



## BÚSQUEDA E IDENTIFICACIÓN DE MIRNAS EN AMARANTO

FLOR DE FÁTIMA ROSAS CÁRDENAS<sup>1</sup>, SARAI LOPEZ MALDONADO<sup>2</sup>, EDUARDO VAZQUEZ PORTILLO<sup>2</sup>, MARCELINO MARTÍNEZ NUÑEZ<sup>2</sup>, MAGALI RUIZ RIVAS<sup>2</sup>, FERNANDO VERA HERNANDEZ<sup>2</sup> y SILVIA LUNA SUÁREZ<sup>2</sup>

1 INSTITUTO POLITÉCNICO NACIONAL, 2 Centro de Investigación en Biotecnología Aplicada.  
fatyrosas@hotmail.com

Los microRNAs (miRNAs) son secuencias de RNA de 20 a 24 nt de longitud que regulan la expresión génica en eucariontes. Se ha demostrado que pueden participar en el desarrollo de las plantas, desde su germinación hasta el desarrollo de flores y frutos. El Amaranto (*Amaranthus hypochondriacus*) es una planta que puede crecer en condiciones adversas a diferencia de la mayoría de las especies de interés agronómico, sin embargo, la información en torno a los miRNAs involucrados en éstas características es desconocida. Por lo que el análisis de los miRNAs presentes en amaranto, puede sugerir miRNAs candidatos que podrían ser responsables o estar involucrados en generar las características fisiológicas únicas en esta planta, además de brindar la oportunidad de un acercamiento a la identificación de los genes clave en el proceso de desarrollo del amaranto. Por ello, se pretende identificar los miRNAs presentes en el amaranto, e iniciar el análisis funcional para identificar los miRNAs que participan en este proceso. Actualmente hemos identificado bioinformáticamente secuencias pre-miRNAs de amaranto, de las cuales se ha analizado el perfil de expresión de estos pre-miRNAs en amaranto, detectando hasta el momento 12 pre-miRNAs con expresión diferencial, de los que se ha iniciado el análisis funcional. \*Agradecimientos: Al Conacyt por las becas a los estudiantes y financiamiento 221522, al IPN por el financiamiento 20170477.