

Respuesta Genética de los Mecanismos Antioxidantes Presentes en Hojas de Yerba Mate durante Sequía.

Área del Conocimiento: Ciencias Agropecuarias.

Becario: VELLER, Francisco Mariano.

Director: ACEVEDO, Raúl Maximiliano.

Co-director: SANSBERRO, Pedro A.

Facultad: Ciencias Agrarias.

E-mail: franveller27@gmail.com

Objetivo Analizar los cambios en la expresión de genes involucrados en mecanismos de defensa al incremento de ROS durante la sequía.

Materiales y Métodos

Se compararon los transcriptomas de hojas de Yerba Mate de plantas con un riego adecuado (control), y plantas en condiciones de sequía (potencial agua del suelo de -2 MPa).

Los transcriptomas fueron obtenidos en el repositorio “Mateando”, de acceso libre en <http://ibone.unne.edu.ar/mateando/> (Acevedo et al., 2019). Se utilizaron las secuencias de los transcriptos, junto con sus niveles de expresión en ambos tratamientos. Se calcularon los cambios de expresión de los genes que se producen en una hoja estresada, con respecto a una hoja control.

La herramienta en línea “Mercator 4 v2.0” fue utilizada para traducir secuencias de los transcriptos a proteínas y luego asignarles anotaciones funcionales que incluyen la descripción de la función de cada proteína en un marco que organiza todas las categorías de proteínas vegetales disponibles (llamadas BIN) integradas en una estructura jerárquica de descripciones de contexto (Schwacke et al. 2019).

Los archivos de salida de Mercator fueron utilizados en el programa “MapMan 3.5.1R2” para visualizar los cambios de expresión génica, organizados en diagramas de vías metabólicas (Fig.1).

Se analizó el comportamiento de genes involucrados en sistemas de defensa frente a estrés oxidativo, y se los agrupó en base a los procesos en los cuales se conoce que intervienen.

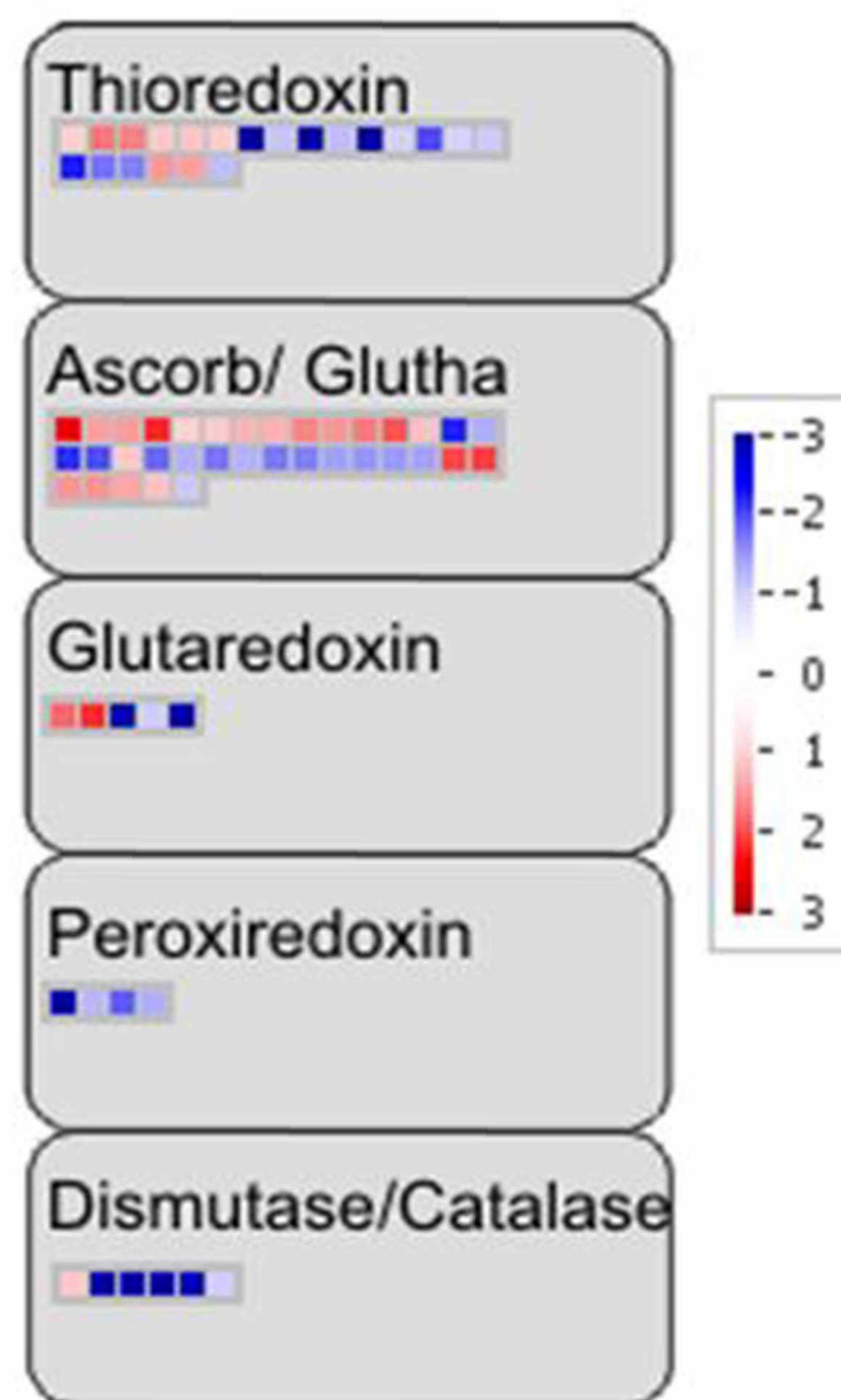


Fig.1. Cambios en la expresión de genes relacionados a mecanismos de defensa a estrés oxidativo. Esquema realizado con el programa MapMan. El color rojo indica un aumento de su expresión durante sequía, y el color azul una disminución. La intensidad del color es proporcional al cambio de expresión.

Tabla. 1. Las variaciones en la transcripción se expresaron como cambio relativo (aumento o disminución de X veces).

Gen o producto que codifica	Cambio relativo (X veces)
2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	5.85
2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	4.64
glutathione peroxidase 7 (GPX7)	4.26
glutathione peroxidase 7 (GPX7)	4.11
2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase	3.91
2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase	3.32
2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase	3.20
glutathione peroxidase 6 (GPX6)	2.98
glutathione peroxidase 6 (GPX6)	2.93
2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase	2.93
cytochrome B5 isoform E (CB5-E)	2.85
cytochrome B5 isoform E (CB5-E)	2.79
phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase (PHGPx)	2.67
2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase	2.52
2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase	2.48
membrane-associated progesterone binding protein 2 (MAPR2)	2.28
phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase (PHGPx)	2.25
Cupredoxin superfamily protein	2.15

Resultados y Discusión

En general se observó una activa alteración en la transcripción de los genes que participan los mecanismos de mitigación del estrés oxidativo. Los genes que codifican las enzimas superóxido dismutasas (SODs) y catalasas, se encuentran reprimidas. Esto indica que en la Yerba Mate no estarían cumpliendo un rol preponderante durante la sequía.

Por otra parte, el ciclo de ascorbato/glutación manifiesta la sobreexpresión de una buena parte de sus genes. Este ciclo opera en el citosol, mitocondrias, plástidos y peroxisomas; y juega un papel clave para la detoxificación del peróxido de hidrógeno (H₂O₂) Los sustratos que utiliza (glutación, ascorbato y NADPH) se encuentran presentes en altas concentraciones en las células vegetales (Noctor y Foyer 1998). Llamativamente, los niveles de transcripción de otras enzimas peroxidadas, como las peroxirredoxinas y las peroxidadas de glutación, se presentan disminuidos en comparación a sus niveles en la condición control.

Las peroxirredoxinas y peroxidadas de glutación, utilizan tiorredoxinas o glutaredoxinas como sustrato, y también contribuyen a la eliminación del H₂O₂ en las plantas (Rouhier et al. 2008).

En este contexto, se centró la atención sobre el ciclo de ascorbato/glutación, donde se observaron 18 genes con sobreexpresión, entre los que se destacan los que codifican peroxidadas de glutación (GPX) y dioxigenasas dependientes de 2-oxoglutarato (Tabla 1).

Este trabajo representa un estudio preliminar, que nos permite observar a nivel transcripcional, el comportamiento de los diferentes mecanismos que utiliza la planta para contrarrestar el aumento de ROS causados por la sequía.