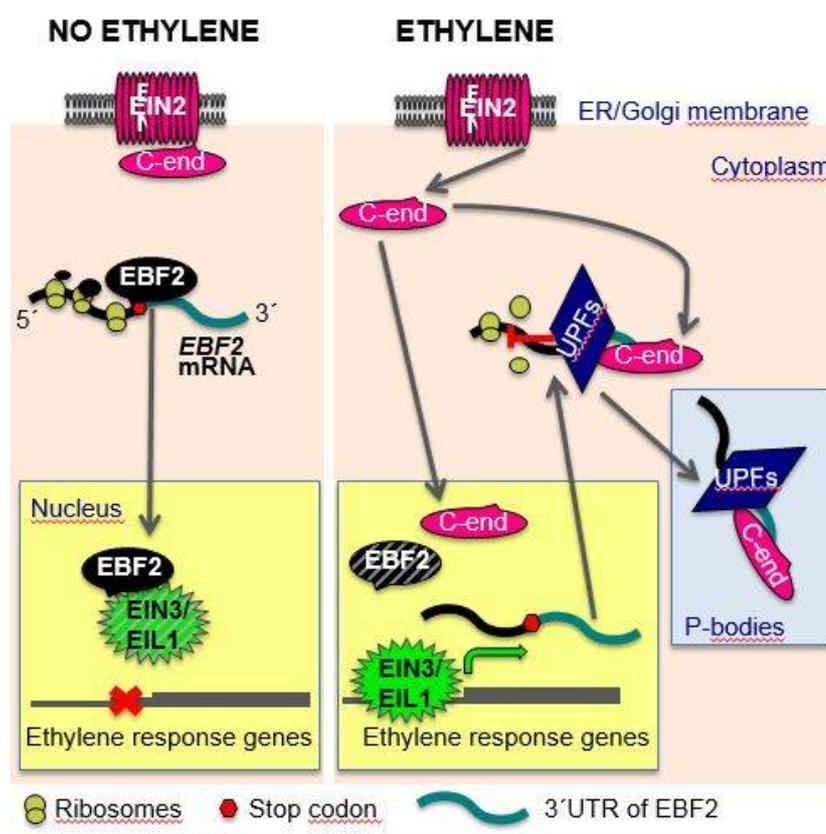


Un mecanismo molecular, clave para regular la traducción de proteínas en plantas

Un equipo internacional de científicos, liderado por la Universidad de Málaga, ha estudiado la regulación a nivel genómico de la traducción de proteínas a plantas, un proceso biológico fundamental hasta ahora solo realizado en levadura y células de cultivo. El estudio, que ha analizado por primera vez los cambios cuantitativos en la traducción de proteínas a gran escala de una planta modelo a tiempo real, ha identificado a EIN2, un componente clave en rutas de señal de plantas.

UMA

13/11/2015 13:05 CEST



EIN2, componente clave en rutas de señal de plantas, es responsable de que la traducción de ciertas proteínas quede alterada en presencia de la hormona etileno. / UMA

La traducción de proteínas es un proceso biológico fundamental, ya que, en última instancia, son estas las que efectúan las diferentes respuestas

fisiológicas en las células de cualquier organismo vivo. Se sabe desde hace tiempo que la traducción es un proceso muy regulado. Sin embargo, estudiar esta regulación a nivel genómico no era técnicamente posible hasta hace muy poco, y únicamente se habían analizado los cambios totales en la cantidad de proteínas comparando dos o más situaciones experimentales.

Ahora, gracias a la implementación del protocolo de *ribosome footprinting*, que aprovecha las técnicas de secuenciación masiva ahora disponibles, los investigadores de la Universidad de Málaga (UMA) y de la North Carolina State University (NCSU) en EE UU han podido analizar los cambios en la traducción de proteínas a tiempo real y a nivel de genoma completo, así como conocer la posición exacta de los ribosomas en el ARN mensajero o los puntos que parecen especialmente importantes a la hora de regular la síntesis proteica.

En definitiva, el protocolo ha hecho posible la exploración sistemática de cambios cuantitativos en la traducción de genes a gran escala de una planta modelo en respuesta a un estímulo específico, por lo que los expertos han observado en un momento determinado del proceso los genes que se estaban traduciendo y expresando con exactitud.

"Aunque el protocolo estaba descrito para levaduras y en células en cultivo, hemos tenido que ponerlo a punto para plantas y ha sido la primera vez que se ha podido aplicar a un organismo complejo", explica Catharina Merchante, investigadora de la UMA del Laboratorio de Bioquímica y Biotecnología Vegetal.

El trabajo, publicado en la revista *Cell*, ha permitido el uso de la ruta de señal de la hormona etileno, una hormona vegetal o fitohormona de mucho interés para la agricultura, ya que afecta a aspectos tales como la germinación de semillas o la maduración de frutos. Esta ruta, desde que la hormona se une a su receptor hasta que se activan los genes de respuesta a etileno en el núcleo, está muy bien caracterizada.

La fitohormona etileno, generada en casos de estrés o patología, tiene un sistema dual de control que afecta de forma notable al

comportamiento de la planta

Los científicos han descubierto que la fitohormona etileno, generada en casos de estrés o patología, tiene un sistema dual de control que afecta de forma notable al comportamiento de la planta en presencia de un estímulo. Por un lado, cumple con su mecanismo hormonal normal: reconoce al receptor y se inicia una cascada de traducción de señal que llega al núcleo, donde se activan los genes que se inducen por etileno. Sin embargo, como indica Merchante, había un elemento no concordante en el proceso que indicaba una anomalía.

Activación de un mecanismo de control

“Mientras que el dogma general en la inmensa mayoría de los genes es que a más cantidad de ARN mayor será la síntesis de la proteína, observamos que en presencia de etileno había un grupo de genes, llamados EBFs, que se inducían en respuesta a la hormona aumentando su cantidad de ARN, mientras que la proteína disminuía. Gracias al protocolo de *ribosome footprinting* vimos que, en respuesta a etileno, de golpe el número de ribosomas que traducían esos ARN era mucho menor o en algunos casos inexistente”, señala la experta. De esta manera, los investigadores observaron que la percepción de esta hormona se correspondía con la activación de un mecanismo de control de la traducción de genes específicos.

La característica común en este grupo de genes era la presencia de una región reguladora al final del ARN mensajero, llamada 3'UTR, mucho más larga de lo normal. En genética se denominan UTR (*untranslated region*, por su nombre en inglés) a las regiones no traducidas de los genes. Estas poseen gran importancia en el proceso de regulación de genes, ya que existe un mecanismo general de la célula que reconoce regiones 3'UTR muy largas y, en ese caso, paralizan la traducción.

“Sin embargo –continúa la investigadora– la anomalía viene de que este proceso, que debería ser general, únicamente se nos presentase en presencia de etileno”. El responsable que provocaba que este mecanismo general se produjese únicamente bajo la condición de la presencia de la

fitohormona es la molécula de señalización EIN2, el gen que da nombre a la investigación y que ordena a las proteínas encargadas de reconocer los 3'UTR largos que impidan que los genes EBFs se traduzcan.

Gracias a este mecanismo, la planta almacena mucha cantidad de ARN que no se traduce esperando a que EIN2 deje de estar activamente silenciando la señal, lo que vuelve a la planta completamente receptiva por si vuelve a haber señal. De esta manera, en cuanto desaparece el estímulo, la planta puede volver a reaccionar.

Este tipo de estudios se había realizado únicamente en levadura y en células de cultivo, por lo que esta investigación es pionera en el análisis de un organismo complejo, y supone un importante punto de partida a partir del cual seguir trabajando en otras especies, o bien con otras hormonas.

La investigación ha conseguido ampliar de forma importante los mecanismos de conocimiento disponibles hasta el momento, ya que se trata de la primera vez en plantas que se descubre que una proteína de este tipo, que regula una cascada de señal, tiene una acción dual sobre inducción y represión al mismo tiempo. Como explica Merchante, el estudio también supone un gran avance en el campo de la biotecnología, puesto que hasta el momento no se había consolidado un mecanismo de regulación de la cantidad de proteínas de una forma tan precisa.

Referencia bibliográfica:

Catharina Merchante et al. "Gene-Specific Translation Regulation Mediated by the Hormone-Signaling Molecule EIN2" *Cell* Volume 163 (3): 684–697, 22 de octubre de 2015

Copyright: **Creative Commons**

TAGS

ETILENO | HORMONA | PROTEINAS | INVESTIGACION | UNIVERSIDAD |
MALAGA |

Creative Commons 4.0

You can copy, distribute and transform the contents of SINC. [Read the conditions of our license](#)