

ANÁLISIS PROTEÓMICO DE RAÍCES TRANSFORMADAS DE *C. ROSEUS* (L.) G. DON TRATADAS CON JASMONATO DE METILO

Ruiz-May, E.⁽¹⁾, Lei, Z.⁽²⁾, Watson, B.S.⁽²⁾, Sumner, L.W.⁽²⁾, Galaz-Ávalos, R. M.⁽¹⁾, De la Peña, C.⁽³⁾ Loyola-Vargas, V.M.⁽¹⁾

⁽¹⁾Centro de Investigación Científica de Yucatán, Calle 43 No. 130, Col. Chuburná de Hidalgo, Mérida, Yucatán, México, CP 97200, Tel: 999-9428330, Fax: 999-9813900, eliel@cicy.mx. ⁽²⁾The Samuel Roberts Noble Foundation, Plant Biology, 2510 Sam Noble Parkway, Ardmore, OK 73401, USA. ⁽³⁾Colorado State University, Fort Collins, Colorado, USA.

El ácido jasmónico y sus moléculas relacionadas comúnmente llamados jasmonatos (JAS), están ampliamente distribuidas en el reino vegetal. Los JAs son reconocidos en la actualidad como moléculas señal, de central importancia en diversos procesos vegetales tales como el desarrollo vegetal y extremos ambientales. Entre estas moléculas, el jasmonato de metilo (MeJA) es utilizado como un potente inductor del metabolismo secundario en diversos modelos vegetales. La participación de los JAs en estos procesos vegetales son bien conocidas en las partes aéreas de la plantas. Sin embargo, nuestro conocimiento acerca de estas respuestas que se llevan a cabo en las raíces es muy limitado. Debido a la estabilidad metabólica y rápido crecimiento, las raíces transformadas con *A. rhizogenes* son una alternativa viable para el estudio de este regulador del crecimiento. La acumulación de alcaloides en las raíces transformadas de *C. roseus* al ser tratadas con MeJA sugiere un cambio en la expresión proteica de dicho órgano. En este trabajo se llevó a cabo el análisis proteómico de cultivos de raíces transformadas de *C. roseus* tratadas con MeJA. Se identificaron 58 proteínas, pertenecientes a 11 categorías funcionales. La sobre acumulación de alcaloides fue acompañada por la represión de proteínas pertenecientes al metabolismo de carbohidratos (21%), crecimiento y organización celular (10%), energía (7%) y ciclo celular (3%), mientras que la proteínas sobre expresadas pertenecen al metabolismo de los aminoácidos (12%), modificación proteica y chaperones (12%) y metabolismo secundario (7%). En este trabajo se hace una propuesta de un modelo que explica dicho comportamiento.