



Modelo de la tolerancia al aluminio en palma de aceite (*Elaeis guineensis* Jacq.)

F. Santiago Mejía-Alvarado¹, David Botero-Rozo¹, Leonardo Araque, Cristhian Bayona¹, Mariana Herrera-Corzo¹, Carmenza Montoya¹, Iván Ayala-Díaz¹ y Hernán Romero^{1,2}.

Correo: *hromero@cenipalma.org

¹ Programa Biología y Mejoramiento, Centro de Investigación en Palma de Aceite, (Cenipalma), Colombia.

² Departamento de Biología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. Correo: rruiz@cenipalma.org; hromero@cenipalma.org

Introducción

En Colombia, gran cantidad de cultivos de palma de aceite se encuentran en suelos ácidos, lo que representa un desafío para los productores nacionales. La acidez del suelo (pH < 5,5) permite la solubilización del ion aluminio (Al³⁺). Este Al³⁺ es absorbido por las raíces desencadenando alteraciones morfológicas, fisiológicas y bioquímicas; afectando la asimilación de nutrientes y agua. El objetivo fue identificar los mecanismos moleculares implicados en la respuesta de la palma al estrés por Al³⁺, mediante el análisis transcriptoma (RNA-Seq) y biología de sistemas.

Metodología y resultados

En invernadero del C. E. Palmar de la Vizcaína, cuatro genotipos contrastantes de *E. guineensis* Jacq., IRHO 7001 y CTR 3-0-12 (tolerantes); y CR 10-0-2 y CD 19-12 (susceptibles), fueron sometidos a estrés con 150 µM de AlCl₃ 6H₂O en solución Hoagland (pH 4,2). En la Figura 1, raíces con una mayor intensidad de color representa una mayor acumulación de Al³⁺.



Figura 1. Tinción de raíces primarias con hematoxilina de: (a) IRHO 7001 (comercial), (b) CTR 3-0-12, (c) CR 10-0-2 y (d) CD 19-12. Genotipos b, c y d pertenecen a la colección Camerún.

El RNA-Seq y el algoritmo DESeq2 identificaron 148 genes significativos ($p\text{-value} \leq 0.1$, $L2FC \geq |2|$) implicados en la biosíntesis de metabolitos, fitohormonas y factores de transcripción como respuesta al estrés por Al³⁺ (Figura 2).

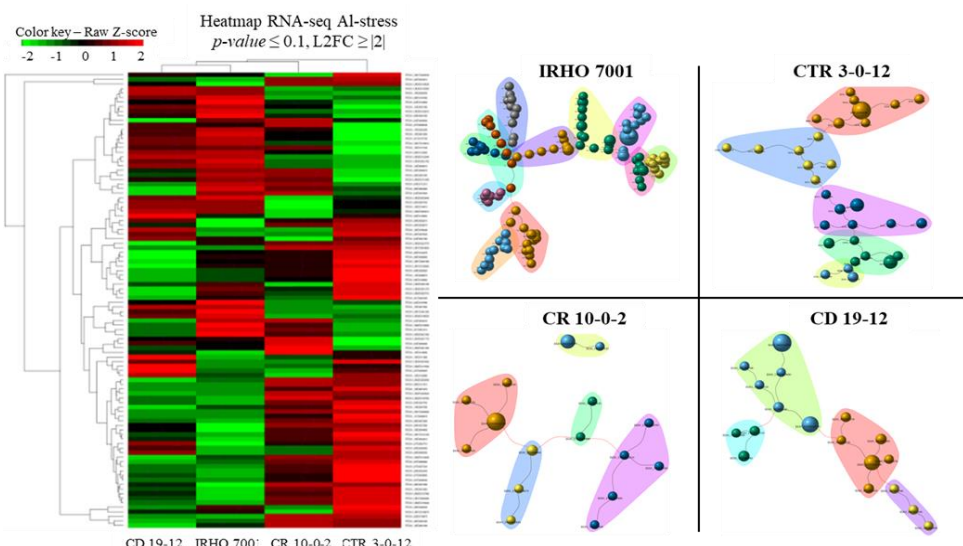


Figura 2. Expresión diferencial de genes (izquierda). Las redes de coexpresión para cada genotipo se construyeron en base a la correlación de todos los pares de genes expresados diferencialmente (derecha).

El transcriptoma fue validado mediante PCR tiempo real (RT-qPCR). La expresión relativa de 12 genes fue calculada mediante el método delta-delta de Ct ($\Delta\Delta Ct$) usando el gen NADH como normalizador. Se encontró una alta asociación entre los resultados de RNA-Seq y RT-qPCR (Figura 3).

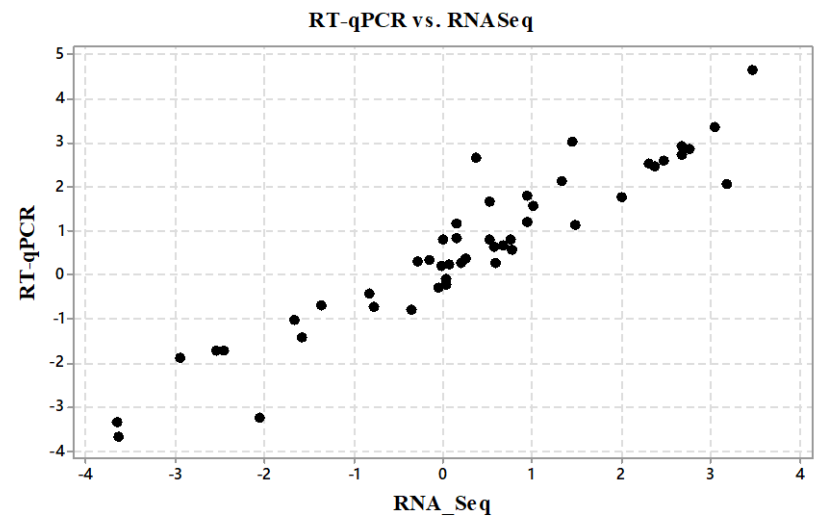


Figura 3. Asociación entre RNA-Seq y RT-qPCR.

Discusión y conclusión

Tomando como referencia los genotipos evaluados, posiblemente para contrarrestar el estrés por Al³⁺, la palma activa mecanismos internos de desintoxicación mediante los factores de transcripción (FT) DREB1 y NAC, y sensores de calcio tipo Calmodulina (CML). A su vez, los FT regulan enzimas de desintoxicación GRXC1, PER15, ROMT, ZSS1, BBI, HS1. La activación de mecanismos externos de desintoxicación pueden estar involucrados con expresión de STOP1 y ABA (Figura 4). Estos resultados establecen una base teórica de la respuesta molecular de la palma al estrés por Al³⁺ para futuras estrategias de mejoramiento genético.

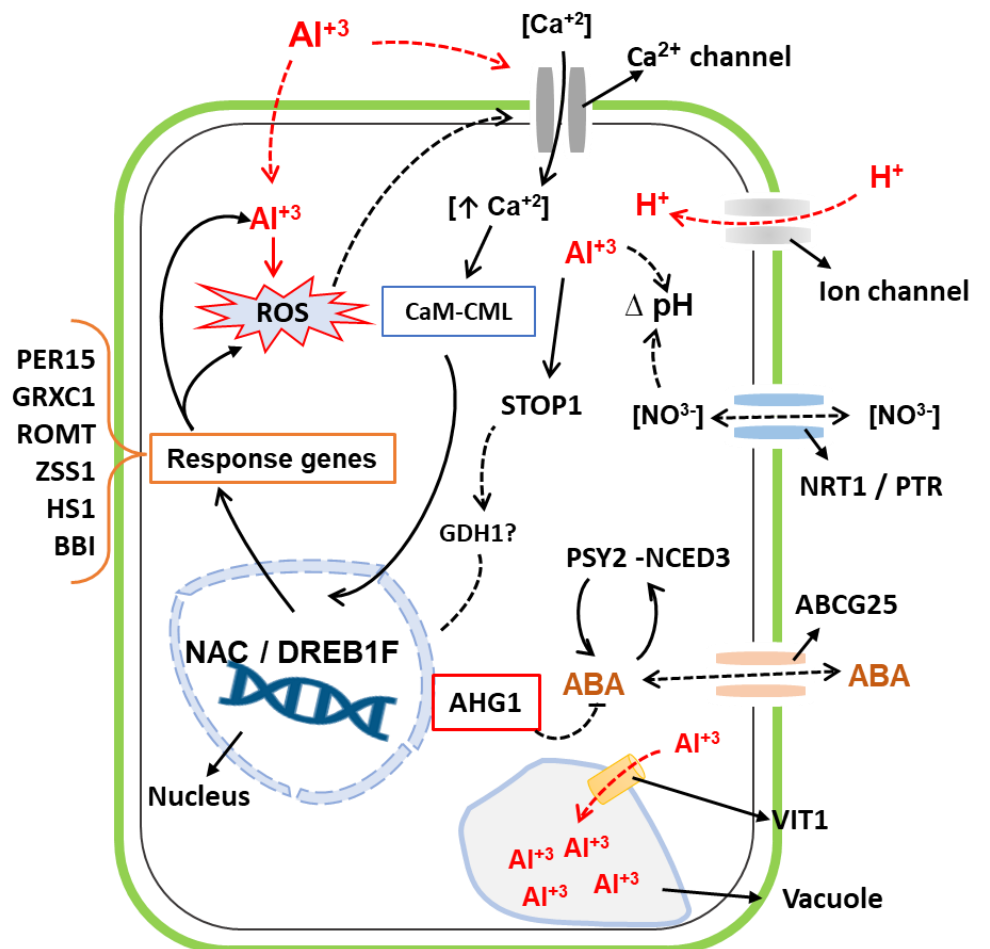


Figura 4. Posible modelo de la respuesta genética al estrés por Al³⁺ en la palma de aceite.

Agradecimientos

Al Fondo de Fomento Palmero, administrado por Fedepalma, por la financiación del proyecto de investigación. A Sandra Vidal, Analista del Laboratorio de Biología Molecular.