



Predicciones y caracterización de factores de transcripción BHLH asociados con el desarrollo reproductivo durante la infección de viroides

Katia Aviña Padilla¹, Natalia Kovalskaya² y Rosemarie Hammond²

1 INB Universidad Nacional Autónoma de México, 2 USDA ARS BARC. ib.katia@gmail.com

La transición del crecimiento vegetativo al desarrollo reproductivo en plantas requiere una interacción y coordinación entre varias redes reguladoras de genes y los factores de transcripción actúan como un componente fundamental de la morfogénesis de órganos. Los factores ambientales como el fotoperíodo, la temperatura, las condiciones de los nutrientes y el estrés abiótico o biótico también son cruciales para la transición floral en las angiospermas. Varias especies de viroides, afectan dramáticamente el desarrollo y tamaño de las flores de sus huéspedes, alterando su función normal en los procesos fisiológicos. Numerosos estudios, han demostrado que estos síntomas están relacionados con las hormonas vegetales y afectan los niveles de expresión de sus factores de transcripción asociados. En *Arabidopsis thaliana* el gen [At1g59640] BIGPETAL-1 (morfología del pétalo), pertenece a un subgrupo XII de factores de transcripción (TF) basic-helix-loop-helix (bHLH), este gen está ubicado en el cromosoma 1 y contiene 20 de los 21 nucleótidos de la secuencia correspondiente a una región dentro del dominio de patogenicidad en el genoma del viroide. Usando la herramienta Panther, encontramos cuatro ortólogos de BIGPETAL-1 en el genoma del tomate que comparten motivos y dominios altamente conservados. Solyc01g10590, Solyc03g113560, Solyc04g005130: SIBHLH027, y Solyc05g006650: SIBHLH36. En un estudio previo, se propuso una red de asociaciones de genes entre las vías hormonales para informar un mecanismo hipotético de expresión génica durante la infección por viroides. Usando esa red, seleccionamos dos TF del tipo BHLH más para un análisis bioinformático adicional, Solyc01g102300: SIBHLH06 y Solyc07g043580: SIBHLH052. Entre esos loci, determinamos que SIBHLH36 es el ortólogo correspondiente a BIGPETAL-1 en tomate y está sobre expresado durante la infección con viroides. Usando las predicciones de interacciones con la herramienta STRING encontramos que un factor de auxinas, ARF8 es su posible interactor directo, y las proteínas Della como interactores de SIBHLH06, SIBHLH052. El software PlantTFDB nos permitió determinar un motivo común "CACGTG", así como determinar los blancos de genes correspondientes. SIBHLH36 está relacionado con la morfogénesis de pétalos, la actividad de dimerización de proteínas, y tiene 1088 regulaciones únicas, SIBHLH06 actúa como un regulador positivo del proceso metabólico de antocianinas, un represor de GAI (giberelinas) y tiene 919 genes blancos, y SIBHLH52 está relacionado con la vía de auxinas y tiene 904 posibles interactores de genes en el genoma del tomate. Utilizando los resultados obtenidos de los ensayos de PlantTFDB, se crearon redes de genes blancos de factores de transcripción correspondientes utilizando el software Cytoscape y el enriquecimiento por GO. Ensayos moleculares posteriores, nos permitirán determinar el papel biológico de estos grupos de factores de transcripción BHLH en el desarrollo reproductivo de las plantas de tomate durante la infección con viroides