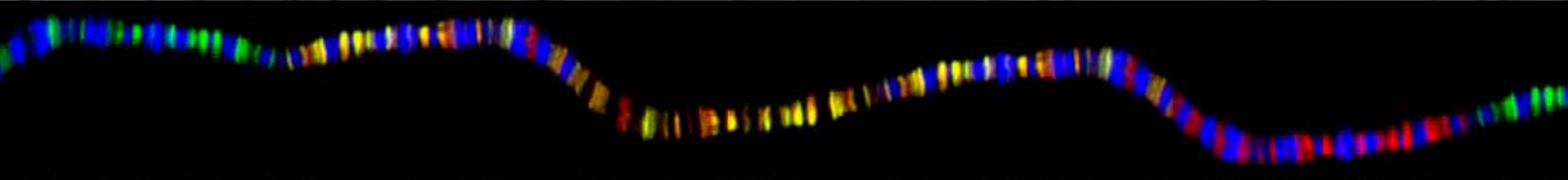




***Ash2* a *Drosophila*:  
anàlisi funcional i  
aproximació al complexe**



**Mireia Angulo  
i Parera**

Departament de Genètica  
Facultat de Biologia  
Universitat de Barcelona

**TESI DOCTORAL**

***Ash2 a Drosophila:*  
anàlisi funcional i  
aproximació al complexe**

Mireia Angulo i Parera  
Barcelona, Juny de 2006



## ARTICLE 2

### Títol

Functional dissection of the *ash2* transcriptome provides insights into the transcriptional basis of wing phenotypes and reveals conserved protein interactions.

### Autors (Any)

Sergi Beltran, Mireia Angulo, Miguel Pignatelli, Florenci Serras i Montserrat Corominas (2006)

Departament de Genètica, Universitat de Barcelona. Avda Diagonal 645, 08028 Barcelona.

### Referència

Enviat a Genome Biology

### Resum

*absent small or homeotic discs 1 i 2 (ash1 i ash2)* són dos membres del grup trithorax (trxG) de reguladors positius de la transcripció que han sigut funcionalment relacionats a partir d'anàlisis genètiques. Tot i que s'ha descrit que formen part de complexos multimèrics diferents de composició desconeguda, es desconeix com regulen la transcripció. En l'estudi que es presenta, l'examen dels transcriptomes dels discs imaginals d'ala de mutants *ash2* i *ash1* mostra un alt solapament entre tots dos tant a nivell de gen a gen com dels processos alterats. A més, la disminució d'alguns gens ha sigut validada mitjançant altres tècniques moleculars i correlaciona directament amb alguns dels fenotips observats en els mutants d'*ash2*. La comparació del transcriptoma d'*ash2* amb altres dades genòmiques disponibles, ha permès obtenir més informació sobre quin tipus de gens estan regulats per ASH2 i suggereix una possible relació entre aquesta i Sin3A, una proteïna associada a complexos desacetiladors d'histones. L'anàlisi exhaustiu d'aquesta possibilitat ha portat a demostrar que Sin3A i ASH2 coimmunoprecipiten amb la proteïna Host Cell Factor (HCF) i que totes tres colocalitzen en molts loci de cromosomes politènics. A més, HCF i ASH2 també colocalitzen amb la trimetilació de la lisina H3K4, una marca característica de gens transcripcionalment actius. Totes aquestes observacions donen suport a un model en el qual ASH2 i ASH1 actuarien de manera seqüencial en la modificació de les histones per tal de mantenir estats activats de transcripció.

## Aportació personal al treball

La meva contribució a aquest article ha estat:

- Generació de línies transgèniques UAS-*ash2-HA* i experiments de rescats dels fenotips d'*ash2*<sup>112411</sup> i rescat de la viabilitat d'*ash2*<sup>11</sup>.
- Experiments de Tunel.
- Immunolocalització de les proteïnes ASH2, HCF i Sin3A en cèl·lules S2.
- Coimmunoprecipitacions d'HCF amb ASH2 i Sin3A.
- Colocalitzacions en cromosomes politènics.
- Caracterització i purificació dels anticossos anti-ASH2.

**NOTA:** A data d'avui (1 de Març de 2007), aquest article es troba en revisió en una revista. Així que l'article sigui publicat, també serà accessible a la pàgina del TDX.