

Diversidad y evolución molecular de genes de respuesta a sequía en almendro y otras plantas leñosas

B. Bielsa¹, A. Montesinos¹, M. J. Rubio-Cabetas¹, R. Dodd² y A. Fernandez i Marti²

¹Unidad de Hortofruticultura. Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Av. Montañana 930, 50059, Zaragoza, España. ²Department of Environmental Science, Policy, & Management, UC Berkeley. 130 Mulford Hall, Berkeley, CA 94720

Palabras clave: análisis filogenético, estrés hídrico, factor de transcripción, genes efectores, Rosaceas

Resumen

El aumento de estrés por sequía, acentuado por el cambio climático, es uno de los principales problemas para la agricultura a corto plazo, haciendo necesaria la selección de portainjertos tolerantes a estas condiciones ambientales. Sin embargo, el conocimiento actual a nivel molecular sobre la respuesta a sequía en plantas leñosas es muy limitado. En un análisis transcriptómico previo en tejido radicular del portainjerto híbrido almendro x melocotonero ‘Garnem’, se identificaron varias familias de genes involucrados en la respuesta a sequía: *Homeodomain Superfamily*, *Heat Shock Proteins (HSPs)*, *Late Embryogenesis Abundant (LEA)* y *Dehydration-Responsive Element-Binding (DREB)*. El objetivo de este estudio fue comprender la evolución de estas familias de genes en varias especies leñosas. Los genes estudiados se identificaron en los genomas de nueve especies (*Prunus dulcis*, *P. persica*, *Malus domestica*, *Festuca vesca*, *Citrus sinensis*, *Arabidopsis thaliana*, *Quercus rubra*, *Pinus taeda* and *P. lambertiana*), representando así una elevada diversidad vegetal. Con las secuencias de dichos genes, se realizó un análisis filogenético mediante estimación de máxima verosimilitud, donde se observaron diferentes patrones evolutivos.

INTRODUCCIÓN

La respuesta al estrés por sequía es compleja y conlleva la activación de distintos mecanismos que permiten la supervivencia de las plantas bajo condiciones adversas (Golldack et al., 2014). Para comprender mejor esta respuesta en plantas leñosas se estudiaron los patrones evolutivos de cuatro familias de genes cuya implicación en dicha respuesta ha sido descrita previamente. Estas son: los factores de transcripción (FTs) de la superfamilia *Homeodomain*, reguladores del desarrollo radicular bajo condiciones de sequía (Ariel et al., 2007; Cheng et al., 2016; Solis et al., 2014; Wei et al., 2015); los FTs *Dehydration-Responsive Element-Binding (DREB)*, inductores de genes efectores; y las familias de proteínas *Heat Shock Proteins (HSPs)* y *Late Embryogenesis Abundant (LEA)*. Los genes que sintetizan estas proteínas actúan como osmoprotectores, manteniendo la funcionalidad proteica y mejorando la resistencia a sequía en las plantas (Battaglia et al., 2008; Park and Seo, 2015).

MATERIAL Y MÉTODOS

De un análisis transcriptómico previo realizado en raíz del patrón de *Prunus* híbrido almendro x melocotonero ‘Garnem’ [*P. amygdalus* Batsch x *P. persica* (L.) Batsch] sometido a sequía durante 24 h, se seleccionaron 16 genes pertenecientes a la familia de

FTs *Homeodomain*, 9 genes pertenecientes a la familia de FTs *DREB*, 10 genes que sintetizan para proteínas LEA y 12 genes *HSPs*, diferencialmente expresados en tejido radicular de ‘Garnem’. Se buscaron e identificaron los genes ortólogos en los genomas de 9 especies vegetales (*Prunus dulcis*, *P. persica*, *Malus domestica*, *Festuca vesca*, *Citrus sinensis*, *Arabidopsis thaliana*, *Quercus rubra*, *Pinus taeda* and *P. lambertiana*) mediante Blast. Posteriormente, se realizó el análisis evolutivo comparativo de estos genes en las diferentes especies mediante un estudio filogenético por estimación de máxima verosimilitud utilizando el programa RAxML 8.0 (Stamatakis, 2014). Con todo ello, se crearon dos árboles filogenéticos usando el software Figtree v1.4.2 (Rambaut, 2016): en un árbol se incluyeron los genes de la familia de FTs *Homeodomain*; y en el otro las familias de TFs *DREB*, las proteínas LEA y las *HSPs*.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las diferentes funciones realizadas por cada uno de los genes estudiados han sido bien documentadas con anterioridad confirmando su papel clave en la respuesta y adaptación bajo condiciones de sequía (Ariel et al., 2007; Battaglia et al., 2008; Park and Seo, 2015; Sazegari et al., 2015).

Los árboles filogenéticos obtenidos mostraron un patrón evolutivo claro. La mayoría de las familias de genes se clasificaron en grupos, indicando que estos grupos naturales se mantienen bien definidos. Los miembros de estos grupos presentan una alta identidad de secuencia. Los resultados sugieren que estos genes comparten un ancestro común para las distintas especies, mostrando unos niveles de evolución similares que podrían ser debidos a un proceso evolutivo diferente a la especificación de los genes en sí, en lugar de deberse a sucesos específicos de cada gen en cada una de las especies analizadas.

Como conclusión, la distribución de los grupos en los dos árboles filogenéticos, indica que la diversificación de la función génica para la respuesta a la sequía podría haber sucedido con anterioridad a la especificación de las distintas especies. Este estudio servirá como punto de partida para una mejor caracterización de la ruta evolutiva de estos genes de respuesta de sequía y por tanto útil para la selección de especies tolerantes a la sequía.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto RTA-INIA 2014-00062 y el Gobierno de Aragón (grupo A12).

Referencias

- Ariel, F.D., Manavella, P.A., Dezar, C.A. and Chan, R.L. 2007. The true story of the HD-Zip family. *Trends Plant Sci.* 12: 419–426. doi:10.1016/j.tplants.2007.08.003
- Battaglia, M., Olvera-Carrillo, Y., Garcarrubio, A., Campos, F. and Covarrubias, A. 2008. The enigmatic LEA proteins and other hydrophilins. *Plant Physiol.* 148: 6–24. doi:10.1104/pp.108.120725
- Cheng, S., Zhou, D.-X. and Zhao, Y. 2016. *WUSCHEL*-related homeobox gene *WOX11* increases rice drought resistance by controlling root hair formation and root system development. *Plant Signal. Behav.* 11, e1130198. doi:10.1080/15592324.2015.1130198
- Golldack, D., Li, C., Mohan, H. and Probst, N. 2014. Tolerance to drought and salt stress in plants: unraveling the signaling networks. *Front. Plant Sci.* 5: 151. doi:10.3389/fpls.2014.00151
- Park, C.-J., Seo and Y.-S. 2015. Heat Shock Proteins: A Review of the Molecular Chaperones for Plant Immunity. *Plant Pathol. J.* 31: 323–33.

- doi:10.5423/PPJ.RW.08.2015.0150
- Rambaut, A. 2016. FigTree v1.4.2 [WWW Document]. URL <http://tree.bio.ed.ac.uk/software/figtree/> (accessed 4.17.18).
- Sazegari, S., Niazi, A. and Ahmadi, S.F. 2015. A study on the regulatory network with promoter analysis for Arabidopsis *DREB*-genes. *Bioinformation* 11: 101–106. doi:10.6026/97320630011101
- Solis, J., Villordon, A., Baisakh, N., LaBonte, D. and Firon, N. 2014. Effect of drought on storage root development and gene expression profile of sweetpotato under greenhouse and field conditions. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 139:317–324.
- Stamatakis, A. 2014. RAxML version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30: 1312–1313. doi:10.1093/bioinformatics/btu033
- Wei, W., Zhang, Y.-Q., Tao, J.-J., Chen, H.-W., Li, Q.-T., Zhang, W.-K., Ma, B., Lin, Q., Zhang, J.-S. and Chen, S.-Y. 2015. The Alfin-like homeodomain finger protein AL5 suppresses multiple negative factors to confer abiotic stress tolerance in Arabidopsis. *Plant J.* 81: 871–883. doi:10.1111/tpj.12773