

**“REGULACIÓN DEL METABOLISMO DEL FRUTO DE TOMATE
(*Solanum lycopersicum*) POR UN FACTOR DE TRANSCRIPCIÓN bZIP
REGULADO POR ÁCIDO ABSCÍSICO”.**

**ADRIANA DEL CARMEN BASTÍAS BARRIENTOS
DOCTOR EN CIENCIAS MENCIÓN INGENIERÍA GENÉTICA VEGETAL**

RESUMEN

El desarrollo del fruto es un proceso complejo regulados por hormonas vegetales y que involucra varios cambios metabólicos y fisiológicos coordinados. Mientras etileno actúa en etapas tardías de la maduración de frutos climatericos tales como tomate, nuevas evidencias señalan una posible función de la fitohormona ácido abscísico (ABA) en etapas más tempranas de la inducción de la maduración. ABA es conocida por regular el desarrollo y maduración de semillas y estar involucrada en conferir tolerancia a desecación. La regulación genica por ABA involucra factores de transcripción bZIP tipo AREB los cuales son principalmente expresados en semillas y en tejidos vegetativos sometidos a estrés. Sin embargo, estos también se encuentran expresados en algunos frutos tales como tomate. Para entender el papel de la señalización de ABA en el desarrollo del fruto, se estudió la expresión de dos factores de transcripción tipo AREB durante diferentes etapas de desarrollo del fruto de tomate. Además, se generaron líneas transgénicas antisentido y sobre-expresoras de un factor de transcripción tipo AREB, *SIAREB1*. No se encontraron cambios significativos en la tasa de producción de etileno en los frutos de tomate, lo cual concuerda con el fenotipo de maduración normal observado en los frutos transgénicos. Sin embargo, la germinación de las semillas transgénicas fue alterada. El contenido de algunos ácidos orgánicos y azúcares fue analizado mediante electroforesis capilar. Niveles superiores de ácido cítrico, málico, glucosa y fructosa fueron observados en líneas sobre-expresoras de *SIAREB1* comparadas a las líneas antisentido y silvestres en pericarpio de fruto rojo maduro. Frutos de plantas silvestres y transgénicas fueron analizadas para determinar cambios en el contenido de metabolitos primarios mediante cromatografía gaseosa acoplada a espectrometro de masas (GC-MS). Los resultados indicaron que la sobre-expresión de *SIAREB1* causó un incremento en el contenido de aminoácidos y otros compuestos, como ácidos orgánicos y

derivados de azúcares. Esto se correlaciona con un incremento en la expresión de algunos genes que codifican proteínas involucradas en su síntesis. Estos resultados coinciden con la acumulación de metabolitos observada en frutos de plantas bajo condiciones de estrés, lo que sugiere que las líneas sobreexpresoras de *SIAREB1* podrían tener señales de estrés activadas en el fruto. Estos resultados indicarían que ABA afecta el metabolismo de estos compuestos y que *SIAREB1* y otros componentes de la señal de ABA podrían ser relevantes para el metabolismo normal durante la maduración y el programa de desarrollo del fruto.