



UNIVERSIDAD NACIONAL
TORIBIO RODRÍGUEZ DE
MENDOZA DE AMAZONAS



FACULTAD DE INGENIERÍA Y CIENCIAS AGRARIAS ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA AGRÓNOMA

TESIS-1

“Caracterización de la pérdida de función de los genes que codifican enzimas de la vía de isoprenoides de mevalonato (MVA) en *Arabidopsis thaliana*”

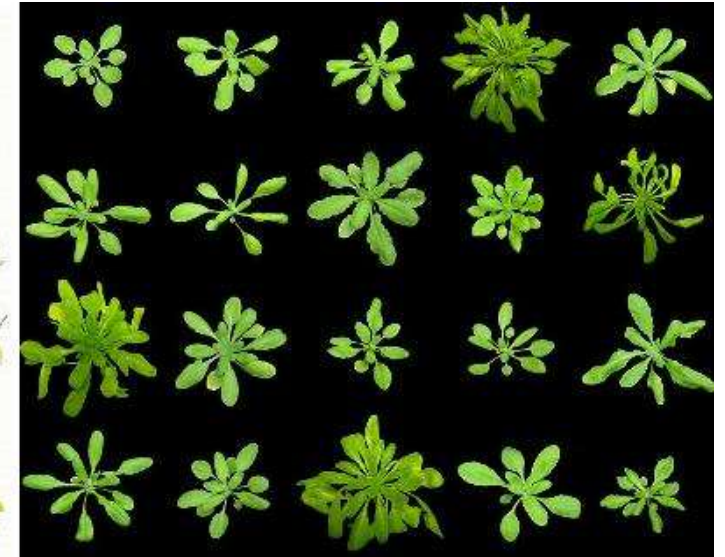
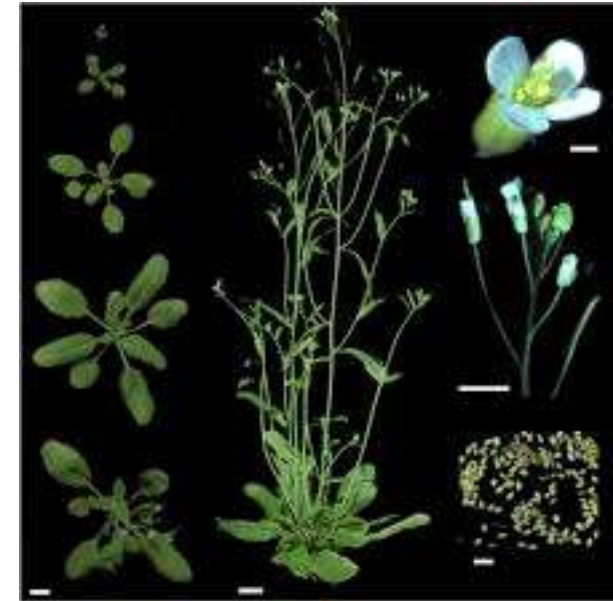
ESTUDIANTE:
Vega Chavez Gimena

DOCENTE: Lozano Isla,
Flavio

2025

2. Problema de la investigación

La vía de mevalonato (MVA) es fundamental para la biosíntesis de isoprenoides, compuestos esenciales para el crecimiento, desarrollo y adaptación de plantas (Vranová et al., 2013). En *Arabidopsis thaliana*, se desconoce en grandes detalles el impacto que tiene la pérdida de función de los genes que codifican las enzimas de esta vía molecular, fisiológicos y fenotípicos de las plantas (Rodríguez-Concepción et al., 2004). Con ello nos podemos preguntar ¿Cómo afecta la pérdida de función de estos genes la expresión genética asociada a la vía de mevalonato (MVA)? ¿Qué cambios fenotípicos se manifiestan en líneas mutantes homocigotas? ¿Cuáles son las características genotípicas de estos mutantes?



3. Objetivos

3.1. Objetivo general

- Caracterizar la pérdida de función de los genes que codifican enzimas de la vía de isoprenoides de mevalonato (MVA) en *Arabidopsis thaliana*.

3.2. Objetivos específicos

- Genotipar mutantes de los de genes que codifican enzimas de la vía de isoprenoides de mevalonato (MVA) en *Arabidopsis thaliana*.
- Evaluar el perfil de expresión génica de mutantes que codifican enzimas de la vía de isoprenoides de mevalonato (MVA) en *Arabidopsis thaliana*.
- Fenotipar líneas mutantes homocigotas de los de genes que codifican enzimas de la vía de isoprenoides de mevalonato (MVA) en *Arabidopsis thaliana*.

4. Antecedentes de la investigación

El trabajo de Vranová, Coman y Gruissem (2013), realiza un enfoque en dos principales vías de biosíntesis de isoprenoides en las plantas; la vía de mevalonato (MVA) y la vía de metileritritol fosfato (MEP). El estudio que tiene el enfoque en estas dos rutas se ve que son responsables de la producción de compuestos cruciales como los terpenos, los carotenoides y las hormonas vegetales. Se muestra como estas rutas metabólicas no solo producen compuestos esenciales para la planta, sino también que hay una interacción entre sí, con ello afectando su eficiencia y la regulación de los metabolitos secundarios. Se puede ver como esta interconexión de las vías puede influir en cuanto al rendimiento de las plantas y a al rendimiento de las plantas.



Un sitio web oficial del gobierno de los Estados Unidos. [Así es como lo sabes](#)

NIH National Library of Medicine
National Center for Biotechnology Information

PublMed®

Avanzado

Buscar

Guía del usuario

Ahorrar Correo electrónico Enviar a Opciones de visualización

Revisar > Revista anual de biología vegetal.2013;64:665-700.
doi: 10.1146/annurev-arplant-050312-120116. 1 de marzo de 2013.

Análisis de red de las vías MVA y MEP para la síntesis de isoprenoides

Eva Vranová¹, Diana Coman, Guillermo Gruissem

Afiliaciones + expandir

PMID: 23451776 DOI: 10.1146/annurev-arplant-050312-120116

ENLACES DE TEXTO COMPLETO

ANNUAL REVIEWS
FULL-TEXT ARTICLE

COMPORTAMIENTO

“ Citar

Colecciones

4. Antecedentes de la investigación

Tholl y Lee (2011) tienen un punto de vista acerca del metabolismo especializado en los terpenos en *Arabidopsis thaliana*, está siendo una de las plantas modelos más estudiadas a nivel de la biología vegetal, cuyo representa un papel fundamental para la producción de diversos metabolitos secundario, incluyendo los terpenos, los cuales son esenciales para brindar defensa a la planta y también con su interacción con el medio ambiente. Estos que incluyen compuestos como los monoterpenos, sesquiterpenos y diterpenos, los cuales cumplen con roles en la señalización celular, la protección contra estrés oxidativo y la comunicación entre plantas.

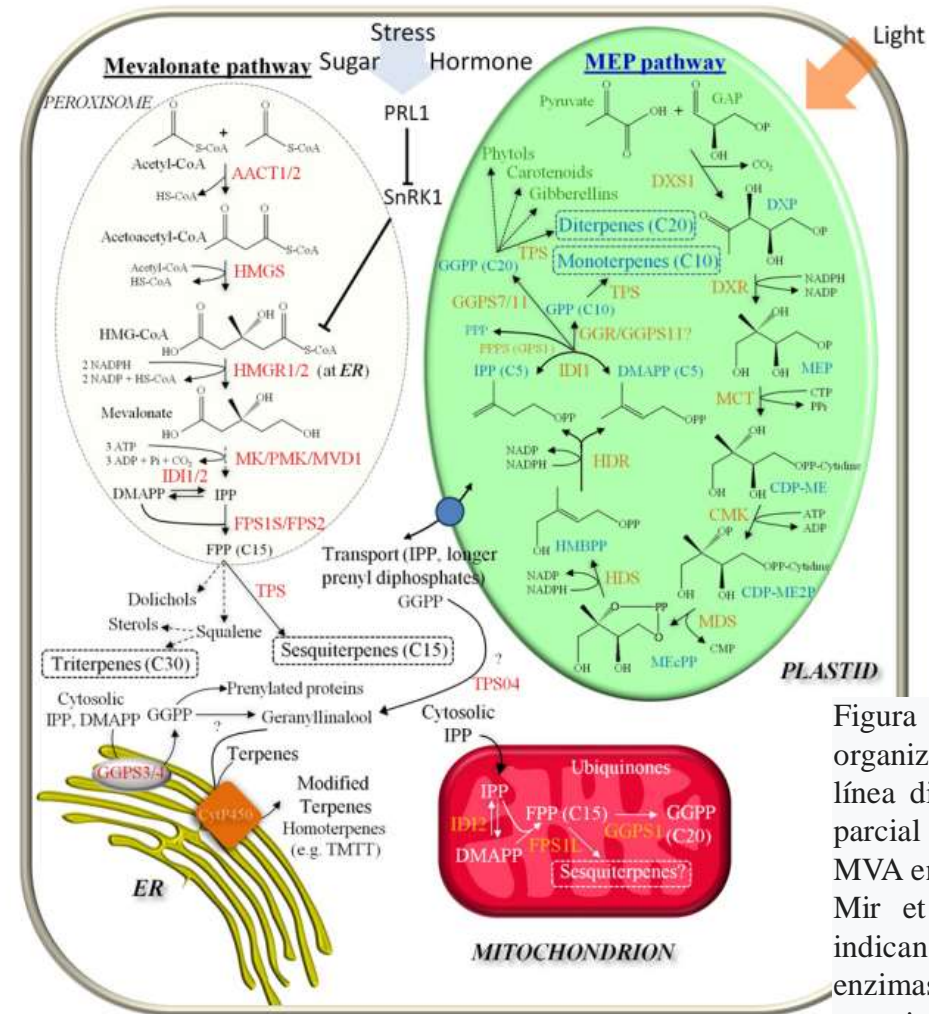


Figura 1. Vías de biosíntesis de terpenos y su organización subcelular en *Arabidopsis*. La línea discontinua indica una posible ubicación parcial o completa de las enzimas de la vía MVA en peroxisomas como lo predijeron Sapir-Mir et al. (2008). Las flechas discontinuas indican más de un paso enzimático. Las enzimas están en rojo (citosol/peroxisoma), naranja (plastidio) o amarillo (mitocondria). Las abreviaturas de enzimas y metabolitos se describen en el texto.

4. Antecedentes de la investigación

Miziorko (2011) proporciona una revisión detallada de las enzimas que intervienen en la vía del mevalonato (MVA), una ruta biosintética clave para la formación de isoprenoides en organismos eucariotas y algunas eubacterias. Los aspectos funcionales y estructurales de las enzimas principales de esta vía, incluyendo HMG-CoA reductasa, que es un objetivo terapéutico importante para la regulación del colesterol en humanos, y la mevalonato quinasa. Miziorko también analiza las diferencias entre las enzimas de la vía MVA en bacterias, plantas y animales, proporcionando información sobre cómo las mutaciones en estas enzimas pueden alterar la producción de isoprenoides. Además, discute el impacto de las enzimas de la vía MVA en la formación de compuestos bioactivos esenciales como los esteroides y los terpenos, que son cruciales para la defensa de las plantas y su adaptación a factores ambientales.

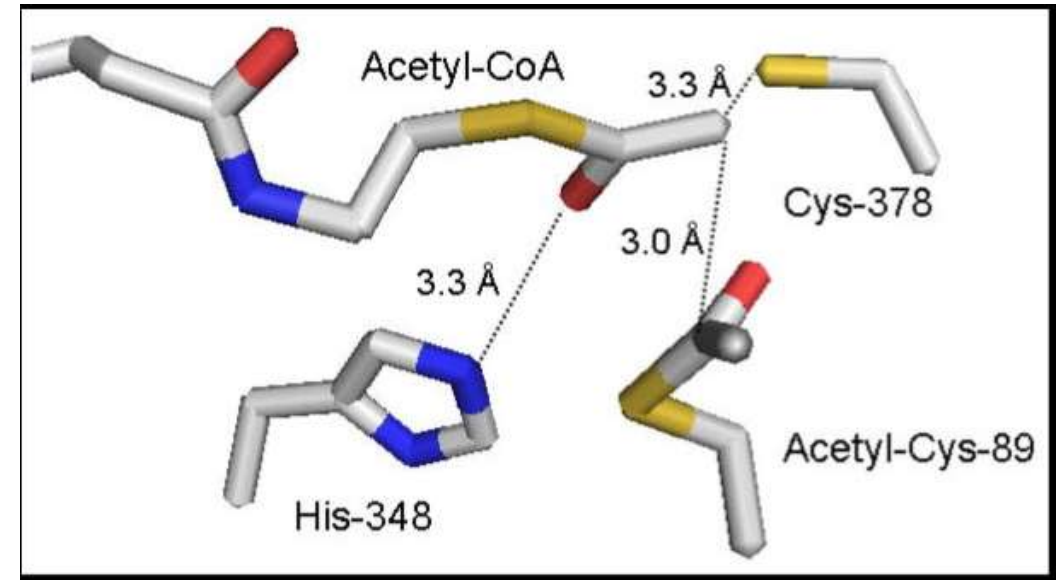
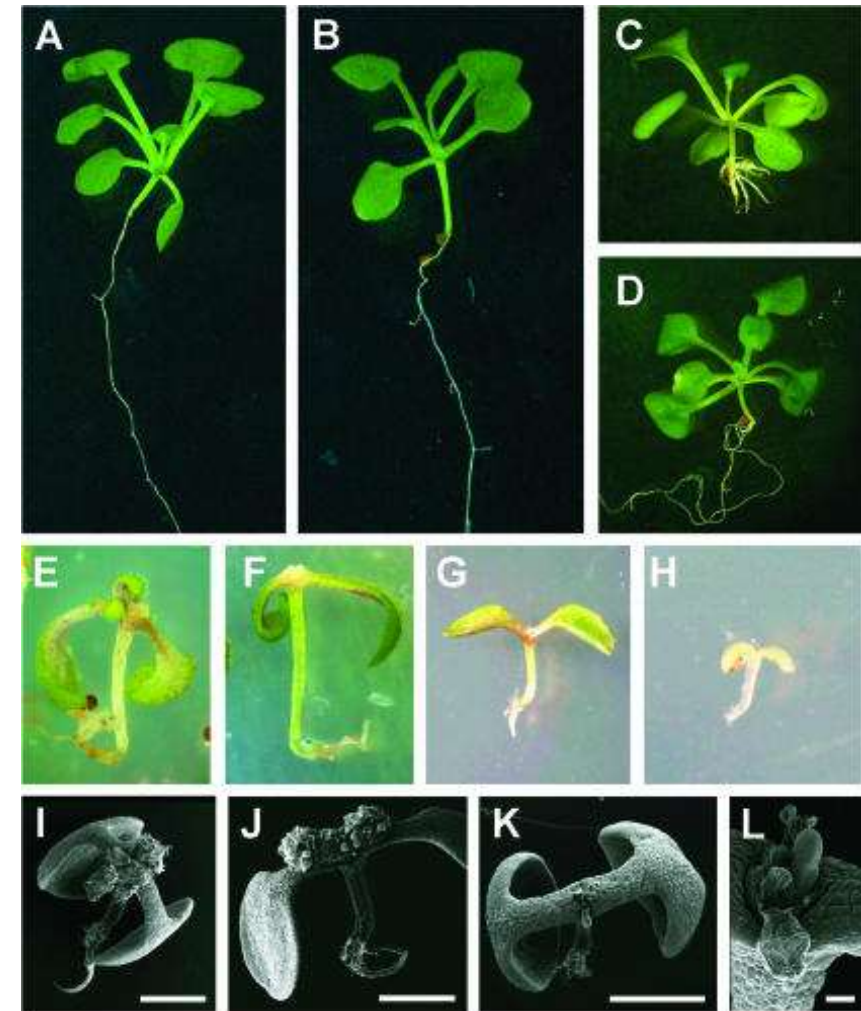


Figura 2. Tríada de residuos del sitio activo en acetoacetyl-CoA tiolasa de *Z. ramigera*, basada en las coordenadas estructurales 1DM3. La estructura [14] indica el intermedio acetil-enzima formado en Cys-89, así como el acetyl-CoA que se condensa con el intermedio de reacción.

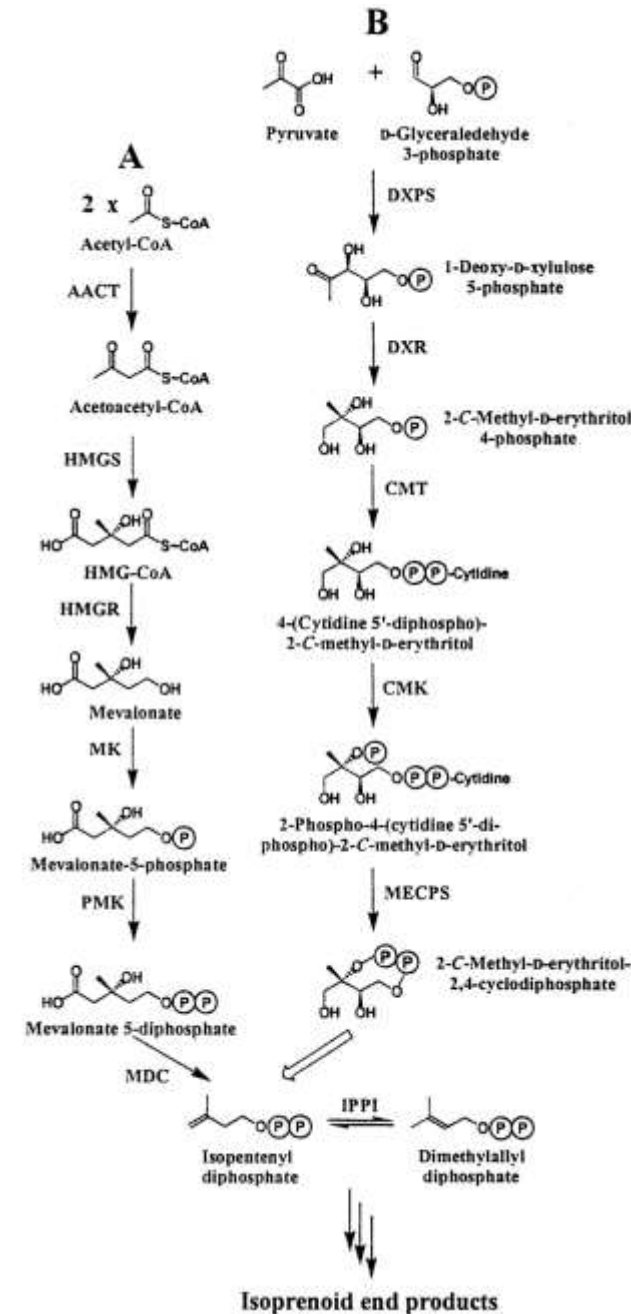
4. Antecedentes de la investigación

En su estudio, Rodríguez-Concepción et al. (2004) investigan cómo las vías mediadas por la luz regulan la biosíntesis e intercambio de precursores de isoprenoides durante el desarrollo de *Arabidopsis thaliana* en la fase de plántula. Los investigadores identifican que la luz no solo influye en la fotosíntesis, sino que también regula la producción de compuestos esenciales para la planta, como los carotenoides y los terpenos, que juegan roles cruciales en la defensa frente a patógenos y en la respuesta a estrés ambiental. Los autores discuten cómo la luz activa distintas rutas metabólicas que, a su vez, modulan la expresión génica de las enzimas que participan en la biosíntesis de estos compuestos. Este artículo resalta la complejidad de la regulación metabólica en las plantas, mostrando cómo las señales ambientales como la luz pueden integrar las respuestas metabólicas que afectan el crecimiento y la adaptación de las plantas.



4. Antecedentes de la investigación

La vía mevalónica (MVA) y la vía de deoxi-xilulosa-5-fosfato (DXP), presentan una comparación entre las dos rutas, recalcando sus orígenes evolutivos en diferentes dominios de la vida. La vía del mevalonato se encuentra en arqueobacterias y algunos eucariotas, mientras que la vía de DXP está presente en la mayoría de las eubacterias y en plastidios de eucariotas fotosintéticos. Estas vías no solo son cruciales para la producción de compuestos esenciales como esteroides, terpenos y carotenoides, sino que también revelan un interesante caso de transferencia horizontal de genes entre eubacterias y eucariotas. Se proponen que las diferencias entre estas rutas reflejan los procesos evolutivos de la vida celular temprana y cómo las plantas adquirieron las capacidades para producir estos compuestos esenciales a lo largo de su evolución (Lange et al., 2000).



5. Hipótesis

La pérdida de función de los genes que codifican las enzimas de la vía de mevalonato (MVA) en *Arabidopsis thaliana* provoca un cambio significativo en el perfil de expresión génica, alterando la regulación de genes relacionados con el metabolismo de isoprenoides y otros metabolitos secundarios.

Racionalidad de la hipótesis

La investigación busca entender cómo la pérdida de función de los genes en la vía de mevalonato afecta el metabolismo de isoprenoides, compuestos cruciales para el crecimiento y adaptación de las plantas. Esto contribuirá a mejorar la comprensión de la regulación genética en plantas y su potencial aplicación en la mejora de cultivos.

6. Metodología

6.1. Área de estudio

El estudio se llevará a cabo en la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza-Chachapoyas, en el Laboratorio de Biología Molecular de Plantas (LBMP), que forma parte del Instituto de Investigación, Innovación y Desarrollo para el Sector Agrario y Agroindustrial (IIDA). Este laboratorio está especializado en la investigación genética y molecular de plantas, lo que permite realizar experimentos controlados y análisis precisos sobre la genética



6.2. Población, muestra y muestreo

Población



- La población del estudio está compuesta por plantas de *Arabidopsis thaliana* en diferentes etapas de crecimiento (plántulas, roseta, y plantas adultas) que presentan mutaciones en los genes de la vía de mevalonato (MVA). Estas líneas mutantes están disponibles en la base de datos de mutantes de *Arabidopsis* o serán generadas mediante técnicas de edición genética.

Muestra



- La muestra estará compuesta por líneas mutantes homocigotas de *Arabidopsis thaliana*, así como de plantas silvestres o de tipo salvaje (control). Se seleccionarán mutantes en los genes clave de la vía de mevalonato, como HMG-CoA reductasa, mevalonato quinasa, y mevalonato diphosphate decarboxylase.

Muestreo



El muestreo será aleatorio dentro de las líneas mutantes y las plantas control, seleccionando plántulas homogéneas para asegurar representatividad. Se tomarán al menos 25 plantas de cada grupo para cada fase experimental, garantizando que la muestra sea lo suficientemente grande para la evaluación de las características fenotípicas y genéticas.

6.3. Variable del estudio

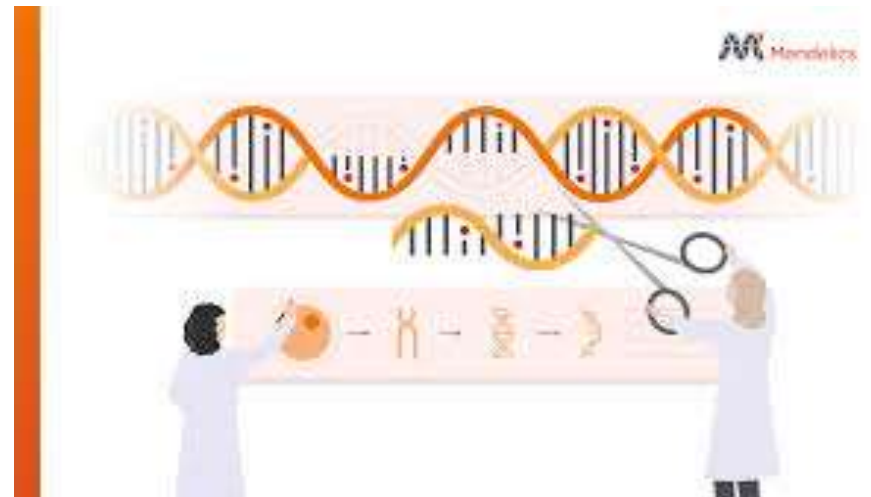
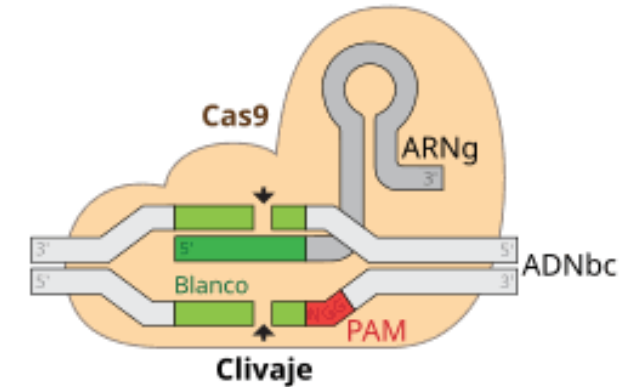
6.3.1. Variable independiente

Mutación en los genes que codifican las enzimas de la vía de mevalonato (MVA): Esto incluye las mutaciones inducidas por CRISPR/Cas9 o por mutantes disponibles en la base de datos.

6.3.2. Variable dependiente

Expresión génica de las enzimas de la vía MVA: La cantidad de ARN y proteínas de los genes de la vía de mevalonato se analizarán en función de la presencia o ausencia de las mutaciones.

Fenotipos morfológicos y fisiológicos: Incluye medidas de crecimiento (altura de planta, número de hojas, longitud y número de raíces, diámetro del tallo), tolerancia a estrés (estrés hídrico o salino), y producción de metabolitos secundarios (isoprenoides).



6.4. Métodos

6.4.1. Tipo y nivel de investigación

La investigación será de tipo experimental, ya que se buscará manipular las condiciones genéticas de las plantas mediante la inducción de mutaciones específicas en los genes de la vía MVA y evaluar los resultados.

El nivel de la investigación será descriptivo y experimental. Se describirán los cambios fenotípicos y transcriptómicos inducidos por las mutaciones y se realizará un análisis causal mediante el diseño experimental.

6.4.2. Diseño de la investigación

El diseño experimental será de Bloques completos aleatorios (BCA), ya que permite realizar comparaciones entre plantas mutantes y de control bajo las mismas condiciones experimentales. Este diseño será ideal para minimizar las variables externas y asegurar que los resultados sean atribuibles a la mutación en los genes de la vía de mevalonato.

Grupo experimental: Plantas de *Arabidopsis thaliana* con mutaciones en los genes clave de la vía MVA (mutantes homocigotos).

Grupo control: Plantas silvestres de tipo salvaje, que servirán como comparación para observar los efectos de la mutación.



6.4.3. Técnicas e instrumentos para la recopilación de datos

a) Genotipado

- PCR para la amplificación de los genes de interés.
- Secuenciación de ADN para identificar mutaciones en los genes seleccionados.
- Electroforesis en gel de agarosa para visualizar productos amplificados y determinar la presencia de mutaciones.

b) Expresión génica

- Extracción de ARN total mediante kits comerciales (por ejemplo, RNeasy Plant Kit de Qiagen).
- Síntesis de cDNA utilizando Reversa Transcriptasa.
- qPCR (PCR en tiempo real) con sondas específicas para los genes de la vía MVA y genes de referencia.
- Análisis de expresión utilizando software como Excel para la normalización de los resultados de expresión relativa.



6.4.3. Técnicas e instrumentos para la recopilación de datos

c) Fenotipado

- Mediciones morfológicas: Se utilizarán reglas y calibres para medir la altura de las plantas, el número de hojas, el diámetro del tallo y la longitud de las raíces.
- Evaluación de tolerancia al estrés: Para someter las plantas a condiciones de estrés hídrico o salino, y observar la aparición de síntomas como el amarillamiento de las hojas, el marchitamiento y la caída de hojas.

d) Recopilación de datos de metabolitos secundarios

- Cromatografía líquida de alta resolución (HPLC) para la cuantificación de isoprenoides y otros metabolitos secundarios en hojas y raíces.
- Espectrometría de masas (MS) para identificar y cuantificar metabolitos secundarios.

6.5. Análisis de datos

Análisis de varianza (ANOVA) para comparar las medias entre las diferentes variables fenotípicas (altura de planta, número de hojas, etc.) y verificar la significancia estadística de las diferencias observadas entre los grupos de mutantes y controles.

Para los análisis de expresión génica se utilizará Excel.

Para los análisis estadísticos se empleará R.

Interpretación de datos: Se interpretarán las diferencias fenotípicas y transcriptómicas observadas entre los mutantes y los controles en función de las mutaciones en los genes de la vía MVA.

Se correlacionarán los resultados de expresión génica con los cambios fenotípicos para determinar el impacto funcional de las mutaciones en el desarrollo de *Arabidopsis thaliana*.



7. Referencias bibliográficas

Kasahara, H., Hanada, A., Kuzuyama, T., Takagi, M., Kamiya, Y., & Yamaguchi, S. (2002). Contribution of the Mevalonate and Methylerythritol Phosphate Pathways to the Biosynthesis of Gibberellins in *Arabidopsis*. *Journal of Biological Chemistry*, 277, 45188–45194. <https://doi.org/10.1074/jbc.M208659200>

Lange, B.M., Rujan, T., Martin, W., & Croteau, R. (2000). Isoprenoid Biosynthesis: The Evolution of Two Ancient and Distinct Pathways across Genomes. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 97, 13172–13177. <https://doi.org/10.1073/pnas.240454797>

Meinke, D.W., Cherry, J.M., Dean, C., Rounsley, S.D., & Koornneef, M. (1998). *Arabidopsis Thaliana*: A Model Plant for Genome Analysis. *Science*, 282, 662–682. <https://doi.org/10.1126/science.282.5389.662>

17

Miziorko, H.M. (2011). Enzymes of the Mevalonate Pathway of Isoprenoid Biosynthesis. *Archives of Biochemistry and Biophysics*, 505, 131–143. <https://doi.org/10.1016/j.abb.2010.09.028>

7. Referencias bibliográficas

Nagata, N., Suzuki, M., Yoshida, S., & Muranaka, T. (2002). Mevalonic Acid Partially Restores Chloroplast and Etioplast Development in *Arabidopsis* Lacking the Non-Mevalonate Pathway. *Planta*, 216, 345–350. <https://doi.org/10.1007/s00425-002-0871-9>

Pruitt, R.E., & Meyerowitz, E.M. (1986). Characterization of the Genome of *Arabidopsis Thaliana*. *Journal of Molecular Biology*, 187, 169–183. [https://doi.org/10.1016/0022-2836\(86\)90226-3](https://doi.org/10.1016/0022-2836(86)90226-3)

Rodríguez-Concepción, M., Forés, O., Martínez-García, J. F., González, V., Phillips, M. A., Ferrer, A., & Boronat, A. (2004). Distinct Light-Mediated Pathways Regulate the Biosynthesis and Exchange of Isoprenoid Precursors during *Arabidopsis* Seedling Development. *The Plant Cell*, 16(1), 144-156. <https://doi.org/10.1105/tpc.016204>

18

Tholl, D., & Lee, S. (2011). Terpene Specialized Metabolism in *Arabidopsis Thaliana*. *The Arabidopsis Book*, 9, e0143. <https://doi.org/10.1199/tab.0143>

Vranová, E., Coman, D., & Gruissem, W. (2013). Network Analysis of the MVA and MEP Pathways for Isoprenoid Synthesis. *Annual Review of Plant Biology*, 64, 665–700. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120116>