

# UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN



## EXPRESIÓN Y ACUMULACIÓN DE DESHIDRINAS

EN

*Deschampsia antarctica* Desv.

Tesis doctoral presentada a la Escuela de Graduados de la Universidad de Concepción  
como parte de los requisitos para optar al grado de Doctor en Ciencias Biológicas



POR

NÉLIDA CRISTINA OLAVE CONHA

TUTOR

Dr. Luis Corcuera P.

Dr. Simón Ruíz L.

2004

## Resumen

Las plantas han desarrollado diferentes mecanismos adaptativos para enfrentar condiciones ambientales adversas de temperatura, salinidad y sequía. Las plantas responden a tales condiciones iniciando numerosos cambios fisiológicos. Muchos de estos mecanismos adaptativos son en respuesta a la percepción del estrés, los que llevan a la inducción de genes específicos. La expresión de estos genes conduce a la síntesis de proteínas de estrés específicas, las que confieren tolerancia a las plantas. Un grupo importante de genes que responden a estrés abiótico, son los genes *lea*, los cuales fueron identificados por vez primera en las fases de maduración y desecación de las semillas de algodón. Varios genes *lea* han sido caracterizados y basado en el análisis de sus secuencias aminoacídicas deducidas, se han identificado distintos grupos. Uno de estos grupos, son las proteínas LEA-D11 o deshidrinas, las que forman parte de una familia de proteínas vegetales que se acumulan en respuesta a estímulos que producen deshidratación, como son la sequía, temperaturas bajas, salinidad alta y respuesta a ABA. Una característica distintiva de las deshidrinas, es la presencia de una secuencia rica en lisina altamente conservada y designada con el nombre de segmento K (EKKGIMDKIKEKLPG) debido a la presencia de múltiples lisinas, el que generalmente está repetido más de una vez. Aunque no se conoce en forma clara la función de las deshidrinas, se ha postulado que ellas protegerían a las plantas de la deshidratación. Lo anterior se basa en que ellas se encuentran en la mayoría de las especies vegetales, muestran un carácter hidrofílico, sus propiedades son similares a la de los solutos compatibles y porque se ha observado una correlación entre su acumulación y la tolerancia al frío y sequía. Por otro lado, hay evidencias recientes de su participación como estabilizadores de las membranas celulares durante la deshidratación.

*Deschampsia antarctica* Desv. (Poaceae) es una de las dos plantas vasculares que ha colonizado la Antártida Marítima. La vegetación nativa de la Antártica debe tener varios mecanismos que les permitan mantener su metabolismo a temperaturas bajas durante el verano Antártico (estación de crecimiento) y sobrevivir durante el invierno. *D. antarctica* no tiene un contenido inusual de lípidos totales polares o un alto grado de ácidos grasos insaturados al compararla con otras Poacea. Sin embargo, se han detectado en esta planta altos contenidos de sacarosa y fructanos hacia el término del verano. En consideración a que *D. antarctica* está generalmente expuesta al frío, salinidad y viento en su ambiente natural, se postula que *D. antarctica* debería tener genes que codifican para deshidrinas y que su acumulación estaría diferencialmente regulada por temperaturas bajas, salinidad, estrés osmótico y ABA. *D. antarctica* fue sometida a distintos tratamientos que inducen la acumulación de deshidrinas, y se analizó la acumulación de deshidrinas y ARN mensajeros. La utilización de una sonda homóloga para deshidrinas, permitió la detección de dos ARN mensajeros de 1,0 y 1,6 kb. El primero sólo se acumuló en respuesta a ABA y el segundo se observó en los tratamientos de salinidad y estrés osmótico. La acumulación del transcrito de 1,6 kb fue mucho más rápida en los tratamientos con PEG que en los tratamientos con NaCl. Cuando las plantas fueron tratadas a 4 °C, no se detectó transcritos para deshidrinas. La utilización de un anticuerpo anti-deshidrina dirigido contra el segmento-K, permitió la detección de 10 proteínas con tamaños de 58, 57, 53, 48, 38, 32, 30, 28 y 25 kDa. La cinética de acumulación de las deshidrinas en todos los tratamientos indicaría la existencia de una regulación diferencial. Los resultados obtenidos en esta tesis indican que: a) *D. antarctica* tiene genes que codifican para deshidrinas, los cuales estarían diferencialmente regulados por estrés osmótico, salinidad y ABA exógeno, b) las

temperaturas bajas, salinidad, sequía, y ABA exógeno llevaron la acumulación de deshidrinas de diferentes tamaños y c) la acumulación de las deshidrinas en *D. antarctica* estaría mediada por vías dependientes e independientes de ABA.

