



Estrés osmótico en *Physcomitrella patens*: un análisis transcriptómico

Zuleika Orbe Sosa¹, Selma Ríos Meléndez¹, Analilia Arroyo Becerra¹, Mario Alberto Martínez Núñez² y Miguel Ángel Villalobos López¹

1 CIBA-IPN Tlaxcala, 2 Unidad Académica de Ciencias y Tecnología de Yucatán, Facultad de Ciencias UNAM.
zulzu_190@hotmail.com

Como organismos sésiles, las plantas están sometidas a diferentes factores de estrés abiótico, siendo la sequía el que más afecta su desarrollo. Las plantas presentan estrategias celulares, fisiológicas y moleculares para defenderse de la falta de agua. Un ejemplo es el aumento de la actividad enzimática y las reacciones de fosforilación¹. El musgo *P. patens* es tolerante a distintos tipos de estrés abiótico. *P. patens* es utilizado como modelo de estudio debido su capacidad de realizar "gene targeting" a tasas similares a las de levadura. En el presente proyecto analizamos transcriptomas de *P. patens* bajo estrés abiótico. En protonemas de *P. patens* de 10 d de edad sometidos a estrés osmótico (3 hrs, sorbitol 300mM), se encontró la expresión diferencial de 11,504 genes, 538 expresados ($\log_2 \geq 2$) y 10967 reprimidos con respecto al control. Identificamos 103 genes que codifican para enzimas, distribuidas en 65 rutas metabólicas. La vía del metabolismo de sacarosa y almidón resulta de especial importancia, pues es fundamental para entender la reconfiguración metabólica. Nuestros resultados resaltan la relevancia de genes involucrados en reacciones enzimáticas de procesos metabólicos importantes, como la enzima 4- α -glucanotransferasa (DPE2), considerada en plantas vasculares como una enzima limitante. Se presenta la utilización del sistema CRISPR/Cas9 para generar líneas mutantes, y corroborar los datos transcriptómicos utilizando RT-PCR.

1. H. Fujii y J. K. Zhu. Osmotic stress signaling via protein kinases. (2012) Cell Mol. Life Sci., Vol. 69:9, pp. 3165-3173.

*Agradecimientos: COFAA, CONACyT, SIP, Instituto Politécnico Nacional.