

Control del ciclo celular y resistencia a la salinidad y la sequía: «to WEE1 or not to WEE1»

Ochatt, Sergio

Agroécologie, AgroSup Dijon, INRAE, Univ. Bourgogne Franche-Comté, Dijon, France. sergio.ochatt@inrae.fr; <https://orcid.org/0000-0002-2887-4389>; tel: +33 380693161

La presión demográfica ha aumentado la demanda de recursos agrícolas mientras que los cambios climáticos han rarificado las tierras aptas para la agricultura, generando estreses abióticos que exacerban los efectos de las plagas y enfermedades impactando negativamente el rendimiento de los cultivos. Uno de los mayores desafíos actuales es el de comprender y contrarrestar el impacto de esos estreses. Las biotecnologías *in vitro* ofrecen una alternativa eficaz al mejoramiento convencional, sobre todo con el desarrollo reciente de las herramientas genéticas y genómicas necesarias para dilucidar los mecanismos subyacentes a la adquisición de la tolerancia al estrés. Las leguminosas son centrales en una agricultura sostenible, pues fijan simbióticamente el nitrógeno atmosférico reduciendo los requerimientos en fertilizantes, y producen granos ricos en proteínas importantes para la alimentación humana como del ganado. Sin embargo, estas especies son sensibles a la sequía y la salinidad. Usando *Medicago truncatula* (la leguminosa modelo), nuestro equipo ha desarrollado métodos de selección *in vitro* para generar genotipos capaces de resistir la salinidad inducida por NaCl así como el estrés osmótico inducido por polietilenglicol (PEG), que hemos extendido a *Pisum sativum* (arveja). En paralelo, estudiamos la transgénesis produciendo material genéticamente modificado (GM). Decidimos generar material GM y no GM dada la heterogeneidad de la legislación internacional para el cultivo no confinado de plantas GM. En ambos casos es crucial comprender el determinismo genético de la adquisición de resistencia, que puede diferir entre estrés salino e hídrico. Análisis transcriptómicos de la expresión de diversos genes, en presencia o ausencia de estrés, mostraron su íntima implicación en el mecanismo de resistencia. El estrés salino aumentó la expresión de genes implicados en el crecimiento (*WEE1*), la embriogénesis (*SERK1*), la tolerancia a la salinidad (*SOS1*), la síntesis de prolina (*P5CS*), y el control del ciclo celular (*CCS52* y *WEE1*), mientras que el estrés hídrico aumentó la expresión de *WEE1* y *CCS52*, pero no modificó la de *SERK1* ni *P5CS*, y disminuyó para *SOS1*. Varios caracteres morfológicos y fisiológicos también fueron analizados. *WEE1* fue omnipresente en los mecanismos de tolerancia y fue estudiado en más detalle. La proteína WEE1 quinasa influye en el desarrollo de las plantas afectando el ciclo celular por fosforilación. Sin embargo, se ha cuestionado la analogía con el control del ciclo celular humano por fosforilación vía la tirosina de las Cyclin-dependent kinases (CDKs), por lo que condujimos un estudio *in silico* sobre la conservación estructural de la proteína WEE1 en el reino vegetal focalizado sobre especies de interés, en particular las leguminosas. La distribución filogenética de las secuencias de aminoácidos según un análisis Bayesiano subrayó la conservación

general de la proteína, y un análisis detallado de la secuencia confirmó el potencial catalítico de las proteínas WEE1 en las plantas. Sin embargo, la sustitución de una arginina y un glutamato a la entrada del saco catalítico, ilustrada por predicciones 3D, cuestionó la especificidad de esta proteína hacia el sustrato y la Tir-fosforilación comparada con la proteína WEE1 humana. Estas diferencias estructurales reafirman la implicación preponderante de la proteína vegetal WEE1 en múltiples procesos de regulación celular y la importancia de *WEE1* como gen candidato para la introducción de resistencia a estreses abióticos por transgénesis.