

Resumen:

La sequía es uno de los factores de estrés abiótico más común que afectan el crecimiento, desarrollo y rendimiento de las plantas. Durante su evolución, las plantas han desarrollado diferentes estrategias de defensa que les permite escapar o tolerar a la sequía. En términos moleculares, uno de los mecanismos de defensa contra la sequía es la reprogramación de la expresión génica regulada mediante miRNAs. Muchos genes con diversas funciones han sido implicados en esta tarea, sin embargo, la red de miRNAs que median la respuesta a estrés hídrico sigue siendo desconocida en varias especies de interés agronómico como el amaranto (*Amaranthus hypochondriacus*). El amaranto es un pseudocereal con un alto valor nutritivo debido al contenido de proteínas, aminoácidos y minerales. Dada la importancia alimenticia de este cultivo y su tolerancia a diversas situaciones de estrés medio ambiental, el presente proyecto de investigación se enfocó en el análisis del transcriptoma no codificante de amaranto para identificar los miRNAs que están regulados por déficit de agua, con la finalidad de elucidar las redes de regulación génica que se activa en este cultivo ante el estrés por sequía, para futuras aplicaciones biotecnológicas.

Abstract:

Drought is one of the most common factors of abiotic stress affecting growth, development and yield of plants. During their evolution, plants have developed different defense strategies that allows them to escape or tolerate drought. In molecular terms, one of the defense mechanisms against drought is the reprogramming of gene expression regulated by miRNAs. Many genes with diverse functions have been implicated in this function, however, the miRNAs regulatory network that mediate the response to water stress remains unknown in several species of agronomic interest such as amaranth (*Amaranthus hypochondriacus*). Amaranth is a pseudocereal with a high nutritional value due to protein, amino acids and minerals. Given the nutritional importance of this crop and various situations of environmental stress, the present research project will focus on the analysis of non-coding transcriptome of amaranth to identify miRNAs that are regulated by water deficit in order to elucidate gene regulatory networks that are activated in this crop to drought stress, for future biotechnological applications.