

## Tema para Seminario de investigación

**Orientación:** Biología

**Título del tema:** Eficiencia de splicing en genes mitocondriales de angiospermas

**Investigadores/docentes a cargo:** Laura García

**Contacto:** [lauraevgarcia@gmail.com](mailto:lauraevgarcia@gmail.com)

**Descripción:** Las mitocondrias son organelas esenciales de los organismos eucariotas originadas a partir de la endosimbiosis de una  $\alpha$ -proteobacteria. Poseen su propio material genético y sistema de expresión génica. A partir del evento endosimbiótico, la organela ha sufrido numerosos cambios, como la transferencia de genes funcionales al núcleo, el reemplazo de genes mitocondriales por genes nucleares, y la pérdida definitiva de muchos de ellos (Gray et al., 2001). Los genomas mitocondriales de las plantas son muy particulares debido a su estructura, organización, en su expresión génica y en la presencia de múltiples repeticiones que dan lugar a eventos de recombinación (Kubo & Mikami 2007; Holec et al 2006). Otra de las particularidades de los genomas mitocondriales de plantas es la presencia de genes interrumpidos por intrones del grupo II. Luego de su transcripción, los intrones necesitan ser eliminados por un proceso llamado splicing. El splicing es esencial para el correcto funcionamiento de los genes codificados en el genoma mitocondrial y requiere una precisa coordinación con el núcleo (Bonen 2008; Brown et al 2014). Las características únicas que despliegan los genomas mitocondriales de las plantas disparan varios interrogantes acerca de la eficiencia de los procesos celulares que tienen lugar en esta organela. En la última década, han sido reportados más de 16 transcriptomas mitocondriales de plantas. La disponibilidad creciente de grandes cantidades de datos de secuenciación masiva permite el análisis de numerosos aspectos de la dinámica del genoma de esta organela y su eficiencia. En este proyecto se propone explorar la utilidad de datos de secuenciación masiva de RNA obtenidos de bases de datos públicas, para analizar la eficiencia del splicing de los intrones presentes en genomas mitocondriales de angiospermas. Además, la disponibilidad de RNAseq de un creciente número de angiospermas nos permitirá realizar análisis comparativos entre plantas con diferentes estilos de vida (parásitas vs de vida libre). Para cumplir con la propuesta, se llevarán a cabo las siguientes actividades: lectura de bibliografía, búsqueda de datos de secuenciación masiva de RNAseq que cumplan

con las condiciones necesarias para analizar el transcriptoma mitocondrial: RNA total, aislamiento, ribozero etc., descarga de los datos seleccionados, preparación de los datos: limpieza y curación de los datos obtenidos. Programas: Fastqc, Trimmomatic, preparación de las secuencias a mapear: preparación de secuencias en formato fasta, cds con y sin splicing manual, análisis bioinformático de la eficiencia de splicing: mapeo de reads utilizando bowtie2, recuento de reads mapeados, interpretación de resultados obtenidos.