



Formato EXM

ANÁLISIS DE cDNAs DE EXPRESIÓN DIFERENCIAL EN ESTADIOS TEMPRANOS DE FLORACIÓN DE *P. vulgaris* VAR CARIOCA EN CONDICIONES DE INVERNADERO Y CAMPO

Victor Montero Tavera, Roberto Ruiz Medrano, Jorge A. Acosta Gallegos y Beatriz Xoconostle Cázares
Ave. IPN # 2508 Col. San Pedro Zacatenco México, D. F. C. P. 07360 Tel. 01(55)50613800 Ext. 4315
victorm2001@msn.com.

Primordio floral, meristemos, macroarreglo

Introducción. En plantas de grano como el frijol la floración es un fenómeno muy importante, pues se correlaciona directamente con la formación de vainas y por tanto con la producción de grano. Este síndrome se ha estudiado profusamente a nivel molecular en la planta modelo *Arabidopsis thaliana*, sin embargo en frijol es prácticamente desconocido. Se sabe que este es un fenómeno esencialmente reprimido por el gen Flowering Locus C y promovido principalmente por CONSTANS, Flowering Terminal y Leafy (1), pero en frijol no se conoce qué genes y/o sus productos intervienen en el inicio de la formación de las flores.

El objetivo del presente trabajo es identificar los genes de expresión diferencial en el inicio de la floración en frijol y determinar sus niveles de expresión en campo.

Metodología. A partir de tejidos de primordios florales, meristemos vegetativos, tallos de plantas en inicio de floración y tallos de plantas sin flores, se construyeron tres Bibliotecas Sustractivas Supresivas (2). Los cDNAs candidatos a diferenciales se clonaron en el vector pDRIVE para transformar a *E. coli*, multiplicarlos y hacer un escrutinio radiactivo por medio de macroarreglos de cDNA para confirmar su diferencialidad; adicionalmente se comprobaron los niveles de expresión por medio de RT-PCR semicuantitativa. Además se estudió el comportamiento de los niveles de expresión de estos genes en tres generaciones contiguas de frijol establecidas en campo.

Resultados y discusión. Con la metodología descrita se identificaron 25 genes de expresión diferencial (Cuadro 1) asociados al inicio de la floración en condiciones de invernadero entre ellos APETALA2, LFY, HMG-1 y Profilina. Es de sumo interés que un 41% de ellos han sido asociados también con diversos tipos de estrés biótico y abiótico, principalmente con sequía.

Cuadro 1. Categorías de cDNAs diferenciales.

Asociados a floración	12.5%
Asociados a estrés	8% / 41%
Asociados a señalización	17%
Estructurales	12.5%
Desconocidos	50%

Esto permite suponer que existe un entrecruzamiento entre las rutas genéticas de floración y de respuesta a estrés.

Los resultados de campo muestran variaciones en el nivel de transcripción de los genes diferenciales, las cuales pueden atribuirse al efecto de los tres ciclos de endogamia sobre el genotipo (Fig. 1). Existe estabilidad en el comportamiento de las variaciones en tres de los tejidos estudiados, no así en tejidos de tallos sin flores donde el nivel de expresión va en ascenso, lo cual podría indicar que las señales que disparan la floración se sintetizaron en los trifolios inferiores y viajan hacia los ápices a través del floema.

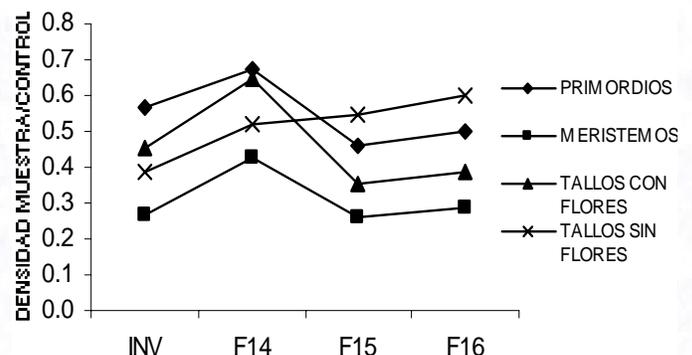


Figura 1. Tendencias generales en la expresión de genes asociados con floración en tres generaciones establecidas en campo.

Conclusiones. Asociados a etapas tempranas de la floración se encontraron genes de diferentes categorías, resaltando los asociados a sequía y los desconocidos. Los niveles de expresión en campo no son estables, pero tienen un comportamiento similar en los tejidos reproductivos y vegetativos estudiados.

Agradecimiento. Al CONACyT por financiar este proyecto y por la beca doctoral del M. en C. Montero. Al INIFAP por las facilidades para el experimento de campo.

Bibliografía.

- (1) Krizek, B. A., and Fletcher, J. C. (2005). Molecular mechanisms of flower development: an armchair guide. *Nat. Rev/Gen.* 6:688-697.
- (2) Diatchenko, L. et al (1996). Suppression subtractive hybridization: A method for generating differentially regulated or tissue-specific cDNA probes and libraries. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 93:6025-6030.