



Un paso adelante para desvelar el funcionamiento de los genes de plantas

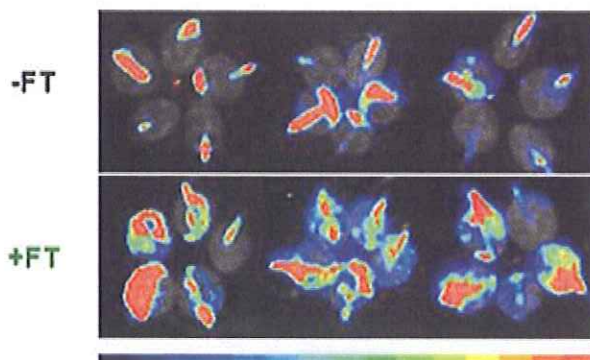
Investigadores del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas de la Universidad Politécnica de Madrid (CBGP-UPM) describen un novedoso sistema muy poderoso para desvelar mecanismos moleculares implicados en el control de procesos fisiológicos en plantas.

FUENTE | UPM

18/07/2011

El conocimiento del genoma completo de la planta modelo *Arabidopsis thaliana* ha desvelado que existen unos 1.500 genes en este organismo, llamados factores de transcripción (FT), encargados de regular a los más de 25.000 genes que contiene esta planta. Esta regulación es muy compleja y suele estar mediada por combinaciones específicas entre FTs y ADN de promotores de los genes que regulan (genes diana). Investigadores del Centro de Biotecnología y Genómica de Plantas (CBGP) y del Departamento de Biotecnología de la Universidad Politécnica de Madrid, han participado en el desarrollo de un sistema que acelerará el descubrimiento y caracterización de estas complejas redes transcripcionales, así como la mejora de las características agronómicas de las plantas.

Los resultados de esta investigación¹ se han recogido en un trabajo publicado en la revista PLoS ONE, bajo la coordinación del doctor Luis Oñate Sánchez, en colaboración con la profesora Pilar Carbonero, ambos investigadores del CBGP (UPM-INIA), y con la participación de grupos de reconocido prestigio españoles (J. Paz-Ares - Centro Nacional de Biotecnología), franceses (A. Lechamy - Centre National de la Recherche Scientifique) y alemanes (G. Coupland / F. Turck - Max Planck Institute). El impacto de este trabajo en la comunidad científica de plantas se ha visto reflejado en el elevado número de laboratorios nacionales y extranjeros que han empezado a utilizar este sistema, además de otra decena que han mostrado su interés en establecer colaboraciones con el grupo del CBGP.



La cantidad de luz emitida por las hojas de la planta aumenta cuando se les suministra el FT adecuado

El desarrollo de las plantas, así como sus respuestas y adaptaciones a factores ambientales están bajo el control de complejos mecanismos de regulación de la expresión génica. Estos mecanismos determinan cuándo, dónde y cuánto ha de expresarse un gen para permitir el correcto desarrollo de las plantas. Uno de estos mecanismos, el control de la transcripción, está mediado por genes que codifican proteínas tipo FT. Estas proteínas se unen a secuencias específicas de ADN, presentes en las regiones promotoras que preceden a los genes que están bajo su control. La regulación ejercida por los FTs puede ser modificada a su vez en función de su capacidad para interactuar entre sí.

Los FTs han jugado un papel crucial durante la evolución de las plantas y en la domesticación de los cultivos tales como las diferencias morfológicas existentes entre el maíz actual y su ancestro, el teosinte, que permiten una recolección más eficiente, o del aumento del rendimiento en trigo y arroz en la "revolución verde". Los FTs también tienen un enorme potencial biotecnológico, ya que han permitido mejorar el contenido nutricional, resistencia a sequías, frío y salinidad, etc.

En el estudio publicado, se han utilizado secuencias de ADN de promotores de interés para compararlas con las de los promotores equivalentes en otras especies de Brassicas con diferentes grados de relación evolutiva con *A.thaliana*. Tras identificar secuencias de ADN conservadas entre los promotores comparados y comprobar que las mismas tenían un papel



relevante en la función de los genes estudiados, dichas secuencias fueron utilizadas como 'cebos' para identificar FTs capaces de unirse a ellas.

Para ello, los autores han construido una

colección de casi 1.200 FTs de *A. thaliana* que fue cribada mediante el uso de la levadura *S. cerevisiae* como 'tubo de ensayo'. Se demostró que las interacciones entre FT y ADN identificadas en los cribados tenían una relevancia funcional en la planta. Adicionalmente, este sistema también ofrece la ventaja de poder utilizar proteínas como 'cebo', en lugar de fragmentos de ADN, para identificar interacciones cooperativas entre diferentes FTs que pueden modificar la regulación ejercida sobre sus genes diana.

Cultivo de *Arabidopsis thaliana* en cámaras del CBGP

1 Castrillo G, Turck F, Leveugle M, Lecharny A, Carbonero P, Coupland G, Paz-Ares J and Oñate-Sánchez L (2011) *Speeding Cis-Trans Regulation Discovery by Phylogenomic Analyses Coupled with Screenings of an Arrayed Library of Arabidopsis Transcription Factors*. PLoS ONE 6(6): e21524. Jun 2011.