

1. ANEXOS

En este punto se encuentra el material complementario nombrado en el texto anteriormente.

1.1. ANEXO 1, Tabla 1. Cepas de *Saccharomyces cerevisiae* empleadas.

Tabla 1. Cepas de *Saccharomyces cerevisiae* empleadas. En esta tabla se describen los mutantes de levadura utilizados para el estudio, su genotipo y su procedencia.

Cepa	Genotipo	Procedencia
BY47471	MAT α ; his3 Δ 1; Leu2 Δ 0; Met15 Δ 0; Ura3	Euroscarf
Mutantes de delección		
Δ HOG1	BY4741 <i>HOG1::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ SCH9	BY4741 <i>SCH9::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ YME1	BY4741 <i>YME1::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ UTH1	BY4741 <i>UTH1::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ AIM25	BY4741 <i>AIM25::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ PTC6	BY4741 <i>PTC6::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ YIL165(C)	BY4741 <i>YIL165::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ APN2	BY4741 <i>APN2::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ MDM10	BY4741 <i>MDM10::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ CYT2	BY4741 <i>CYT2::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ ACF2	BY4741 <i>ACF2::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ PIK1	BY4741 <i>PIK1::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ YAP 1	BY4741 <i>YAP1::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ STB5	BY4741 <i>STB5::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ RTG3	BY4741 <i>RTG3::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ MSN2	BY4741 <i>MSN2::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ MSN4	BY4741 <i>MSN4::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ MOT3	BY4741 <i>MOT3::KANMX4</i>	Euroscarf
Δ HAP2	BY4741 <i>HAP2::KANMX4</i>	Euroscarf
Cepas con el epítipo TAP		
ATG8-TAP	BY4741 <i>ATG8-TAP::His3MX</i>	<i>Ghaemmaghami et al., 2003</i>
ATG11-TAP	BY4741 <i>ATG11-TAP::His3MX</i>	<i>Ghaemmaghami et al., 2003</i>
NDI1-TAP	BY4741 <i>NDI1-TAP::His3MX</i>	<i>Ghaemmaghami et al., 2003</i>
QCR2-TAP	BY4741 <i>QCR2-TAP::His3MX</i>	<i>Ghaemmaghami et al., 2003</i>

1.2. ANEXO 2, Tabla 2. Descripción de la función de los genes mutados empleados en los diferentes experimentos.

Tabla 2. Descripción de la función de los genes mutados empleados en los diferentes experimentos. Información recuperada de SGD (<http://www.yeastgenome.org/>)

Nomenclatura estándar	Nomenclatura Sistemática	Descripción de la función del gen mutado
BY4741		Cepa de laboratorio derivada de SC288C
HOG1	YLR113W	<i>(High Osmolarity Glycerol response)</i> . Proteína quinasa activada por mitógeno implicada en la osmorregulación.
SCH9	YHR205W	Proteína quinasa de la familia AGC; implicada en la transactivación de genes que responden a estrés osmótico.
YME1	YPR024W	<i>(Yeast Mitochondrial Scap)</i> Subunidad catalítica del complejo de proteasa i-AAA; complejo se encuentra en la membrana interna mitocondrial; responsable de la degradación de productos genéticos mitocondriales desplegados o mal plegados.
UTH1	YKR042W	Proteína de la membrana interna mitocondrial, su papel en la mitofagia es controvertido.
AIM25	YJR100C	<i>(Altered Inheritance of Mitochondria)</i> Proteína mitocondrial de función desconocida; involucrado en el mantenimiento de la integridad de la red mitocondrial; regulador negativo del flujo de mitofagia.
PTC6	YCR079W	Fosfatasa mitocondrial del tipo 2C (PP2C), involucrada en mitofagia.
YIL165(C)	YIL165C	Proteína putativa de función desconocida. El mutante muestra defectos de mitofagia.
APN2	YBL019W	<i>(APurinic/apyrimidinic eNdonuclease)</i> Endonucleasa abásica (AP) de clase II implicada en la reparación del daño del ADN.
MDM10	YAL010C	<i>(Mitochondrial Distribution and Morphology)</i> Componente del complejo ERMES que actúa como un enlace molecular entre las mitocondrias y el RE, necesario para el intercambio eficaz de fosfolípidos entre los orgánulos y la mitofagia.
CYT2	YKL087C	Citocromo C1 hemoliasa involucrado en la maduración del citocromo C1 que se encuentra en la mitocondria.
ACF2	YLR144C	<i>(Assembly Complementing Factor)</i> Beta-1,3-endonucleasa intracelular. Se asocia con un papel en el ensamblaje del citoesqueleto de actina cortical. La abundancia de esta proteína aumenta en respuesta al estrés de replicación de DNA

PIK1	YNL267W	Fosfatidil Inositol 4-quinasa; puede controlar la autofagia y mitofagia no selectiva a través del tráfico de Atg9p
YAP 1	YML007W	(<i>Yeast AP-1</i>) Factor de transcripción básico de cremallera de leucina (bZIP); requerido para la tolerancia al estrés oxidativo; activado por H ₂ O ₂
STB5	YHR178W	(<i>Sin Three Binding protein</i>) Factor de transcripción; involucrado en la regulación de la resistencia a múltiples fármacos y la respuesta al estrés oxidativo
RTG1	YOL067C	(<i>ReTroGrade regulation</i>) Factor de transcripción (bHLH) involucrado en la comunicación interorganular; contribuye a la comunicación entre las mitocondrias, los peroxisomas y el núcleo, Objetivo de Hog1p
RTG3	YBL103C	(<i>ReTroGrade regulation</i>) Factor de transcripción bHLH/Zip para vías retrógradas (RTG) y TOR; forma un complejo con otra proteína bHLH/Zip, Rtg1p, para activar las vías; objetivo de Hog1p
MSN2	YMR037C	(<i>Multicopy suppressor of SNF1 mutation</i>) Activador transcripcional sensible al estrés.
MSN4	YKL062W	(<i>Multicopy suppressor of SNF1 mutation</i>) Activador transcripcional sensible al estrés.
MOT3	YMR070W	(<i>Modifier of Transcription</i>) Represor transcripcional, activador; papel en el ajuste celular al estrés osmótico
HAP2	YGL237C	(<i>Heme Activator Protein</i>) Subunidad del complejo de unión a CCAAT Hap2p/3p/4p/5p; el complejo es un activador transcripcional y regulador global de la expresión génica respiratoria.
ATG8	YBL078C	(<i>AuTophagy related</i>) Componente de autofagosoma; proteína única tipo ubiquitina cuyo objetivo de conjugación es la fosfatidiletanolamina lipídica (PE); Atg8p-PE está anclado a las membranas, está involucrado en la expansión de fagóforo y puede mediar la fusión de la membrana durante la formación del autofagosoma.
ATG11	YPR049C	(<i>AuTophagy related</i>) Proteína adaptadora para la pexofagia y la vía de selección de Cvt; carga la carga unida al receptor al sitio de ensamblaje de fagóforo (PAS) para el empaquetamiento en vesículas.
NDI1	YML120C	NADH ubiquinona oxidorreductasa; transfiere electrones de NADH a ubiquinona en la cadena respiratoria, pero no bombea protones.

QCR2

YPR191W

Subunidad 2 de ubiquinol citocromo-c reductasa (Complejo III); componente de la cadena de transporte de electrones de la membrana interna mitocondrial.
