ESTRÉS HÍDRICO

F^co Javier Gallego

Efectos de la sequía

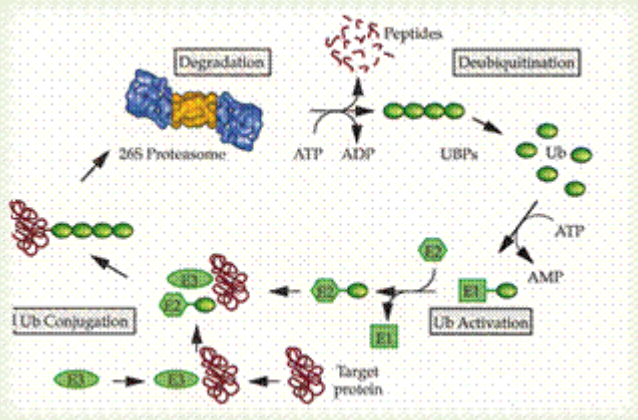
Edificio Anexo Facultad Biología

Laboratorio Genética Vegetal

Trigos tolerantes y sensible a la sequía

Estudio de la degradación de las proteínas que modulan la respuesta a la sequía en plantas

La producción agrícola mundial está sujeta a grandes restricciones debido, en una gran parte, al gran impacto y amplia distribución de los problemas relacionados con la sequía. Los programas tradicionales de mejora han conseguido algunos éxitos para aliviar de este problema, pero han sido parciales por la naturaleza multigénica del carácter de tolerancia a la sequía. En la última década se ha utilizado ampliamente las plantas modelo *Arabidopsis thaliana* y *Oryza sativa* para desenmarañar las bases moleculares de la tolerancia a este estrés. Dada la complejidad de este fenómeno, se hacen precisos trabajos desde todos los enfoques posibles.



Ruta de la ubiquitina

En este contexto, un gran reto actual es por una parte, conocer mejor los mecanismos de señalización de las plantas y, por otro, identificar los mecanismos homólogos que operan en plantas de interés agronómico, con la idea de poderlos utilizar para la mejora vegetal. Hoy se conocen diferentes proteínas reguladoras que participan en las rutas de señalización que controlan la respuesta a la sequía, como puede ser la familia DREB. La disponibilidad de estas proteínas está muy regulada, a nivel de la expresión de los genes que las codifican y a través de modificaciones postraduccionales. Sin embargo, una vez cumplida su función, la actividad de estos reguladores debe ser eliminada. Esto se consigue, generalmente, mediante su degradación específica, un proceso irreversible y energéticamente costoso, pero muy seguro. En este caso, la ruta de la ubiquitina desempeña un papel fundamental. Este hecho hace que sea absolutamente imprescindible conocer más y mejor esas rutas de degradación, así como identificar nuevas proteínas cuya disponibilidad esté sujeta a este tipo de regulación.

En resumen, este estudio pretende determinar los mecanismos que controlan la estabilidad y la disponibilidad de proteínas implicadas en la respuesta a la sequía y validar su papel en plantas de interés agronómico.