

29 DE JUNIO DE 01

La identificación de genes podría decirnos cómo las plantas reconocen el polen

Unos investigadores han identificado los genes que codifican para proteínas que cubren el polen de la planta con flores *Arabidopsis thaliana*. Los estudios podrían ayudar a los científicos a entender cómo las plantas reconocen el polen de su propia especie.

El entender las bases del reconocimiento de las especies que realizan las plantas podría permitir a los científicos agroalimentarios cruzar especies de plantas previamente incompatibles o impedir que plantas diseñadas genéticamente se crucen con otras cepas.

Los investigadores, conducidos por la investigadora del Instituto Médico Howard Hughes, [Daphne Preuss](#), de la Universidad de Chicago, publicaron la identificación de las familias del gen de la proteína de la cubierta del polen de *Arabidopsis* en un artículo publicado en el número del 29 de junio de 2001, de la revista *Science*.

"La manipulación del reconocimiento del polen permitiría cruces que son, de otra manera, difíciles de hacer — tal como cruzar un manzano tolerante al frío con otra variedad con fruta deliciosa, que de otra manera sería incompatible."

- **Daphne Preuss**

Arabidopsis thaliana es miembro de la familia de la mostaza, que también incluye al repollo y al rábano. *Arabidopsis* es pequeña, prolífica, fácil de cultivar y tiene un ciclo vital rápido. En diciembre de 2000, un consorcio internacional de científicos anunció que había secuenciado el genoma entero de *Arabidopsis*, un logro que los científicos de plantas creen conducirá a

avances en la comprensión de la fisiología de las plantas.

Experimentos anteriores realizados por Preuss y otros investigadores habían demostrado que el cambiar o alterar las proteínas de la cubierta del polen puede cambiar la especificidad de la especie de las plantas o eliminar por completo la polinización. “Los científicos han comprendido por mucho tiempo que la cubierta del polen es crítica para comenzar el proceso de polinización en una gran cantidad de especies”, dijo Preuss. “Pero nunca antes se había hecho un análisis comprensivo de todos los genes de la cubierta proteica del polen en una planta, y esto es lo que hace único a este trabajo”.

La búsqueda de los genes de la cubierta proteica del polen comenzó con el trabajo del autor principal, Jacob A. Mayfield, quien extrajo e identificó todas las proteínas de la cubierta del polen de *Arabidopsis*. Investigadores del Centro Médico de la Universidad de Stanford proporcionaron información de la secuencia de la proteína. “Aunque teníamos estas secuencias de proteínas, no fue hasta que se secuenció el genoma de *Arabidopsis* que nuestra búsqueda reveló que estas proteínas están codificadas en arreglos en tándem, presentes en el genoma”, dijo Preuss.

Los científicos descubrieron que los genes de la proteína de la cubierta existían en dos grupos diferentes del genoma de *Arabidopsis*, lo que es un descubrimiento emocionante, dijo Preuss, porque indica que las plantas tienen ‘grupos de apareamiento’ de genes que se mantienen juntos. Uno de los grupos de genes codifica para enzimas llamadas lipasas, que clivan moléculas de lípidos; y el otro grupo codifica para las proteínas que se unen a lípidos, llamadas oleosinas. Según Preuss, las enzimas y las proteínas relacionadas con los lípidos permiten que la seca cubierta de polen interactúe con las células del estigma de las flores de la planta durante la polinización.

Después de descubrir que los genes estaban contenidos en dos grupos, los científicos comenzaron experimentos diseñados para revelar la función de los mismos. “Siempre que se agrupan los genes, surgen importantes preguntas evolutivas sobre la razón por la que están agrupados y qué mantiene al grupo”, dijo Preuss. Para explorar si los grupos se mantienen en “ecotipos” de *Arabidopsis* relacionados — los cuales son cepas distintivas de plantas de diferentes regiones geográficas — la coautora Aretha Fiebig secuenció los genes agrupados de cinco ecotipos.

Fiebig descubrió que los grupos de genes se mantenían a través de los ecotipos. Ella también encontró que cualquier variación dentro de los genes no interrumpía la funcionalidad de los mismos. “Estos resultados demostraron que existía una presión evolutiva para mantener los genes”, dijo Preuss.

Cuando Mayfield comparó los grupos de genes de la cubierta proteica del polen de *Arabidopsis* con los de su pariente, el brócoli, encontró una gran

divergencia genética. “Creemos que esta divergencia significa que estos genes son importantes para la especiación, y quisiéramos comenzar a buscar genes similares en otras plantas”, dijo Preuss.

En estudios futuros, el equipo de Preuss planea mutar los genes de la cubierta proteica del polen de *Arabidopsis* e intercambiar grupos de genes de otras plantas para explorar la función básica de las proteínas en el reconocimiento de las especies y su función en la especiación. El entender estas funciones podría conducir a nuevas y poderosas técnicas para cruzar plantas, dijo Preuss.

“La comprensión de las moléculas de reconocimiento básicas permitiría tratar dos problemas principales que son dos caras de la misma moneda”, dijo. “Primero, la manipulación del reconocimiento del polen permitiría cruzas que son, de otra manera, difíciles de hacer — tal como cruzar un manzano tolerante al frío con otra variedad con fruta deliciosa, que de otra manera sería incompatible —. La otra cara de la moneda sería diseñar el polen para inhibir cruzas, por ejemplo para que el polen de cultivos diseñados genéticamente no sea reconocido por otra variedad”.

Según Preuss, el descubrimiento de los genes de la cubierta proteica del polen es un ejemplo del tipo de investigación que los biólogos vegetales pueden hacer ahora que se ha secuenciado el genoma de *Arabidopsis*. “*Arabidopsis* tiene todas las partes básicas que las plantas necesitan para funcionar, así que es un modelo excelente. La secuenciación de su genoma nos ha llevado a una fase maravillosa de descubrimiento, durante la cual podemos avanzar y probar muy rápidamente la función de una gran cantidad de genes.

“La secuencia del genoma de *Arabidopsis* permite que los científicos vegetales trabajen con sólo una pequeña porción de la secuencia de un gen para obtener la secuencia entera del mismo”, dijo Preuss. “Además, ya existen muchas mutaciones conocidas en esta planta, así que cuando hacemos nuevas mutantes, podemos compararlas con estas mutantes previamente caracterizadas. Finalmente, dado que muchos trabajos han relacionado a *Arabidopsis* con otras especies, ahora que tenemos el genoma de *Arabidopsis*, es muy fácil hacer comparaciones”.