

**RESUMEN TESIS: Función de las proteínas VQ1 y VQ10 codificadas por genes inducibles por hipoxia, óxido nítrico, y estrés oxidativo en la regulación del desarrollo y las respuestas a estrés en *Arabidopsis thaliana*.**

Las especies reactivas de oxígeno (ROS), el oxígeno molecular (O<sub>2</sub>) y el óxido nítrico (NO) son factores comunes en las respuestas a diferentes tipos de estrés en las plantas. En los últimos años, las condiciones ambientales adversas han aumentado debido al cambio climático y, entre ellas, las fuertes lluvias que provocan anegaciones o inundaciones en los campos suponen un grave problema para el desarrollo y el futuro de la agricultura. Estas inundaciones provocan que la planta se enfrente a condiciones de hipoxia severas y a la re-oxigenación que ocurre cuando se retira el agua. Es importante, por tanto, conocer los factores genéticos y moleculares que modulan las respuestas de las plantas a la hipoxia u otros tipos de estrés abiótico para hacer frente a estas situaciones. La familia de proteínas VQ de *Arabidopsis thaliana* incluye cinco miembros codificados por genes que se inducen en respuesta a la hipoxia, al NO y al estrés oxidativo. Dos de ellos, *VQ1* y *VQ10*, codifican dos proteínas con una gran homología de secuencia y estructura, que no poseen actividad transcripcional. En este trabajo, describimos que *VQ1* y *VQ10* interactúan entre sí y con ellas mismas, y con las otras tres proteínas VQ y cuatro factores de transcripción WRKY cuyos genes también se inducen en respuesta a hipoxia, NO y estrés oxidativo. Un rastreo de doble híbrido de levadura de una genoteca de *Arabidopsis* utilizando *VQ1* como cebo permitió identificar alrededor de 300 proteínas interactoras de *VQ1* y probablemente también de *VQ10*, sugiriendo que ambas proteínas tienen patrones similares de interacción proteína-proteína. *VQ1* y *VQ10* son proteínas citoplásmicas y nucleares, por lo que la identificación de casi 50 proteínas cloroplásticas que interactúan con *VQ1* en el cloroplasto sugiere que estas interacciones deben ocurrir en el citoplasma. En el rastreo se identificó la 1-desoxi-D-xilulosa-5-fosfato sintasa (DXS), una enzima clave para la biosíntesis de isoprenoides, la fotosíntesis y el crecimiento de las plantas. Al co-inmunoprecipitar DXS y *VQ1* o *VQ10* se observó que *VQ1* y sobre todo *VQ10* favorecieron la monomerización de DXS en un ambiente reductor. A partir de la identificación de un mutante hipermórfico *vq10-H* se ha procedido a caracterizar algunas de las funciones reguladoras ejercidas por *VQ10*. El análisis transcriptómico comparado de *vq10-H* y plantas silvestres Col-0 permitió identificar la regulación ejercida por *VQ10* en el desarrollo de las raíces, en las respuestas a NO y estrés oxidativo, así como una potencial función reguladora del procesamiento alternativo de ARNs. La sobreexpresión de *VQ10* provocó el aumento de la elongación de la raíz primaria, y de la división y elongación celular en la raíz. También provocó una mayor tolerancia al estrés oxidativo, una menor sensibilidad al NO, y una mayor eficiencia fotosintética en comparación con las plantas silvestres. En conjunto, el trabajo realizado en esta Tesis sugiere que algunas funciones reguladoras de *VQ1* y *VQ10* en el desarrollo y las respuestas a estrés de las plantas podría estar basado en mecanismos de regulación redox.