

**Título:** “Descubrimiento de pequeños marcos de lectura en el cromosoma 3 de drosophila melanogaster.”

**Alumno/a:** GENNERO, Elin

**Director/a:** RIVERA POMAR, Rolando

**Fecha de defensa:** 29/12/2011

## **RESUMEN**

A medida que la decodificación de los genomas sigue adelante el conjunto de genes que determinan el fenotipo de los organismos parecen ser limitado a pesar de la gran variabilidad de formas existentes en la naturaleza, el conjunto de genes codificantes parecen no ser suficientes para explicar la gran diversidad de formas, particularmente las que diferencian a una especie de otra, entonces, ¿cómo se establecen esas diferencias? Nuevas tecnologías, como el secuenciamiento masivo de transcriptomas y genomas llevaron a la evidencia experimental de una transcripción generalizada del genoma (pervasive transcription) en la cual la mayoría del genoma es convertido en ARN. Esto implica que una gran parte de las regiones presuntamente no codificantes del genoma, tienen información expresada. El descubrimiento de los micros ARN ha demostrado que la regulación génica es más elaborada que lo esperado, a estos micro reguladores se le han sumado, recientemente, pequeños péptidos codificados por sORF (small Open Reading Frames o pequeños marcos abiertos de lectura). Estos efectores peptídicos no han sido identificados en los genomas porque los sistemas de predicción de genes no evalúan ORFs menores de 100 aminoácidos. Estas pequeñas proteínas codificadas por sORF cumplen roles importantes en el desarrollo de plantas, como por ejemplo, la proteína Cg-1 (<33 aminoácidos) que controla la interacción tomate-nematodo y la familia de proteínas CLE (75-100 aminoácidos) que está involucrada en el desarrollo del meristema de Arabidopsis 115. En D. melanogaster se ha aislado y caracterizado un gen llamado tarsal-less (tal; también denominado polished rice, plr). Este gen expresa un transcripto de 1,5 kilobases el cual había sido clasificado como no-codificante, el análisis funcional y molecular demostró que, sorprendentemente, un péptido de 11 aminoácidos es capaz de proveer a la función del gen. De esta manera se demostró la existencia de un gen que tiene la traducción directa de péptidos cortos a partir de un mensajero policistrónico Este gen es por otra parte un regulador de la transcripción. tal actúa sobre el factor de transcripción shavenbaby (svb) disparando el clivaje del amino-terminal de la proteína lo que produce la conversión de svb de represor a activador. En las búsquedas bioinformáticas de nuevos genes, con el fin de reducir la probabilidad de falsos positivos, generalmente se aplica un punto de corte arbitrario de ORFs (> 100 aminoácidos) en los algoritmos de búsqueda y anotación de genes dejando a un lado

posibles sORF Este trabajo provee la primer búsqueda sistemática de estos sORF codificantes reportada hasta el momento en *D.melanogaster*, la cual arrojó un total de 429 pequeños péptidos posibles codificados por el cromosoma 3 de este organismo.