

Edición génica en genes Rab para dilucidar su influencia en el desarrollo neurológico en *Heliconius erato*.

*Vicente Quezada García**

**Universidad Regional Amazónica IKIAM, Facultad de Ciencias de la Vida, Tena
– Ecuador. www.ikiam.edu.ec**

vicente.quezada@est.ikiam.edu.ec *

Resumen

Los genes Rab pertenecen a una superfamilia de pequeñas GTPasas de tipos Ras, con estados de unión a GTP y GDP, facilitadas por factores de intercambio de nucleótidos de guanina (GEFFs) y proteínas activadoras de GTPasas (GAPs). Entre sus funciones están intervenir como interruptores y reguladores de transporte en la membrana intracelular en eucariotas. También se han identificado algunas proteínas transportadoras de precursores de pigmentos, aunque recientemente Guichun et al (2021) encontraron que estos genes no influían en la coloración de los ojos en *P. xuthus* adultos, si influían en la pigmentación de la cutícula larvaria y testículos. El estudio de Guichun et al (2021) fue el primero en identificar y secuenciar 58 miembros Rab en el genoma de un lepidóptero (*P. xuthus*). Así mismo, se identificó una expansión de linaje cerca del clado de Rab32 y Rab23, haciendo que Rab32 (lightoid) adquiriera una nueva función, relacionándose con unión a glicoproteínas, actividad de proteína quinasa, fosforilación de proteínas, la transducción de señal, la unión estrecha, la adhesión focal, proteínas citoesqueléticas y amebiasis. Lightoid puede influir en la transmisión de señales, a través de la cascada de fosforilación en el proceso de transporte de alimentos, por último, los genes Rab poseen una relación documentada con los lisosomas y endosomas en el reciclaje de macromoléculas en la región perinuclear de la célula. Por ende, se espera observar algún efecto negativo en el desarrollo estructural neuronal y por ende, cognitivo en mariposas *H. erato*, al afectar el transporte de guanina, desarrollo y comunicación celular por interrupción de las proteínas GTPasas. Se realizará CRISPR/Cas9 edición de genes utilizando *H. erato* como modelo y se secuenciará los transcriptomas de sus mutantes morfológicos. Se espera que los datos transcriptómicos demuestren que las mutaciones provocadas por CRISPR/Cas9 acumulen transcritos anormales y disminuyan las dosis de transcritos normales a nivel de expresión génica.