cruzamientos analizados, y el fenotipo sinérgico o epistático de aquellos pocos que se han identificado, revelan una relación funcional entre los genes a estudio. Por otro lado, se ha aislado un mutante nulo del gen *ANAC082*, que codifica un factor de transcripción que regula la respuesta al estrés nucleolar en Arabidopsis. Se han iniciado los cruzamientos con los mutantes *phax* y algunos de los anteriormente mencionados, con el fin de descubrir si los fenotipos de estos mutantes se suprimen en los dobles mutantes, como ocurre con otros mutantes de genes que codifican factores implicados en la traducción.

Palabras clave: Arabidopsis, biogénesis del ribosoma, *splicing*, PHAX, ANAC082, análisis de interacciones genéticas

In this Final Degree Project, we have contributed to the functional characterization of the PHOSPHORYLATED ADAPTOR FOR RNA EXPORT (PHAX) protein in Arabidopsis. For this purpose, we have continued the analysis of genetic interactions, previously initiated in the laboratory, between two putative hypomorphic alleles of the *PHAX* gene (*phax-1* and *phax-2*), and other null or hypomorphic alleles of genes encoding ribosome biogenesis factors and ribosomal proteins (*mtr4-2*, *parl1-2*, *rrp7-1*, *smo4-3*, and *rps24b-2*), or factors related to splicing (*amiR-MAS2*, *prp8-7*, and *cxip4-2*). The absence of double-mutant plants in the F₂ and F₃ of most of the analyzed crosses, and the synergistic or epistatic phenotype of the few identified double mutants, reveal a functional relationship between the genes under study. Additionally, a null mutant of the *ANAC082* gene, which encodes a transcription factor that regulates the nucleolar stress response in Arabidopsis, has been isolated. Crosses with the *phax* mutants and some of the aforementioned mutants have been initiated to determine whether the phenotypes of these mutants are suppressed in the double mutants, as occurs with other mutants of genes encoding factors involved in translation.

Keywords: Arabidopsis, ribosome biogenesis, splicing, PHAX, ANAC082, analysis of genetic interactions