



MODIFICACIONES DE LA EXPRESIÓN DE GENES DEL METABOLISMO DE SACAROSA DE TOMATE POR INFLUENCIA DE LA SIMBIOSIS MICORRÍZICA DE TIPO ARBUSCULAR

Isaac Alejandro Salmerón-Santiago, Javier Rivero-Bravo, Ramona Schubert, María José Pozo-Jiménez, Ana Tztzqui Chávez-Bárceñas. Laboratorio de Interacciones Planta-Ambiente, Facultad de Agrobiología "Presidente Juárez", Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, atchavez@umich.mx

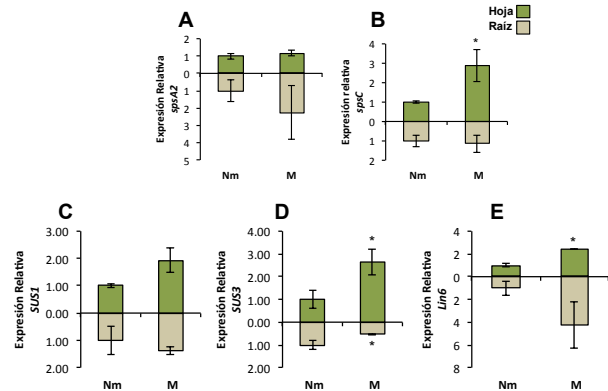
Palabras clave: Metabolismo de sacarosa, simbiosis micorrízica, análisis de expresión de genes

Introducción. Los hongos micorrizógenos arbusculares (HMA) son microorganismos de suelo que forman relaciones mutualistas con las plantas. Durante esta relación, el hongo es capaz de conferir numerosos beneficios que tienen impacto sobre el desarrollo de las plantas y promueven resistencia y/o tolerancia a factores de estrés biótico y abiótico (1 y 2). A cambio el hongo, demanda una porción de los fotoasimilados que la planta produce durante la fotosíntesis. Por sus características físico-químicas la sacarosa es un carbohidrato ideal para transportar los productos de las reacciones de fijación de carbono desde los sitios de síntesis, o tejidos fuente, hasta los tejidos de metabolismo heterotrófico, llamados también tejidos sumidero (3).

El presente trabajo tuvo como objetivo principal analizar la modificación de la expresión de genes implicados en la biosíntesis y degradación de sacarosa, así como la distribución de distintas fracciones de carbohidratos solubles, en tejidos foliares y radiculares de plantas de tomate, bajo influencia de la simbiosis micorrízica de tipo arbuscular.

Metodología. Se estableció un experimento en invernadero con plantas de tomate de la variedad Castelmart que incluía plantas cuyas raíces habían sido colonizadas por el HMA *Funneliformis mosseae* (BEG 12) y plantas control, las cuales no fueron inoculadas con el HMA. Se tomaron muestras de tejidos foliares y radiculares de cada uno de los tratamientos, a partir de los cuales se realizaron análisis de expresión de genes por RT-PCR en tiempo real. Los genes estudiados fueron *spsA2* y *spsC*, implicados en la biosíntesis de sacarosa; y de los genes *SUS1*, *SUS3* y *Lin6*, que codifican enzimas que catalizan la hidrólisis de sacarosa. De igual manera, con la finalidad de relacionar el impacto de las modificaciones en la expresión de genes, se cuantificaron distintas fracciones de carbohidratos solubles en tejidos foliares y radiculares por métodos colorimétricos.

Resultados. En cuanto a la expresión de los genes implicados en la síntesis de sacarosa, únicamente se detectó un aumento de la expresión de *spsC* en tejido foliar. Respecto a los genes de degradación de sacarosa, se observaron aumentos de la expresión de los genes *SUS3* y *Lin6* en tejido foliar, pero una reducción del gen *SUS3* en tejido radicular. *SUS1*, bajo las condiciones evaluadas no mostró cambios estadísticamente



significativos en ninguno de los tejidos evaluados. (Figura 1).

Fig. 1. Análisis de expresión de genes de síntesis (A y B) y de degradación de sacarosa (C - E) en tejidos foliares y radiculares. Los asteriscos indican diferencia significativa respecto a los niveles de expresión relativa detectados en las plantas control usando la prueba de Diferencia Mínima Significativa ($p < 0.1$).

En cuanto a la distribución de azúcares solubles, se detectó un aumento de la cantidad de sacarosa en tejidos foliares, pero una reducción de la proporción de azúcares reductores en raíz, respecto a los detectados en tejido foliar.

Conclusiones. La simbiosis micorrízica es capaz de modificar la expresión de genes de biosíntesis y degradación de sacarosa en plantas. Además los resultados sugieren que esta simbiosis podría estar implicada en el aumento de la capacidad de producir fotoasimilados para transporte en tejidos fuente, mientras que la reducción de la proporción de azúcares reductores en raíces colonizadas por HMA está estrechamente asociada a la adquisición de carbohidratos por parte del hongo.

Agradecimiento. Al programa de Becas Nacionales y Becas Mixtas de CONACyT. El trabajo fue desarrollado con apoyo del proyecto CIC-UMSNH No.15.11-2014.

Bibliografía.

- Barea J-M, Pozo MJ, Azcón R, Azcón-Aguilar C. (2005). J Exp Bot 56:1761-78.
- Jung CS, Martínez-Medina A, López-Ráez JA y Pozo MJ. (2012). J Chem Ecol 38: 651-664.
- Chávez-Bárceñas AT, et al. (2000). Plant Physiol 124: 641-654.