

València, 29 de diciembre de 2023

Describen los mecanismos de las plantas para luchar contra viroides, los agentes infecciosos más pequeños que se conocen

- **El Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (CSIC-UV) obtiene el primer mapa temporal de las alteraciones asociadas a la infección por viroide que sufre una planta a nivel genómico**
- **Los resultados son útiles para encontrar mecanismos de resistencia a la infección que pudieran seleccionarse en variedades de interés agrícola**

Un grupo de investigación del Instituto de Biología Integrativa de Sistemas (i2SysBio), centro mixto del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) y la Universitat de València (UV), ha obtenido el primer mapa temporal de las alteraciones que sufre una planta a raíz de una infección por viroide, los agentes infecciosos más pequeños que se conocen. Estas alteraciones incluyen malformaciones y decoloración de las distintas partes de la planta infectada, que pueden llegar a provocar importantes pérdidas en los cultivos. El estudio, publicado en la revista *Plant, Cell & Environment*, ayudará a determinar las bases de la respuesta molecular de las plantas a la infección por viroide, algo muy útil para seleccionar los mecanismos de resistencia en variedades agrícolas.

En concreto, el trabajo liderado por Gustavo Gómez, científico del CSIC en el i2SysBio, ha estudiado la infección de la planta del pepino (*Cucumis sativus*) por el viroide del enanismo del lúpulo. Este puede infectar a un amplio rango de especies, desde hortícolas a frutales, provocando síntomas como enanismo, manchas e irregularidades en los frutos y surcos en los troncos.

Para caracterizar la respuesta molecular de las plantas de pepino durante la infección, los investigadores emplearon técnicas de secuenciación masiva para determinar qué genes se activan (la expresión génica), además de la acumulación de ARN no codificantes (el material del que están hechos los viroides) y los cambios epigenéticos (modificaciones en el ADN que, aunque no cambian la secuencia de los genes, generan marcas que influyen en su nivel de expresión).

“Este proyecto ha permitido caracterizar de manera integradora la respuesta a la infección por viroide en diferentes etapas de la misma”, explica Gustavo Gómez, investigador del CSIC y coordinador del trabajo. En la etapa temprana de la infección, en la que el viroide llega a un tejido de la planta no inoculado, observaron un incremento

en la expresión de algunos genes, así como cambios en la identidad de los genes transcritos, el proceso de generación de una copia de ARN a partir de una secuencia de ADN de un gen.

Seleccionar mecanismos de resistencia a la infección

“En cambio, en las etapas intermedia y tardía de la infección predominó la represión de la expresión génica”, describe Gómez. Esta represión de la expresión génica se asoció con cambios epigenéticos en el ADN, proceso que modifica su función. Respecto a los ARNs no codificantes pequeños, las alteraciones fueron limitadas y ocurrieron predominantemente al final de la infección. “Este es el primer mapa temporal de las alteraciones asociadas a la infección por viroide considerando cambios epigenéticos y en la expresión de genes codificantes y ARNs no codificantes pequeños”, asegura el investigador del CSIC.

Según Gustavo Gómez, “este trabajo servirá para ayudar a elucidar las bases de la respuesta molecular de las plantas a la infección por viroide. Esto podría ser muy útil para encontrar mecanismos de resistencia a la infección que pudieran ser seleccionados en variedades de interés agrícola”.

Referencia:

Márquez-Molins, J., Villalba-Bermell, P., Corell-Sierra, J., Pallás, V. & Gomez, G. ***Integrative time-scale and multi-omics analysis of host responses to viroid infection.*** *Plant, Cell & Environment*, 46, 2909–2927. <https://doi.org/10.1111/pce.14647>



Comparación entre una planta de pepino sana (izquierda) y una infectada con el virus HSVd (derecha).
Créditos: i2SysBio.