



**POST-GENÓMICA DE FRIJOL: DESCIFRANDO NUEVOS PROTAGONISTAS DE LA SIMBIOSIS CON RHIZOBIA  
AL TRAVÉS DE LA TRANSCRIPTÓMICA**

Georgina Hernández D., Centro de Ciencias Genómicas - Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM),  
Cuernavaca, Mor. 62230, gina@ccg.unam.mx.

*Fijación simbiótica de N, frijol-rhizobia, transcriptómica*

La disponibilidad de nutrientes es uno de los factores limitantes que afecta la producción de cultivos a nivel mundial. Actualmente las prácticas agrícolas dependen del uso masivo de fertilizantes nitrógenados para tener rendimientos adecuados. Sin embargo este modelo no es sostenible desde el punto de vista económico –altos costos de los fertilizantes químicos y bajo precio de productos agrícolas- y ecológico –muchos de los nutrientes de los fertilizantes se pierden drenándose al ambiente y contribuyendo con la contaminación de ríos y lagos-. Lo anterior hace pensar que se requiere una “nueva revolución verde”.

Entre las posibles alternativas a técnicas de fertilización, podemos aprovechar la adaptación natural que ha aparecido durante la evolución de las plantas. Las leguminosas (alfalfa, soya, chícharo, garbanzo, frijol) han desarrollado la capacidad para generar su propio fertilizante nitrogenado al interactuar con bacterias del suelo conocidas como rhizobia, en el proceso conocido como fijación simbiótica de N. Al interactuar con los rhizobia la raíz de las leguminosas desarrolla los nódulos que son nuevos órganos en donde se aloja la bacteria y lleva al cabo la reducción del N<sub>2</sub> atmosférico a amonio, por medio del complejo enzimático nitrogenasa. El amonio es transferido a las células vegetales para su asimilación y uso como fuente de N.

El frijol (*Phaseolus vulgaris*) que es la leguminosa más importante para el consumo humano y es la principal fuente proteica para la población de México y otros países de Latinoamérica y África (Broughton et al., 2003). La línea de investigación de nuestro grupo es la genómica funcional de frijol para contribuir con el conocimiento de la fijación simbiótica de N. La secuencia del genoma del frijol recién se publicó (Schmutz et al., 2014) lo cuál abre la puerta a la post-genómica de este importante cultivo.

Con base en dicha secuencia, mi grupo y colaboradores de EUA recientemente publicamos un trabajo sobre el transcriptoma del frijol; este contribuyó con la generación del atlas de expresión génica (“*P. vulgaris* gene expresión atlas”, Pv\_GEA) (O’Rourke et al., 2014). El transcriptoma se refiere al conjunto de mRNAs codificantes que se transcriben a partir del genoma en una célula, tejido o condición específica. Nos concentramos en investigar el “transcriptoma simbiótico”, analizando la expresión génica de bibliotecas de nódulos (efectivos maduros y jóvenes e inefectivos) en comparación con la de raíz (de plantas noduladas y plantas fertilizadas con nitrato). Identificamos los genes de frijol similares a los que han sido identificados como esenciales para la simbiosis con rhizobia en otras leguminosas, tanto en eventos tempranos de la simbiosis (infección del rhizobia) como en los nódulos maduros funcionales. Además nuestro análisis reveló genes no conocidos que pudieran tener roles importantes en la regulación de un proceso tan complejo como es la fijación simbiótica de N. Estos incluyen genes de factores de transcripción que son reguladores globales esenciales que controlan la expresión génica de los organismos eucariotes al reconocer secuencias específicas del promotor de los genes blancos e interactuar con diferentes coactivadores para reclutar o impedir el acceso de la RNA polimerasa al DNA.

Así, los análisis post-genómicos de frijol contribuirán a descifrar nuevos protagonistas en la simbiosis del frijol con rhizobia, lo que en el futuro se pudiera derivar a mejoras agrícolas de este importante cultivo.

1. Broughton WJ, Hernández G, Blair M, Beebe S, Gepts P, Vanderleyden J (2003) Beans (*Phaseolus* spp.) – model food legumes. *Plant Soil* 252: 55-128.
2. Schmutz J, McClean PE, Mamidi S, Wu GA, Cannon SB, Grimwood J, Jenkins J, Shu S, Song Q, Chavarro C, Torres-Torres M, Geffroy V, Moghaddam SM, Gao D, Abernathy B, Barry K, Blair M, Brick MA, Chovatia M, Gepts P, Goodstein DM, Gonzales M, Hellsten U, Hyten DL, Jia G, Kelly JD, Kudrna D, Lee R, Richard MMS, Miklas PN, Osorno JM, Rodrigues J, Thareau V, Urrea CA, Wang M, Yu Y, Zhang M, Wing RA, Cregan PB, Rokhsar DS, Jackson SA (2014) A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestication. *Nat Genet* 46: 707-713
3. O’Rourke JA, Iniguez LP, Fu F, Bucciarelli B, Miller SS, Jackson SA, McClean PE, Li J, Dai X, Zhao PX, Hernández G, Vance CP (2014) An RNA-Seq based gene expression atlas of the common bean. *BMC Genomics* 15: 866