



**XXXVIII**  
**Congreso de la**  
**Sociedad Española**  
**de Genética**



**SEG 2011**  
**MURCIA**

**21-23 Septiembre**

## Regulación *cis- trans-* de genes de proteasas implicados en la germinación de las Brassicaceae

Barrero-Sicilia C, Wozny D, Iglesias-Fernandez R, Oñate-Sánchez L, Carbonero P

Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas, Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos, Universidad Politécnica de Madrid, Campus de Montegancedo 28223 Pozuelo de Alarcón, Madrid

La germinación comienza con la absorción de agua por parte de la semilla seca y concluye con la elongación del eje embrionario y la consecuente protrusión de la radícula a través de las cubiertas de la semilla. Los eventos que ocurren a continuación se consideran post-germinativos e incluyen la movilización de los compuestos de reserva, que permiten a la plántula nutrirse y desarrollarse hasta que deviene fotosintéticamente activa. Estudios transcriptómicos han revelado que en las primeras etapas de la germinación se produce un elevado número de transcritos que codifican proteasas implicadas en la degradación de las proteínas de reserva. En cebada, numerosos trabajos han demostrado que la regulación de una de estas proteasas durante la germinación está controlada por factores transcripcionales que se unen a secuencias concretas de sus promotores, y que el balance hormonal ABA/GA desempeña un papel muy importante en dicha regulación (Mena et al., 2002; Isabel-Lamonedada et al., 2003; Moreno-Risueño et al., 2007).

En este trabajo se propone la identificación de los elementos reguladores en *cis* implicados en el control de la expresión de los genes que codifican proteasas responsables de la movilización de las proteínas de reserva durante la germinación de *Arabidopsis thaliana*. Para ello se ha estudiado el promotor del gen *AtCathB3*; este gen codifica una proteasa fuertemente inducida durante las primeras etapas de la germinación en *A. thaliana*. Análisis filogenómicos comparativos *in silico*, con los promotores de sus genes ortólogos en distintas especies de Brassicas, han permitido la identificación de posibles secuencias reguladoras conservadas a lo largo de la evolución, cuya funcionalidad se ha demostrado en líneas transgénicas de *Arabidopsis AtCathB3prom::GUS*. Por último, se han utilizado estas secuencias conservadas para rastrear una genoteca normalizada en levaduras de aproximadamente 1200 cDNAs que codifican TFs de *A. thaliana* (Castrillo et al., 2011). Se han aislado dos TFs distintos, cuya caracterización molecular se está realizando mediante aproximaciones de genética directa e inversa, para determinar su papel en la regulación del gen *AtCathB3*.

Mena et al., (2002) *Plant Physiol.* 130: 111-119; Isabel-Lamonedada et al., (2003) *Plant J.* 33: 329-340; Moreno-Risueño et al., (2007) *Plant J.* 51: 352-365; Castrillo et al., (2011) *Plos One* (en prensa).