



1821 Universidad de Buenos Aires

Resolución Consejo Directivo

Número:

Referencia: EX-2022-05852139- -UBA-DMESA#FCEN - POSTGRADO - FBMC -
Sesión 28/11/2022

VISTO:

La nota presentada por la Dirección del Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, mediante la cual eleva la información del curso de posgrado Biología Celular del ARN para el año 2022,

CONSIDERANDO:

lo actuado por la Comisión de Doctorado,

lo actuado por la Comisión de Posgrado,

lo actuado por este Cuerpo en la sesión realizada el día 28 de noviembre de 2022,

en uso de las atribuciones que le confiere el Artículo 113° del Estatuto Universitario,

EL CONSEJO DIRECTIVO DE LA FACULTAD

DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

RESUELVE:

ARTÍCULO 1º: Aprobar el nuevo curso de posgrado **Biología Celular del ARN** de 63 horas de duración, que será dictado por la Dra. Graciela Boccaccio con la colaboración de los Dres. Dra María Gabriela Thomas, Anabella Srebrow, Ezequiel Surace, Manuel de la Mata, Pablo Manavella, Federico Ariel, Javier de Gaudenzi, María Eugenia Zanetti, Ignacio Schor, Claudia Filomatori, Ana J Fernandez Alvarez, Claudio Valverde, Joel Perez-Perri, Juan Pablo Tosar y María Vera Ugalde.

ARTÍCULO 2º: Aprobar el programa del curso de posgrado **Biología Celular del ARN de Levaduras** que como anexo forma parte de la presente Resolución, para su dictado en el segundo cuatrimestre de 2022.

ARTÍCULO 3º: Aprobar un puntaje máximo de tres (3) puntos para la Carrera del Doctorado.

ARTÍCULO 4º: Establecer un arancel de **CATEGORÍA 3** estableciendo que dicho arancel estará sujeto a los descuentos y exenciones estipulados mediante la Resolución CD N° 1072/19. Disponer que los fondos recaudados ingresen en la cuenta presupuestaria habilitada para tal fin, y sean utilizados de acuerdo a la Resolución 072/03.

ARTÍCULO 5º: Disponer que de no mediar modificaciones en el programa, la carga horaria y el arancel, el presente Curso de Posgrado tendrá una vigencia de cinco (5) años a partir de la fecha de la presente Resolución.

ARTÍCULO 6º: Comuníquese a todos los Departamentos Docentes, a la Dirección de Estudiantes y Graduados, a la Dirección de Movimiento de Fondos, a la Dirección de Presupuesto y Contabilidad, a la Biblioteca de la FCEyN y a la Secretaría de Posgrado con copia del programa incluida. Cumplido, pase a FISILOGIA#FCEN y resérvese.

ANEXO

CONTENIDOS TEÓRICOS (Clases teóricas y de seminarios):

Módulo I: Regulación transcripcional y post-transcripcional

1) Nuevos conceptos en regulación transcripcional (Ignacio Schor)

Generalidades de la complejidad transcripcional, el genoma no codificante: estabilidad y localización de transcritos, efectos en la regulación transcripcional (por ejemplo, fenómenos de imprinting). Generación de RNAs a partir de elementos regulatorios (enhancers y promotores bidireccionales), su posible impacto en la función de enhancers y promotores, y en la evolución de nuevos genes.

2) Regulación del splicing alternativo.(Anabella Srebrow)

Mecanismos y regulación del splicing alternativo en eucariotas. Relevancia funcional. Sumoilación y reacción de splicing. Regulación por sumoilación de la maquinaria y de moduladores del splicing.

Regulación del splicing por estímulos extracelulares. Vía de AKT en la regulación de factores de splicing. Consecuencias biológicas.

3) Nuevas funciones de las proteínas de unión a RNA (Joel Perez Perri, EMBL-Maria Vera Ugalde (McGill) –María Eugenia Zanetti (UNLP)

Generalidades y mecanismos de interacción. Dominios canónicos y no canónicos de unión a RNA. Estructura modular. Regulación mutua entre proteínas y RNAs. El interactoma del RNA: descripción de estrategias experimentales avanzadas. Significancia biológica del “RNA interactoma” en distintos modelos biológicos. Modificaciones Post-transcripcionales. Redes RNA- proteína y su potencial regulatorio en distintos procesos celulares (metabolismo energético, autofagia).

4) Regulación post-transcripcional en tripanosomas (Javier de Gaudenzi, UNSAM):

Trans-splicing: mecanismo e implicancias. Regulación de la expresión génica en los distintos estadios del parásito. Rol de RBPs en la coordinación de la expresión de genes funcionalmente relacionados, su estabilidad y traducción. Concepto de “Regulón”. Comparación con eucariotas superiores.

Módulo II: Traducción

1) Control de calidad co-traducciona (RQC), (GLBoccaccio-Ezequiel Surace)

“NoGoDecay” y “NoStopDecay”. Mecanismos subyacentes: colisión entre ribosomas, ubiquitinación de subunidades ribosomales, adición de alaninas y treoninas en el C-terminal de polipéptidos (CATilación) y formación de agregados citosólicos. Ejemplos en patologías.

RNAs codificantes con repeticiones (mutaciones de expansión de tri o hexanucleóticos) en patologías: toxicidad del RNA y traducción independiente de ATG (RAN translation). Acumulación de péptidos repetitivos, su interacción con organelas citosólicas y estructuras nucleares. Formación de dsRNAs con apareamiento imperfecto y activación de la respuesta inmune. Consecuencias celulares y patogénesis.

2) Organelas sin membrana (GLBoccaccio, MGThomas IIBBA, AJFernández Alvarez IIBBA). Gránulos de Estrés (SGs), P-Bodies (PBs) y cuerpos relacionados. Dinámica de gránulos de estrés y PBs. Determinantes moleculares y celulares de su agregación: motores moleculares, “crowding” citosólico, interacciones proteína-proteína mediadas por prion-like, secuencias repetitivas y/o de baja complejidad (LCR). Modelos biofísicos: aciertos y limitaciones. Relevancia funcional de la formación de cuerpos de silenciamiento. Su efecto en silenciamiento traducciona y en estabilidad de mRNAs. SGs y PBs como centros de señalización.

3) Transporte subcelular de RNA (GLBoccaccio-MGThomas,IIBBA).

Relevancia durante el desarrollo embrionario temprano y en la polaridad neuronal. Motivos de RNA involucrados. Exportación de RNAm por el poro nuclear y por vías alternativas: evaginación de gránulos de RNA. Motores moleculares y adaptadores. Traducción localizada y asociada a mitocondrias: Mecanismos moleculares y celulares.

Modulo III: ARN no-codificantes en plantas y animales

1) ARNs largos no codificantes (lncARN): Federico Ariel, IAL,

Características, funciones y técnicas analíticas avanzadas. Los lncRNA como

precursores de pequeños ARNs (miRNAs, piRNAs, siRNAs, entre otros). Interacción de lncRNA con proteínas asociadas y sus consecuencias funcionales. Mecanismos moleculares en animales y plantas. Técnicas bioquímicas comúnmente utilizadas (ChIP, RIP, BiS, MeDIP, DRIP, ATAC, FAIRE, MNase, 3C/4C/HiC, ChiAPET, entre otras). lncRNAs como “scaffold” o “esponjas” de proteínas

2) Avances en la biogénesis y función de ARNs pequeños (sncRNAs) (Pablo Manavella, IAL, Manuel de la Mata, Claudio Valverde, UNQ, Claudia Filomatori, UNSAM)

Rol de miRNAs y otros sncRNAs en la homeostasis de organismos superiores (plantas y animales) y en bacterias. Evolución de su biogénesis y funciones durante el desarrollo, defensa y en estabilidad genómica en plantas y animales y en regulación de la expresión génica en bacterias.

Estabilidad de miRNAs. Regulación en cis por modificaciones post-transcripcionales y en trans por sus propios targets. ARN circulares (circRNA). Biogénesis por “backsplicing” y otros mecanismos. Funciones novedosas de circRNA. Potencial codificante. sRNAs de origen viral

Modulo IV: ARN extracelulares (JPTosar-Instituto Pasteur Montevideo)

Mecanismos de secreción de RNAs y acción biológica. El autofagosoma y cuerpos multivesiculares en la secreción de RNAs. RNAs extracelulares asociados o no a membranas, composición y estabilidad de ribonucleopartículas extracelulares. Estrategias experimentales: aciertos y artefactos. RNAs extracelulares en señalización inter-celular en la respuesta de estrés y en la respuesta inmune.

TRABAJO PRÁCTICO

Estrategias de imágenes para el estudio de organelas sin membrana ribonucleoproteicas (MGThomas y GLBoccaccio, con la colaboración de personal del servicio de microscopía IIBBA- FIL)

Single molecule FISH: metodología general y aplicaciones. Uso de anticuerpos y transfección de marcadores moleculares. Especificidad y sensibilidad de los anticuerpos comerciales disponibles: limitaciones y artefactos. Reporteros fluorescentes: ventajas y limitaciones: alteraciones de la estequiometría de los múltiples componentes de PBs y sus consecuencias.

Introducción al análisis de imágenes por Image J. Criterios de colocalización (Coeficiente de Manders, randomización de imágenes, otros)

SEMINARIOS (a cargo de GLBoccaccio, MG Thomas y AJ Fernandez Alvarez):

Cada estudiante realizará una presentación oral de un artículo seleccionado por los docentes y relacionado a los temas de los módulos teóricos. Se incentivará a la audiencia de estudiantes a formular preguntas sobre el tema expuesto, seguido de una discusión general.

EXÁMEN FINAL ESCRITO (a cargo de GLBoccaccio, MG Thomas y AJ Fernandez Alvarez): Resolución de problemas y desarrollo de temas teóricos sobre todos los contenidos prácticos y teóricos del curso. Después de la corrección, se discutirán en clase las respuestas elaboradas por

los estudiantes, con la participación de todos los estudiantes.

Bibliografía –

Achkar et al (2018) A quick HYL1-dependent reactivation of microRNA production is required for a proper developmental response after extended periods of light deprivation. *Developmental Cell*. 46(2), 236–247.

Achkar NP, Cambiagno DA and Manavella PA (2016) miRNA biogenesis: a dynamic pathway. *Trends in Plant Science*. 21(12),1034–44. (FROM THE COVER)

Ariel F, Crespi M. Alternative splicing: The lord of the rings. *Nat Plants*. 2017 PubMed PMID: 28470187.

Ariel F, et al . Battles and hijacks: noncoding transcription in plants. *Trends Plant Sci*. 2015 PMID: 25850611. Arribere et al. Reconsidering movement of eukaryotic mRNAs between polysomes and P bodies. *Mol Cell*. 2011

44(5):745-58.

Ascano et al. FMRP targets distinct mRNA sequence elements to regulate protein expression. *Nature*. 2012 492(7429):382-6.

Ash et al. Unconventional translation of C9ORF72 GGGGCC expansion generates insoluble polypeptides specific to c9FTD/ALS. *Neuron*. 2013. 77(4):639-46.

Backlund M, Stein F, Rettel M, Schwarzl T, Perez-Perri JI, Brosig A, Zhou Y, Neu-Yilik G, Hentze MW, Kulozik AE. Plasticity of nuclear and cytoplasmic stress responses of RNA-binding proteins. *Nucleic Acids Res.* 2020 May 21;48(9):4725-4740. doi: 10.1093/nar/gkaa256. PMID: 32313943; PMCID: PMC7229827.

Baez MV et al Smaug1 mRNA-silencing foci respond to NMDA and modulate synapse formation. *J Cell Biol*

2011 195 (7):1141-1157.

Bazzini et al Identification of small ORFs in vertebrates using ribosome footprinting and evolutionary conservation. *EMBO J.* 2014 PMC4193932.

Bazzini et al., Codon identity regulates mRNA stability and translation efficiency during the maternal-to-zygotic transition. *EMBO J.* 2016 PMCID: PMC5048347.

Bhattacharyya SN, Habermacher R, Martine U, Closs EI, Filipowicz W (2006) Relief of microRNA-mediated translational repression in human cells subjected to stress. *Cell* 125 (6):1111-1124

Blaustein M, Pelisch F, Srebrow A. Signals, pathways and splicing regulation. *Int J Biochem Cell Biol.*

2007;39(11):2031-48. Epub 2007 Apr 8. Review. PubMed PMID: 17507279.

Blaustein M, Pelisch F, Tanos T, Muñoz MJ, Wengier D, Quadrana L, Sanford JR, Muschietti JP, Kornblihtt AR, Cáceres JF, Coso OA, Srebrow A. Concerted of nuclear and cytoplasmic activities of SR proteins by AKT. *Nat Struct Mol Biol.* 2005 Dec;12(12):1037-44. Epub 2005 Nov 20.

Buchan JR, et al Eukaryotic Stress Granules Are Cleared by Autophagy and Cdc48/VCP Function. *Cell.* 2013 153(7):1461-74.

Buchan JR, Parker R (2009) Eukaryotic stress granules: the ins and outs of translation. *Mol Cell* 36 (6):932-941 Cajigas IJ, et al (2012) The local transcriptome in the synaptic neuropil revealed by deep sequencing and high-resolution imaging. *Neuron* 74 (3):453-466.

Cassola A, De Gaudenzi JG, Frasch AC. Recruitment of mRNAs to cytoplasmic ribonucleoprotein granules in trypanosomes. *Mol Microbiol.* 2007 Aug;65(3):655-70. PubMed PMID: 17635187.

Castaingts M, Kirolinko C, Rivero C, Artunian J, Mancini Villagra U, Blanco FA, Zanetti ME. Identification of conserved and new miRNAs that affect nodulation and

strain selectivity in the *Phaseolus vulgaris*-*Rhizobium etli* symbiosis through differential analysis of host small RNAs. *New Phytol.* 2022 May;234(4):1430-1447. doi: 10.1111/nph.18055. Epub 2022 Mar 27. PMID: 35203109.

Castellano et al. Poly(A) tails: longer is not always better. *Nat Struct Mol Biol.* PMID: 29215636. Cayota, A. (2015) Assessment of small RNA sorting into different extracellular fractions revealed by high-

throughput sequencing of breast cell lines. *Nucleic Acids Research* 43 (11): 5601-5616. DOI: 10.1093/nar/gkv432

Crespi M, Ariel F. Non-B DNA structures emerging from plant genomes. *Trends Plant Sci.* 2022 Jul;27(7):624- 626. doi: 10.1016/j.tplants.2022.03.004. Epub 2022 Mar 15. PMID: 35304028.

De Gaudenzi J, Frasch AC, Clayton C. RNA-binding domain proteins in Kinetoplastids: a comparative analysis.

Eukaryot Cell. 2005 Dec;4(12):2106-14. PubMed PMID: 16339728; PubMed Central PMCID: PMC1317496. de la Mata M, Großhans H. Turning the table on miRNAs. *Nat Struct Mol Biol.* 2018 Mar;25(3):195-197. doi:

10.1038/s41594-018-0040-x. PMID: 29507401.

D'Orso I, De Gaudenzi JG, Frasch AC. RNA-binding proteins and mRNA turnover in trypanosomes. *Trends Parasitol.* 2003 Apr;19(4):151-5. Review. PubMed PMID:12689640.

Fernández-Alvarez AJ, Gabriela Thomas M, Pascual ML, Habif M, Pimentel J, Corbat AA, Pessoa JP, La Spina PE, Boscaglia L, Plessis A, Carmo-Fonseca M, Grecco HE, Casado M, Boccaccio GL. Smaug1 membrane- less organelles respond to AMPK and mTOR and affect mitochondrial function. *J Cell Sci.* 2022 Dec 1;135(1):jcs253591. doi: 10.1242/jcs.253591. Epub 2022 Jan 10. PMID: 34859817.

Filomatori CV, Bardossy ES, Merwaiss F, Suzuki Y, Henrion A, Saleh MC, Alvarez DE. RNA recombination at

Chikungunya virus 3'UTR as an evolutionary mechanism that provides

15;15(4):e1007706. doi: 10.1371/journal.ppat.1007706. PMID: 30986247; PMCID: PMC6502353.

Filomatori CV, Merwaiss F, Bardossy ES, Alvarez DE. Impact of alphavirus 3'UTR plasticity on mosquito transmission. *Semin Cell Dev Biol.* 2021 Mar;111:148-155. doi: 10.1016/j.semcdb.2020.07.006. Epub 2020 Jul 11. PMID: 32665176.

Fonouni-Farde C, Christ A, Blein T, Legascue MF, Ferrero L, Moison M, Lucero L, Ramírez-Prado JS, Latrasse D, Gonzalez D, Benhamed M, Quadrana L, Crespi M, Ariel F. The Arabidopsis APOLO and human UPAT sequence-unrelated long noncoding RNAs can modulate DNA and histone methylation machineries in plants. *Genome Biol.* 2022 Aug 29;23(1):181. doi: 10.1186/s13059-022-02750-7. PMID: 36038910; PMCID: PMC9422110.

Franks TM, Lykke-Andersen J (2008) The control of mRNA decapping and P-body formation. *Mol Cell* 32 (5):605-615

Fuchs Wightman F, Giono LE, Fededa JP, de la Mata M. Target RNAs Strike Back on MicroRNAs. *Front Genet.*

2018 Oct 2;9:435. doi: 10.3389/fgene.2018.00435. PMID: 30333855; PMCID: PMC6175985.

Gonzalo L, Tossolini I, Gulanicz T, Cambiagno DA, Kasprowicz-Maluski A, Smolinski DJ, Mammarella MF, Ariel FD, Marquardt S, Szweykowska-Kulinska Z, Jarmolowski A, Manavella PA. R-loops at microRNA encoding loci promote co-transcriptional processing of pri-miRNAs in plants. *Nat Plants.* 2022 Apr;8(4):402-418. doi: 10.1038/s41477-022-01125-x. Epub 2022 Apr 21. PMID: 35449404; PMCID: PMC9023350.

Hentze and Preiss. The REM phase of gene regulation. *Trends Biochem Sci.* 2010 35(8):423-6.

Huppertz I, Perez-Perri JJ, Mantas P, Sekaran T, Schwarzl T, Russo F, Ferring-Appel D, Koskova Z, Dimitrova-Paternoga L, Kafkia E, Hennig J, Neveu PA, Patil K, Hentze MW. Riboregulation of Enolase 1 activity controls glycolysis and embryonic stem cell differentiation. *Mol Cell.* 2022 Jul 21;82(14):2666-2680.e11. doi: 10.1016/j.molcel.2022.05.019. Epub 2022 Jun 15. PMID: 35709751.

Jäger AV, De Gaudenzi JG, Cassola A, D'Orso I, Frasch AC. mRNA maturation by two-step trans-splicing/polyadenylation processing in trypanosomes. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2007;104(7):2035-42. Epub 2007 Jan 31. PubMed PMID: 17267594; PubMed Central PMCID: PMC1892994.

Johnstone et al., Upstream ORFs are prevalent translational repressors in vertebrates. *EMBO J.* 2016 PMC4818764.

Kato M, et al (2012) Cell-free formation of RNA granules: low complexity sequence domains form dynamic fibers within hydrogels. *Cell* 149 (4):753-767.

Lécuyer et al. Global analysis of mRNA localization reveals a prominent role in organizing cellular architecture and function. *Cell* (2007) 131: 174–187.

Loschi et al. Dynein and kinesin regulate stress-granule and P-body dynamics. *J Cell Sci.* 2009 122:3973-82. Merwaiss F, Filomatori CV, Susuki Y, Bardossy ES, Alvarez DE, Saleh MC. Chikungunya Virus Replication Rate

Determines the Capacity of Crossing Tissue Barriers in Mosquitoes. *J Virol.* 2021 Jan 13;95(3):e01956-20. doi: 10.1128/JVI.01956-20. PMID: 33148794; PMCID: PMC7925089.

Mikhaylichenko et al., The degree of enhancer or promoter activity is reflected by the levels and directionality of eRNA transcription. *Genes & Dev.* 2018; 32(1):42-57. DOI: 10.1101/gad.308619.117

Mori K et al: The C9orf72 GGGGCC repeat is translated into aggregating dipeptide-repeat proteins in FTL/ALS.

Science. 2013 339(6125):1335-8.

Noé G, De Gaudenzi JG, Frasch AC. Functionally related transcripts have common RNA motifs for specific RNA-binding proteins in trypanosomes. *BMC Mol Biol.* 2008 Dec 8;9:107. doi: 10.1186/1471-2199-9-107. PubMed PMID: 19063746; PubMed Central PMCID: PMC2637893.

Pascual M. et al Synaptic activity regulated mRNA-silencing foci for the fine tuning of local protein synthesis at the synapse. *Commun Integr Biol* (2012) 5 (4):388-392.

Pelisch F, Blaustein M, Kornbliht AR, Srebrow A. Cross-talk between signaling pathways regulates alternative splicing: a novel role for JNK. *J Biol Chem.* 2005 Jul 8;280(27):25461-9. Epub 2005 May 10

Pelisch F, Gerez J, Druker J, Schor IE, Muñoz MJ, Risso G, Petrillo E, Westman BJ, Lamond AI, Arzt E, Srebrow

A. The serine/arginine-rich protein SF2/ASF regulates protein sumoylation. *Proc Natl Acad Sci U S A.* 2010 Sep;107(37):16119-24. doi: 10.1073/pnas.1004653107.

Perez Pepe et al, Life and Work of Stress Granules and Processing Bodies: New Insights into Their Formation and Function. *Biochemistry* 2018. 57(17):2488-2498.

Perez-Pepe et al: BUHO: a MATLAB script for the study of stress granules and processing bodies by high-throughput image analysis. *PLoS One.* 2012;7(12):e51495.

Perez-Perri JI, Noerenberg M, Kamel W, Lenz CE, Mohammed S, Hentze MW, Castello A. Global analysis of RNA-binding protein dynamics by comparative and enhanced RNA interactome capture. *Nat Protoc.* 2021 Jan;16(1):27-60. doi: 10.1038/s41596-020-00404-1. Epub 2020 Nov 18. PMID: 33208978; PMCID: PMC7116560.

Perez-Perri JI, Rogell B, Schwarzl T, Stein F, Zhou Y, Rettel M, Brosig A, Hentze MW. Discovery of RNA-binding proteins and characterization of their dynamic responses by enhanced RNA interactome capture. *Nat Commun.* 2018 Oct 23;9(1):4408. doi: 10.1038/s41467-018-06557-8.

Commun. 2018 Oct 23;9(1):4408. doi: 10.1038/s41467-018-06557-8.

Pozzi B, Bragado L, Mammi P, Torti MF, Gaioli N, Gebhard LG, García Solá ME, Vaz-Drago R, Iglesias NG, García CC, Gamarnik AV, Srebrow A. Dengue virus targets RBM10 deregulating host cell splicing and innate immune response. *Nucleic Acids Res.* 2020 Jul 9;48(12):6824-6838. doi: 10.1093/nar/gkaa340. PMID: 32432721; PMCID: PMC7337517.

Pozzi B, Mammi P, Bragado L, Giono LE, Srebrow A. When SUMO met splicing. *RNA Biol.* 2018;15(6):689-695. doi: 10.1080/15476286.2018.1457936. Epub 2018 May 9. PMID: 29741121; PMCID: PMC6152442.

Ray et al. A compendium of RNA-binding motifs for decoding gene regulation. *Nature.* 2013;499(7457):172-7. Ré et al (2019) Alternative usage of miRNA-biogenesis co-factors in plants at low temperatures. *Development.*

pii: dev.172932.

Reddy and Pearson RAN translation: fragile X in the running. *Neuron.* 2013 78(3):405-8.

Risso G, Pelisch F, Pozzi B, Mammi P, Blaustein M, Colman-Lerner A, Srebrow A. Modification of Akt by SUMO conjugation regulates alternative splicing and cell cycle. *Cell Cycle.* 2013 Oct 1;12(19):3165-74. doi: 10.4161/cc.26183. Epub 2013

Risso G, Pelisch F, Quaglino A, Pozzi B, Srebrow A. Regulating the regulators: serine/arginine-rich proteins under scrutiny. *IUBMB Life.* 2012 Oct;64(10):809-16. doi: 10.1002/iub.1075. Epub 2012 Sep 3. Review. PubMed PMID: 22941908.

Romero-Barrios et al . Splicing regulation by long noncoding RNAs. *Nucleic Acids Res.* 2018 PMC5861421. Sato H, Das S, Singer RH, Vera M. Imaging of DNA and RNA in Living Eukaryotic Cells to Reveal Spatiotemporal

Dynamics of Gene Expression. *Annu Rev Biochem.* 2020 Jun 20;89:159-187. doi: 10.1146/annurev-biochem-011520-104955. Epub 2020 Mar 16. PMID: 32176523; PMCID: PMC7608990.

Schor et al., Non-coding RNA expression, function, and variation during *Drosophila* embryogenesis. *Current Biology*, 2019. DOI: 10.1016/j.cub.2018.09.026

Schor IE, Bussotti G, Maleš M, Forneris M, Viales RR, Enright AJ, Furlong EEM. Non-

coding RNA Expression, Function, and Variation during *Drosophila* Embryogenesis. *Curr Biol*. 2018 Nov 19;28(22):3547-3561.e9. doi: 10.1016/j.cub.2018.09.026. Epub 2018 Nov 1. PMID: 30393032; PMCID: PMC6264527.

Shurtleff et al. Broad role for YBX1 in defining the small noncoding RNA composition of exosomes. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2017 PMC5663387.

Shurtleff et al. Y-box protein 1 is required to sort microRNAs into exosomes in cells and in a cell-free reaction.

Elife. 2016 doi: 10.7554/eLife.19276. PMC5047747.

Thomas et al (2011) RNA granules: the good, the bad and the ugly. *Cell Signal* 23 (2):324-334.

Thomas MG, Luchelli L, Pascual M, Gottifredi V, Boccaccio GL. A monoclonal antibody against p53 cross-reacts with processing bodies. *PLoS One*.2012;7(5):e36447. doi: 10.1371/journal.pone.0036447. Epub 2012 May 10.

Todd et al. CGG repeat-associated translation mediates neurodegeneration in fragile X tremor ataxia syndrome.

Neuron. 2013 78(3):440-55.

Tomassi et al (2017) Nonradioactive Detection of Small RNAs Using Digoxigenin-Labeled Probes. *Methods in Molecular Biology*. 1640, 199-210.

Tosar JP, Witwer K, Cayota A. Revisiting Extracellular RNA Release, Processing, and Function. *Trends Biochem Sci*. 2021 Jun;46(6):438-445. doi: 10.1016/j.tibs.2020.12.008. Epub 2021 Jan 4. PMID: 33413996; PMCID: PMC8122015.

Tosar, et al (2018) Dimerization confers increased stability to nucleases in extracellular 5' halves from glycine and glutamic acid tRNAs. *Nucleic Acids Research* 46 (17), 9081-9093. DOI: 10.1093/nar/gky495.

Tosar, J.P.; Cayota, A. (2018) Purification of extracellular non-vesicular RNA. *Methods in Molecular Biology*

1740: 125-137. DOI: 10.1007/978-1-4939-7652-2_10

Tosar, J.P; et al. (2017) Ribonucleic artefacts: are some extracellular RNA discoveries driven by cell culture medium components? *Journal of Extracellular Vesicles* 6 (1), e1272832.

Traubenik S, Ferrari M, Blanco FA, Zanetti ME. Translational regulation in pathogenic and beneficial plant- microbe interactions. *Biochem J*. 2021 Jul 30;478(14):2775-2788.

doi: 10.1042/BCJ20210066. PMID: 34297042.

Vera M, Tutucci E, Singer RH. Imaging Single mRNA Molecules in Mammalian Cells Using an Optimized MS2- MCP System. *Methods Mol Biol.* 2019;2038:3-20. doi: 10.1007/978-1-4939-9674-2_1. PMID: 31407274; PMCID: PMC8950109.

Wu et al. Translation affects mRNA stability in a codon-dependent manner in human cells. *Elife.* 2019 PMC6529216.

Yang and Schimmel. Functional expansion of the tRNA world under stress. *Mol Cell.* 2011;43(4):500-2.

Zanetti ME, Blanco F, Reynoso M, Crespi M. To keep or not to keep: mRNA stability and translatability in root nodule symbiosis. *Curr Opin Plant Biol.* 2020 Aug;56:109-117. doi: 10.1016/j.pbi.2020.04.012. Epub 2020 Jun 20. PMID: 32569975.