



Frijol y arroz mejorados por hongos benéficos: descubriendo los genes clave de la simbiosis¹

Manojkumar Arthikala² y Kalpana Nanjareddy²

Resumen. Las plantas pueden formar alianzas benéficas con hongos del suelo que les ayudan a absorber nutrientes, promoviendo una agricultura más sostenible. Nuestro proyecto investigó cómo esta simbiosis ocurre en frijol y arroz, identificando genes clave que regulan la comunicación planta-hongo y el transporte de nutrientes. También desarrollamos nue-

vas técnicas para visualizar la interacción. Estos descubrimientos ofrecen nuevas herramientas para mejorar cultivos con menos fertilizantes, beneficiando al medio ambiente y la producción agrícola. Además, el proyecto contribuyó a la formación de estudiantes y generó publicaciones científicas que fortalecen el conocimiento sobre biotecnología vegetal.

Palabras clave. Simbiosis micorrízica; arroz; frijol; genes reguladores; sostenibilidad agrícola; biotecnología vegetal.

Contenido

El proyecto Programa de Apoyo a Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica (PAPIIT IN213221), financiado de 2021 a 2023, ha contribuido significativamente al conocimiento sobre la simbiosis micorrízica en *Phaseolus vulgaris* (frijol) y *Oryza sativa* (arroz), enfocándose en la transducción de señales tempranas

¹ Proyecto PAPIIT IN213221: "Comprender la transducción de señal temprana y el análisis funcional comparativo de la vía simbiótica micorrízica arbuscular en legumbres y arroz"

² Escuela Nacional de Estudios Superiores Unidad León. manoj@enes.unam.mx y kalpana@enes.unam.mx



nas, el análisis funcional de genes y la regulación génica durante la formación de la simbiosis. Esta asociación benéfica con hongos del suelo permite a las plantas mejorar la absorción de nutrientes como el fósforo y el azufre, y puede representar una alternativa sustentable frente al uso intensivo de fertilizantes químicos en la agricultura.

La simbiosis micorrízica arbuscular (AM) es una de las interacciones más antiguas y fundamentales en la evolución de las plantas terrestres. En esta relación, los hongos penetran las raíces de las plantas formando estructuras conocidas como arbusculos. Dichas estructuras facilitan el intercambio de nutrientes entre ambos organismos: la planta proporciona carbohidratos al hongo y este, a cambio, le suministra minerales esenciales. Esta relación simbiótica mejora la eficiencia del uso de nutrientes, refuerza la tolerancia al estrés ambiental y promueve la salud del suelo.

Nuestro estudio se centró en identificar los genes responsables de activar y mantener esta interacción simbiótica. A través de herramientas como el análisis de expresión génica (*Reverse Transcription [RT]-quantitative Polymerase Chain Reaction [qPCR]*), ensayos de interacción proteína-proteína en levadura (*Yeast Two-Hybrid [Y2H]*), y silenciamiento génico mediante ARN interferente (interferencia de ARN [*RNAi*]), descubrimos reguladores clave que participan en la simbiosis.

Uno de los hallazgos más relevantes fue la identificación de genes transportadores como *SULTR2*, *SULTR3*, *SWEET22* y *SWEET23*; que participan en el transporte de azufre y azúcares durante la simbiosis. Estos genes mostraron una mayor expresión a las 24 horas de la inoculación con micorrizas, lo que indica una etapa crítica en el establecimiento de la interacción simbiótica. A su vez, genes como *MICK-MAD41* y *CRK12* fueron esenciales para la formación de arbusculos. La funcionalidad de estos genes se validó mediante la generación de raíces transgénicas en frijol que expresaban construcciones de *rna* dirigidas a su silenciamiento.

Las raíces modificadas mostraron una reducción significativa en la expresión de los genes objetivo, lo que se correlacionó con una disminución en la colonización micorrízica y el desarrollo de estructuras simbióticas.

Durante el proyecto, también se desarrollaron herramientas metodológicas como un protocolo de tinción rápida para visualizar la colonización micorrízica en raíces de leguminosas. Técnica que permite observar directamente las estructuras fúngicas, facilitando el estudio de la simbiosis en condiciones experimentales. Adicionalmente, se estableció un protocolo para generar plantas compues-

tas de *Arachis hypogaea*, lo cual amplía las herramientas disponibles para estudiar la simbiosis en otras leguminosas.

Se clonaron y caracterizaron los promotores de los genes candidatos en vectores de expresión que permitieron estudiar su actividad en diferentes momentos de la simbiosis. Al usar plantas transgénicas observamos patrones de expresión específicos en tejidos colonizados, lo que confirmó la participación directa de estos genes en la simbiosis. También se realizaron análisis de localización subcelular mediante fusión a proteínas fluorescentes y ensayos de interacción proteína-proteína mediante complementación de fluorescencia bimolecular (BiFC) que aportaron evidencia adicional sobre las redes de señalización involucradas.

Estos hallazgos tienen implicaciones significativas para la agricultura. El uso de hongos micorrízicos como biofertilizantes puede reducir la necesidad de fertilizantes sintéticos, disminuir la huella ambiental y aumentar la eficiencia del uso de recursos. La identificación de genes clave permite desarrollar cultivos mejorados que aprovechen de manera más eficiente estas asociaciones simbióticas, especialmente en condiciones de estrés como la sequía o la baja fertilidad del suelo.

El proyecto tuvo un fuerte componente formativo; ocho estudiantes de licenciatura y un estudiante de posgrado participaron activamente en las distintas etapas del estudio, obteniendo experiencia en biotecnología vegetal, microbiología agrícola y técnicas moleculares avanzadas. Los resultados fueron presentados en 18 congresos nacionales e internacionales, incluyendo entre ellos Turquía e India, y publicados en revistas como *Scientific Reports*; *Genes*; *Functional & Integrative Genomics*, entre otras.

Referencias

- Cervera-Torres, Carolina, Manoj-Kumar Arthikala, Miguel Lara, Lourdes Blanco, y Kalpana Nanjareddy, “Comprehensive analysis of *Phaseolus vulgaris* SnRK gene family and their expression during rhizobial and mycorrhizal symbiosis,” *Genes* 2022 13, núm. 11 (2017), <https://doi.org/10.3390/genes13112107>
- Lecona, Antonino M., Kalpana Nanjareddy, Lourdes Blanco, Valeria Piazza, José Antonio Vera-Núñez, Miguel Lara, y Manoj-Kumar Arthikala, “Over-expression of cysteine-rich receptor-like kinase 12 increases nodule numbers

- in *Phaseolus vulgaris*,” *International Journal of Molecular Sciences* 24, núm. 14, (2023): 11720, <https://doi.org/10.3390/ijms241411720>
- Manoj-Kumar Arthikala, Lourdes Blanco, Xóchitl Alvarado-Affantranger, Judith Márquez-Guzmán, Miguel Lara, y Kalpana Nanjareddy, “Identification of CBL and CIPK gene families and functional characterization of PVCIPK7 as an essential regulator of root nodule development and nitrogen fixation in *Phaseolus vulgaris*,” *Journal of Plant Biology* 66 (2023): 535-549.
- Nanjareddy, Kalpana, Isaac Zepeda-Jazo, y Manoj-Kumar Arthikala, “A protocol for the generation of *Arachis hypogaea* composite plants: A valuable tool for the functional study of mycorrhizal symbiosis,” *Applications in Plant Sciences* 10, núm. 1 (2022): e11454, <https://doi.org/10.1002/aps3.11454>
- Nanjareddy, Kalpana, María Fernanda Guerrero-Carrillo, Miguel Lara, y Manoj-Kumar Arthikala, “Genome-wide identification and comparative analysis of the Amino Acid Transporter (AAT) gene family and their roles during *Phaseolus vulgaris* symbioses,” *Functional & Integrative Genomics* 24, núm. 2 (2024).