



UNIVERSITAS
Miguel Hernández

Universidad Miguel Hernández de Elche

Análisis de las funciones postembrionarias del gen *KEULE* de *Arabidopsis*

Carolina Cara Rodríguez

Tutores:

José Luis Micol Molina

Alejandro Ruiz Bayón

Área de Genética

Departamento de Biología Aplicada

Grado en Biotecnología

Facultad de Ciencias Experimentales

Curso académico 2021-2022

JOSÉ LUIS MICOL MOLINA, Catedrático de Genética de la Universidad Miguel Hernández de Elche, y

ALEJANDRO RUIZ BAYÓN, Contratado 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 Carolina Cara Rodríguez 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.

**JOSE
LUIS|
MICOL|
MOLINA**

Firmado digitalmente por JOSE LUIS| MICOL|MOLINA
Fecha: 2022.06.27 12:59:25 +02'00'

José Luis Micol Molina

Firmado por
ALEJANDRO RUIZ BAYON
- NIF:***8489** el
día 27/06/2022 con
un certificado
emitido por ACCVCA-
120

Alejandro Ruiz Bayón

Elche, 27 de junio de 2022.

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

I.- RESUMEN Y PALABRAS CLAVE

El gen *KEULE* (*KEU*) de *Arabidopsis thaliana* codifica una proteína de tipo Syntaxin-binding protein 1/Mammalian Uncoordinated-18 (Sec1/Munc18; SM), que interacciona con los complejos SNARE ubicados en la superficie de las vesículas que transportan el material que se integrará en la pared celular durante la citocinesis. La proteína KEULE coordina la fusión de estas vesículas, propiciando así la formación de la pared celular. En el laboratorio de José Luis Micol se han identificado dos nuevos alelos recesivos e hipomorfos de *KEULE*, *serrata4-1* (*sea4-1*) y *sea4-2*, que a diferencia de todos los anteriormente descritos no causan letalidad en el estado de plántula. En este Trabajo de Fin de Grado hemos estudiado los mutantes *sea4-1* y *sea4-2* con el fin de establecer las funciones del gen *KEULE* durante el desarrollo postembrionario. Hemos caracterizado algunos rasgos del fenotipo morfológico de las hojas de la roseta y la raíz principal de estos mutantes, así como de su histología foliar, tanto de las epidermis adaxial y abaxial como del mesófilo en empalizada y el lagunar. Concluimos que KEULE también participa en la citocinesis postembrionaria, dado que en los mutantes *sea4-1* y *sea4-2* se reduce el tamaño de órganos adultos como la hoja y la raíz principal, y se altera la división celular, que rinde células de tamaños dispares y organización espacial aberrante.

Palabras clave: KEULE, SNARE, proteínas SM, morfogénesis del margen foliar.

The *KEULE* (*KEU*) gene of *Arabidopsis thaliana* encodes a Syntaxin-binding protein 1/Mammalian Uncoordinated-18 (Sec1/Munc18; SM) type protein that interacts with the SNARE complexes present on the surface of the vesicles that transport cell wall material during cytokinesis. The KEULE protein coordinates the fusion of such vesicles, hence allowing cell wall formation. Two new recessive and hypomorphic alleles of *KEULE* have been identified in the laboratory of José Luis Micol: *serrata4-1* (*sea4-1*) and *sea4-2*. While all previously known alleles of *KEULE* cause lethality at the seedling stage, *sea4-1* and *sea4-2* are viable. In this End of Degree Assignment, we studied the *sea4-1* and *sea4-2* mutants to study the functions of the *KEULE* gene during post-embryonic development. We characterized some rosette leaf and primary root morphological phenotypic traits in these mutants, as well as of the histological phenotype of the adaxial and abaxial epidermis, and of the palisade and spongy mesophyll. We conclude that KEULE also participates in postembryonic cytokinesis, since the *sea4-1* and *sea4-2* mutants show reduced size of adult organs such as leaves and roots, and altered cell division, which yields cells of dissimilar sizes and aberrant spatial organization.

Keywords: KEULE, SNARE, SM proteins, leaf margin patterning.