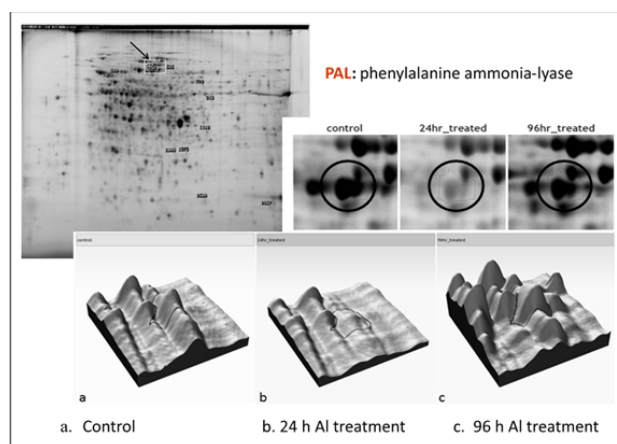


25/06/2018

## Proteómica para entender la resistencia de *Urochloa decumbens* al Aluminio



Un equipo de la unidad de Fisiología Vegetal del Departamento de Biología Animal, Vegetal y Ecología de la UAB ha estudiado mediante análisis proteómicos los mecanismos por los cuales la especie *Urochloa decumbens* tiene una resistencia extrema a la toxicidad por Aluminio, desvelando que existen 11 proteínas implicadas en estos mecanismos de las cuales han identificado 6.

Identificación de PAL mediante MALDI-TOF espectrómetro de masas

La toxicidad por Aluminio así como la deficiencia de Fósforo, Magnesio y Calcio es un rasgo característico de suelos ácidos tropicales. Estos factores afectan en gran medida al crecimiento y la arquitectura radicular en plantas sensibles. Entre las plantas adaptadas *Urochloa decumbens* es una de las que tiene extrema resistencia al Aluminio. Estas especies pueden servir de modelo de estudio para los mecanismos de resistencia en estas condiciones. *Urochloa decumbens* es una planta de forraje de modelo fotosintético C4 originaria de África y que actualmente está ampliamente extendida en cultivo en suelos tropicales alrededor del mundo debido a su elevado crecimiento y productividad en estas condiciones.

Los mecanismos por los cuales esta especie tiene una extrema resistencia a la toxicidad por Al aún no son bien conocidos. En estudios anteriores se encontró que la plena expresión de la resistencia requiere de un periodo de entre 72-96 horas que está precedido por una fase de

sensibilidad de entre 24-48 horas. Las muestras del proteoma de la raíz, así como los exudados y los datos de elongación radicular fueron analizados durante las primeras 96 horas después de la exposición de las plantas a 0 y 200µM Al.

La estimulación en la exudación de citrato y oxalato se limitó a la fase de sensibilidad, confirmando que, a diferencia de otras especies, la exudación de ácidos orgánicos no es el principal mecanismo de tolerancia en *Urochloa decumbens*. El análisis proteómico reveló que solo 11 proteínas mostraban cambios en la abundancia después del tratamiento; pero solo 6 pudieron ser identificadas.

Durante la fase sensible (24 horas), la phenylamonioliasa (PAL), la metionina sintasa (MS) y la ácido deoximunigénico sintasa (DMAs) disminuyeron su nivel mientras que la ácido fosfatasa lo aumentó. Coincidiendo con el retorno a la fase de crecimiento radicular (fase de tolerancia, 96 horas) la PAL y la MS retornaron a los niveles iniciales, pero no la DMAs. A las 96 horas también la  $\gamma$ -anhidrasa carbónica ( $\gamma$ -AC) y la adenilato quinasa (AK) junto con dos no identificadas aumentaron sus niveles.

En la fase de alarma los cambios se relacionan con la movilización de Fósforo, descenso en la absorción de Hierro, reducción en la síntesis de fenoles y estimulación de la oxidación de ácidos orgánicos. En la fase de resistencia la biosíntesis de fenoles y de metionina quedan restablecidas, pero no la movilización de Hierro. La máxima expresión de la resistencia se da con un aumento de la  $\gamma$ -AC, enzima asociada al complejo mitocondrial -I, y con un aumento de la AK, indicando un aumento de la respiración y una mayor provisión de ATP y Mg en la ATP sintasa.

El futuro del trabajo está enfocado en identificar las cinco proteínas restantes que muestran cambios en abundancia debido al tratamiento con Al y que nos pueden aportar pistas claves para el conocimiento del mecanismo para la extraordinaria resistencia al Al en *U. decumbens*

#### **Dra Roser Tolrà, Dra Charlotte Poschenrieder**

Unidad de Fisiología Vegetal

Departamento de Biología Animal, Vegetal y Ecología (BABVE),

Facultad de Biociencias,

Universidad Autónoma de Barcelona.

#### **Referencias**

Catalina Arroyave, Roser Tolrà, Livia Chaves, Marcelo Claro de Souza, Charlotte Poschenrieder **A proteomic approach to the mechanisms underlying activation of aluminium resistance in roots of *Urochloa decumbens***. *Journal of Inorganic Biochemistry* 181 (2018) 145–151

[View low-bandwidth version](#)