

Efecto del ácido salicílico y del etileno en la expresión de genes dehidrina y gioxalasas en *Mammillaria bombycina*

Effect of salicylic acid and ethylene on the expression of dehydrin and glyoxalase genes in *Mammillaria bombycina*

Liliana Mercado-Díaz de León*, Abraham Loera-Muro**, Eugenio Pérez-Molphe Balch*, José Francisco Morales-Domínguez*✉

Mercado-Díaz de León, L., Loera-Muro, A., Pérez-Molphe Balch, E., & Morales-Domínguez, J. F. (2024). Efecto del ácido salicílico y del etileno en la expresión de genes dehidrina y gioxalasas en *Mammillaria bombycina*. *Investigación y Ciencia de la Universidad Autónoma de Aguascalientes*, 32(93), e4935, <https://doi.org/10.33064/iycuad2024934935>

RESUMEN

Las plantas al estar bajo estrés desarrollan sistemas de defensa, como la activación de rutas de señalización inducidas por ácido salicílico (AS) o etileno (ET). *Mammillaria bombycina* ha sido utilizada como planta modelo para estudios moleculares sobre diferentes tipos de estrés. Algunos genes expresados bajo estrés son las gioxalasas y las dehidrinas. En este trabajo se analizó la expresión del gen tipo dehidrina *MabDHN* y los genes gioxalasas *MbGlyI-I*, *MbGlyII-I* y *MbGlyDII*, inducidos por 100 µM de AS y 2mM de ET por 3, 8 y 24 h. Con AS, la expresión de los genes disminuyó en todos los tiempos analizados. Con ET aumentó la expresión de *MabDHN* y *MbGlyI-I* solo a las 3 h; *MbGlyII-I* no mostró expresión y *MbGlyDII* disminuyó su expresión desde las 8 h. Se comprobó la participación del AS y ET en la regulación de genes dehidrina y gioxalasa en *M. bombycina*.

Palabras clave: fitohormonas; qPCR; estrés; cactáceas.

ABSTRACT

Plants under stress conditions develop different defense systems, such as activation of signaling pathways induced by salicylic acid (SA) or ethylene (ET). *Mammillaria bombycina* is a cactus recently used as a model plant of molecular studies on different types of stress. Some genes expressed under stress are glyoxalases and dehydrins. In the present work, the

Recibido: 6 de agosto de 2023 Aceptado: 13 de mayo de 2024 Publicado: 30 de septiembre de 2024

*Departamento de Química, Centro de Ciencias Básicas, Universidad Autónoma de Aguascalientes. Av. Universidad No. 940, C. P. 20100, Aguascalientes, Ags., México. Correo electrónico: ibqlily@gmail.com; eperezmb@correo.uaa.mx; francisco.morales@edu.uaa.mx ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-5793-3165>; <https://orcid.org/0000-0003-3394-2486>; <https://orcid.org/0000-0003-3418-6416>

**Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C. Av. Instituto Politécnico Nacional No. 195, Playa Palo de Santa Rita Sur, C. P. 23096, La Paz, Baja California Sur, México. Correo electrónico: aloera@cibnor.mx ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-3163-1847>

✉Autor para correspondencia

expression of *MabDHN* dehydrin-like gene and *MbGlyl-I*, *MbGlyII-I* and *MbGlyDJI* glyoxalase genes were analyzed induced by 100 μ M of AS and 2mM of ET for 3, 8 and 24 h in *M. bombycina*. In the treatment with AS, the genes expression decreased in all the analyzed times. Otherwise, with ET the expression of *MabDHN* and *MbGlyl-I* increased from 3 h, besides, *MbGlyII-I* did not show expression and *MbGlyDJI* expression decreased from 8 h. These results show the role of AS and ET in the expression regulation of dehydrin and glyoxalase gene in *M. bombycina*.

Keywords: phytohormones; qPCR; stress; cacti.

INTRODUCCIÓN

Las plantas al estar bajo estrés biótico o abiótico desarrollan sistemas de defensa tales como: rutas de señalización con fitohormonas, regulación de factores enzimáticos y no enzimáticos, acumulación especies reactivas de oxígeno (EROS), compuestos a-cetoaldehídos (Khan et al., 2020) y expresión de diferentes genes que codifican para proteínas de defensa, entre éstas las gioxalasas (Khan et al., 2020; Mostofa et al., 2020) y las proteínas de la embriogénesis tardía LEA (del inglés Late Embryogenesis Abundant), especialmente las del tipo II conocidas como dehidrinas (Liu et al., 2016).

El ácido salicílico (AS) y el etileno (ET) son dos de las principales fitohormonas relacionadas al sistema de defensa vegetal y ayudan a las plantas a tolerar o disminuir los niveles de estrés (Zheng et al., 2023). El AS es un compuesto fenólico que funciona como molécula de señalización y está relacionada con el crecimiento, senescencia y respuesta sistémica adquirida contra estrés biótico (Antonić et al., 2020). También se ha observado que el AS puede causar estrés oxidativo en las plantas a través de una acumulación transitoria de peróxido de hidrógeno; sin embargo, cuando se aplica en concentraciones bajas mejora la eficiencia del sistema antioxidante en las plantas (Antonić et al., 2020; Zheng et al., 2023). En lo que respecta al ET, es un hidrocarburo gaseoso que participa en el crecimiento, desarrollo, senescencia y respuesta ante el estrés en plantas (Lee et al., 2017). Debido a que el ET es de difícil manejo como reactivo gaseoso en plantas *in vitro* se utiliza el reactivo químico etefón (ácido 2-cloroetilfosfónico) que al hidrolizarse produce etileno (Khan et al., 2020).

Tanto el AS como el ET regulan la actividad de diversas enzimas involucradas en la detoxificación de EROS, entre estas enzimas están las gioxalasas y las proteínas tipo dehidrinas (Khan et al., 2021; Mostofa et al., 2020). Las dehidrinas son proteínas intrínsecamente desordenadas a las que en general se asocia con la defensa ante estrés hídrico (Battaglia et al., 2008). Tienen la capacidad de retener moléculas de agua, unirse a iones metálicos, eliminar EROS y unirse a DNA, fosfolípidos y proteínas evitando su desnaturalización y manteniendo su actividad (Hao et al., 2022). Estructuralmente se caracterizan por poseer en su secuencia de aminoácidos segmentos K, Y; y algunas de ellas un segmento S; además de segmentos Φ menos conservados (Battaglia et al., 2008; Mota et al., 2019; Salazar-Retana et al., 2019).

Existen muy pocos estudios reportados de dehidrinas en especies cactáceas; entre estos están los realizados en *Opuntia streptacantha* (Ochoa-Alfaro et al., 2012), *O.*

ficusindica, *Leuchtenbergia principis* y *M. bombycina* (Hernández-Camacho et al., 2017), donde se identificaron y caracterizaron fragmentos de genes codificantes para proteínas tipo dehidrinas en cada una de las especies de cactus mencionada.

Por otro lado, las gioxalasas son enzimas que participan en la detoxificación del metilgioxal (MG), subproducto del metabolismo celular altamente tóxico para la célula producido ante estrés biótico o abiótico (Kaya et al., 2020). El sistema de las gioxalasas se conforma por tres tipos de enzimas; 1) las gioxalasas I (GLY I) (lactoilglutatión liasa), 2) las gioxalasas II (GLY II) (hidroxiacilglutatión hidrolasa); estas dos son metaloenzimas que en conjunto catalizan la isomerización del α-cetoaldehído metilgioxal (MG) a D-lactato, con glutatión reducido (GSH) como cofactor, y 3) las gioxalasas III (GLY III) (D-lactato deshidrasa), que convierten irreversiblemente el MG en D-lactato en un solo paso sin cofactores ni iones metálicos (Sankaranarayanan et al., 2017; Subedi et al., 2011). Las enzimas gioxalasa están relacionadas con estrés abiótico como estrés salino, hídrico y, principalmente, el estrés oxidativo (Ghosh et al., 2016); sin embargo, también se relacionan con la respuesta contra estrés biótico como el ataque de fitopatógenos (Sangha et al., 2013).

M. bombycina es una cactácea endémica de los estados de Aguascalientes y Jalisco. Esta planta se ha propagado de manera exitosa *in vitro* (Manzo-Rodríguez, 2010; Meza-Rangel et al., 2014), por lo que ha permitido que en años recientes se esté utilizando como planta modelo de cactáceas para estudios moleculares. Por ejemplo, Hernández-Camacho et al. (2017) identificaron el fragmento del gen *MabDHN* en *M. bombycina* (KP720560) que cuenta con 145 aminoácidos y codifica para una proteína tipo dehidrina ácida; en los estudios de expresión ha mostrado inducción ante estrés osmótico por congelamiento (-20 °C), estrés tipo biótico por heridas y tratamiento con 100 μM de ABA en 1.5 y 12 h; mientras que ante estrés por frío y alta salinidad no se encontraron cambios en su expresión.

Por otro lado, Enríquez-González et al. (2022) reportaron el primer transcriptoma de *M. bombycina*; en el cual identificaron una familia de genes codificantes para proteínas gioxalasas, entre los que se encuentran *MbGlyI-I*, *MbGlyII-I* y *MbGlyDJI*; que son regulados al alza bajo condiciones *ex vitro* tras 24 h de deshidratación. Por ello en el presente trabajo se reporta el efecto inducido por AS y ET a diferentes tiempos de exposición en la expresión de los genes de dehidrina: *MabDHN* y de las gioxalasas: *MbGlyI-I*, *MbGlyII-I* y *MbGlyDJI*, en *M. bombycina* *in vitro*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Propagación *in vitro* de *M. bombycina*

Las plantas *in vitro* fueron donadas por el Banco de Germoplasma *in vitro* de la Unidad de Biotecnología Vegetal de la Universidad Autónoma de Aguascalientes, Aguascalientes, México. Los tallos de *M. bombycina* se cortaron de manera transversal eliminando la parte basal, pero conservando el ápice y se inocularon en medio de cultivo Murashige and Skoog (MS) (Murashige & Skoog, 1962) adicionado con 1 mg/l de benciladenina. La incubación se realizó a 25 °C bajo un fotoperíodo de 16 h luz por 8 h de oscuridad hasta la obtención

de brotes diferenciados que posteriormente fueron subcultivados en medio MS basal para su enraizamiento bajo las mismas condiciones de incubación.

Tratamientos con fitohormonas

Para los tratamientos se utilizaron plántulas de *M. bombycina* *in vitro* de 1 cm de alto. En el tratamiento con AS primero los brotes fueron sumergidos por 10 s en una solución de AS 100 μ M, en seguida se colocaron en medio MS líquido con 100 μ M de AS a tiempos de 3, 8 y 24 h (Shen et al., 2004); los grupos control fueron sumergidos en agua destilada estéril por 10 s y se colocaron en medio MS líquido por tiempos de exposición similares a los tratamientos. En el tratamiento con ET los brotes se colocaron en frascos con algodón humedecido con solución de Tween 20 0.05% con 2 mM de etefón (Richard et al., 2000) por 24 h; posteriormente se comenzó a contar el tiempo de exposición para los tratamientos de 3, 8 y 24 h. Para los grupos control el algodón se humedeció con solución de Tween 20 0.05% sin hormona por 24 h y posteriores tiempos de exposición similares a los tratamientos. Los brotes con tallo y raíz fueron congelados con nitrógeno líquido y se almacenaron a -70 °C hasta la extracción de RNA. Los tratamientos y controles fueron realizados por triplicado, donde cada réplica corresponde a tres brotes.

Extracción de RNA total y síntesis de cDNA

Se extrajo RNA total de los brotes completos utilizando el reactivo PureZol (BioRad) siguiendo las instrucciones del fabricante. Posteriormente, las muestras se almacenaron a -20 °C hasta su uso. La integridad del RNA se verificó mediante electroforesis en gel de agarosa a 2% teñido con bromuro de etidio. La concentración y pureza se analizaron por espectrofotometría. La síntesis de cDNA se realizó con el kit Maxima™ First Strand cDNA Synthesis Kit for RT-qPCR (Thermo Fisher Scientific). Siguiendo instrucciones del fabricante, se realizó un tratamiento inicial con DNase y la reacción se realizó con 200 ng de RNA. La concentración y pureza del cDNA se analizaron por espectrofotometría y se ajustó la concentración de las muestras a 100 ng/ μ L.

Análisis de expresión por qPCR

La qPCR, se realizó utilizando oligonucleótidos específicos para *MabDHN* F (5' TTAAGGAGAAACTCCAGGC 3') R (5' ACGTGGATCTCTATTGC 3'), propuestos por Hernández-Camacho (2016) y los oligonucleótidos glixoxalasa de *M. bombycina* propuestos por Enríquez-González et al. (2022): *MbGLY* I-1 F (5' CTATTCTCGTTAGGTGC 3') R (5' GAGAACAACTGAAACCGAT 3'), *MbGly* II-1 F (5' CGTCCTAACAGATGAGACA 3') R (5' TACTGCG-TAAATGAGCTACG 3'), *MbDJ1* F (5' GGAGCCGGAGCCAATAGACC 3') R (5' TCACTCAGAATGTTACACGGATGC 3'). Se utilizó el gen 25S ribosomal como gen de referencia a partir de los oligonucleótidos F (5' CGTAAGGCCGTAAAGGAAGCTG 3') y R (5' TCGGAGGGAAACCAGCTACTA 3') (Hernández-Camacho et al., 2017). La reacción se llevó a cabo utilizando SYBER Green (Mezcla maestra de RT-PCR, Applied Biosystem, Carlsbad, CA, USA) bajo las condiciones de amplificación recomendadas por el fabricante: un pretratamiento de 50 °C por 20 min, desnaturización inicial de 95 °C por 10 min, 40 ciclos con una desnaturización de 95 °C por 15 s y un alineamiento y extensión de 60 °C por 60 s. Cada réplica de RNA se analizó por triplicado utilizando 100 ng de RNA por reacción.

Análisis estadístico

Los datos obtenidos del análisis de expresión por qPCR fueron normalizados respecto al control y gen de referencia por el método $2^{-\Delta\Delta Ct}$ (Livak & Schmittgen, 2001) y graficados en el programa estadístico GraphPad Prism 7.07 (GraphPad Software, La Jolla California USA) graficando la media de las repeticiones biológicas con su desviación estándar. El análisis

estadístico se realizó por separado para cada gen analizado, comparando como factor el tiempo de exposición. Se utilizó el programa R (R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria) mediante ANOVA de un factor y una prueba de comparación múltiple por el método de Tukey, con un nivel de significancia de 0.05.

RESULTADOS

Propagación *in vitro* de *M. bombycina*

Tras un periodo de incubación de 90 días, 31% de explantes de *M. bombycina* *in vitro* generaron plantas completas de aproximadamente un cm de alto, 31% generaron callo o brotes poco diferenciados o vitrificados, 23% generaron múltiples brotes diferenciables y, finalmente, 15% de explantes desarrollaron contaminación y fueron desecharados (figura 1).

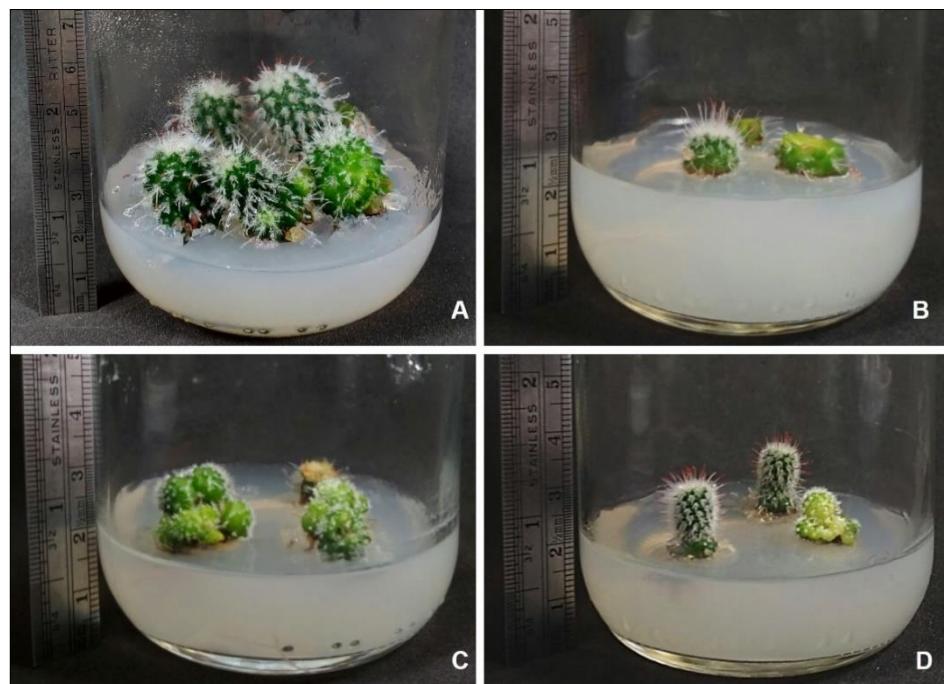


Figura 1. Propagación *in vitro* de *M. bombycina*. A) Plántulas madre *in vitro*; B) Explantes: cortes transversales de tallo de 8 mm; C) y D) Explantes tras 90 días de incubación a 25 °C bajo un fotoperíodo 16:8. Formación de brotes, formación de callo (C), elongación y enraizamiento (D).

Elaboración propia.

Análisis de expresión por qPCR

La expresión de los genes *MabDHN*, *MbGlyI-I*, *MbGlyII-I* y *MbGlyDII* disminuyó significativamente con 100 µM de AS con respecto al control. La expresión comienza a disminuir desde las 3 h de exposición y continúa hasta las 24 h (figura 2 inciso A), observándose de la siguiente manera con respecto al tiempo (3, 8 y 24 h); para *MabDHN*

disminuye 2.70, 2.58 y 3.15 veces; para *MbGlyI-I* disminuye 2.51, 3.29 y 2.99 veces; para *MbGlyII-I* disminuye 2.55, 2.88 y 2.57 veces y, finalmente, para *MbGlyDJI* disminuye 4.85, 3.86 y 5.51 veces, respectivamente (figura 2 inciso A).

En los tratamientos con etileno (2 mM de etefón) la expresión de los genes *MabDHN* y *MbGlyI-I* aumentó solo a las 3 h de exposición con respecto al control, reportando aumentos significativos de 0.21 y 1.45 veces, respectivamente. Sin embargo, a partir de las 8 h de exposición la expresión de *MabDHN* disminuye, para *MbGlyI-I* a las 8 h la expresión es igual al control y a las 24 h disminuye (figura 2 inciso B). La expresión del gen *MbGlyII-I* no tuvo cambios significativos en todos los tratamientos (figura 2 inciso B). Finalmente, la expresión de *MbGlyDJI* disminuyó 0.26, 1.49 y 1.88 veces a las 3, 8 y 24 h, respectivamente.

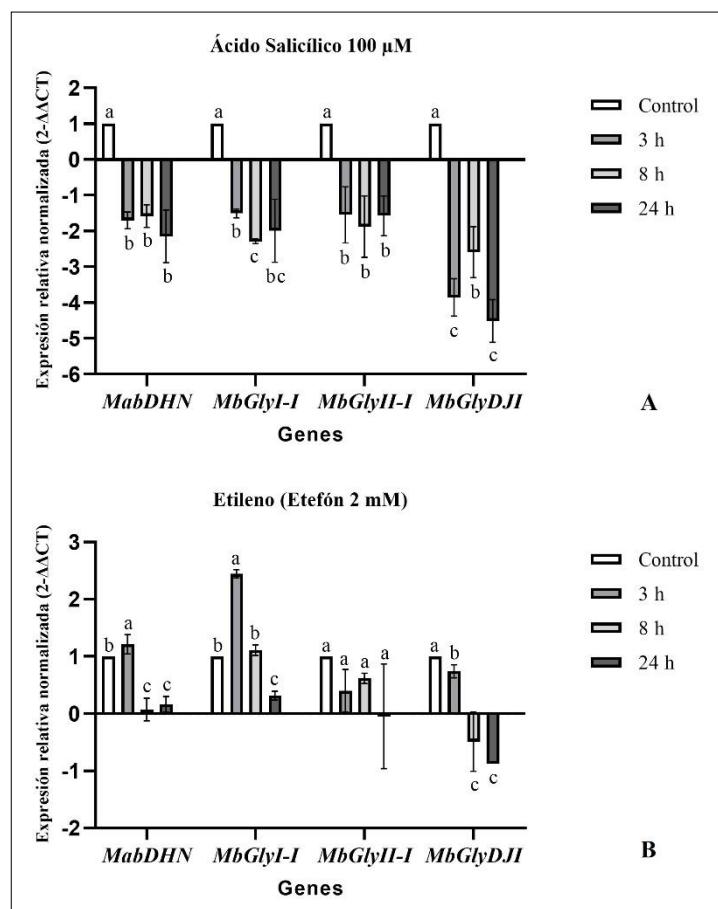


Figura 2. Análisis de expresión de los genes *MabDHN*, *MbGlyI-I*, *MbGlyII-I* y *MbGlyDJI* en tratamientos con AS y ET a tiempos de exposición de 3, 8 y 24 h. Letras diferentes indican diferencias significativas entre tratamientos según el método de Tukey ($\alpha = 0.05$). Los valores fueron normalizados previamente mediante el método $2^{-\Delta\Delta Ct}$, las barras representan la desviación estándar.

Elaboración propia.

DISCUSIÓN

Mammillaria es el género con mayor número de especies entre las cactáceas, y recientemente se ha utilizado como planta modelo dentro de las cactáceas para estudios moleculares y biotecnológicos (Enríquez-González et al., 2022; Hernández-Camacho et al., 2017).

En el presente estudio primero se propagó *M. bombycina* *in vitro* a partir de ejemplares ya establecidos mediante areolas en medio basal MS adicionado con bencil adenina; ya que al ser una citocinina natural ayuda a la diferenciación de tejidos (Bhojwani & Dantu, 2013; Retes-Pruneda et al., 2007). La formación de brotes se observó después de 90 días; mientras que la planta completa se obtuvo después de los 120 días (figura 1). La tasa de crecimiento del género *Mammillaria* es baja y necesita el doble de tiempo para su desarrollo, comparando con otros géneros de cactáceas como *Echinocereus*, *Melocactus*, *Escontria* y *Plaskia* (Retes-Pruneda et al., 2007).

Las cactáceas son plantas que se han adaptado a condiciones extremas, por lo que el estudio de sus diferentes mecanismos de adaptación es de alto valor. La expresión de genes tipo dehidrina y gioxalasa es fundamental en la respuesta y adaptación ante el estrés; el análisis de expresión de estos genes se utiliza como indicador del estrés al que las plantas están siendo sometidas (Khan et al., 2021; Salazar-Retana et al., 2019); sin embargo, su expresión también puede regularse para activar o desactivar mecanismos de defensa.

En lo que respecta al efecto del AS sobre la expresión del gen *MabDHN* se observó que nuestros resultados no coinciden con otros reportados donde usan las mismas condiciones. Por ejemplo, Shen et al. (2004) al trabajar con *Boea crassifolia* con cantidades bajas de AS observaron una alta expresión de genes tipo dehidrina dentro de las primeras 24 h de exposición (Shen et al., 2004). En otras plantas como *Vitis vinifera* se ha visto que el gen tipo dehidrina (*DHN2*) alcanza una máxima expresión 20 veces más que los niveles basales en tratamiento con 100 μ M de AS a las 8 h de exposición (Yang et al., 2012). En *A. thaliana* con el gen *Lti30* tipo dehidrina (*Kn*) su expresión aumenta con 0.25 mM de AS en plantas sometidas a estrés por sequía (Hanin et al., 2011); pero a concentraciones >0.25 mM de AS el gen se inhibe, por lo que los autores mencionan que esta hormona se encuentra relacionada a la regulación génica ante estrés por sequía.

Por otro lado, la función de las dehidrinas es muy amplia y depende de su conformación según la disposición de sus fragmentos como los del tipo *Kn*, *SKn*, *KnS*, *YnSKn* o *YnKn* (Battaglia et al., 2008). Un ejemplo de esto son los estudios en *Impatiens walleriana*, donde realizaron tratamientos con 2 mM de AS y midieron la expresión de tres genes tipo dehidrina; tras 24 h de exposición no reportan cambios de expresión en ningún gen analizado; mientras que a los 10 días reportan un aumento en la expresión de *IwDHN2.1* y *IwDHN 2.2*, ambos correspondientes a dehidrinas tipo *YnSKn*, pero no reportan cambios en la expresión de *IwDHN1* correspondiente a una dehidrina tipo *SK2* (Antonić et al., 2020). En lo que respecta a *MabDHN* es tipo *K3*, que carece de segmentos *Y*, por lo que su expresión podría no estar relacionada por la acción del AS (Antonić et al., 2020; Hernández-Camacho et al., 2017). Según lo descrito anteriormente, el gen *MabDHN* tiene parecido estructural con el gen *IwDHN1* de *I. walleriana*, ambos inducibles por congelamiento y no inducibles por alta salinidad ni AS exógeno.

Con respecto a los efectos que tiene el AS en la regulación de las dehidrinas, se ha observado que la aplicación de AS en plantas estresadas por heridas disminuye la expresión de aquellas dehidrinas relacionadas al estrés biótico, ya que las heridas son detectadas por la planta como un estrés osmótico y no como un estrés biótico (Hanin et al., 2011). Hernández-Camacho et al. (2016) reportaron que la expresión de *MabDHN* aumentó con estrés por heridas, dando sentido a la disminución de su expresión encontrada con los tratamientos de AS.

En el tratamiento con 200 μ M de etefón, la expresión de *MabDHN* es similar con los resultados obtenidos por Cao et al. (2017), quienes observaron que en plantas de *A. thaliana* transformadas con los genes tipo dehidrina *HbDHN1* y *HbDHN2* de *Hevea brasiliensis* bajo tratamientos con 1.5 % de etileno observaron que la expresión de estos genes empezó desde las 3 h teniendo un pico máximo a las 6 y 12 h y una baja a las 24 h. El ET tiene un efecto contrario al AS, ya que induce la expresión de dehidrinas de respuesta a heridas mecánicas. Por tanto, debido a que *MabDHN* disminuye su expresión por AS y aumenta por ET, podría ser parte de las dehidrinas involucradas en el estrés abiótico y, por tanto, en la activación de enzimas que eliminan EROS como el ascorbato peroxidasa, superóxido dismutasa y catalasa (Cao et al., 2017).

El sistema de las gioxalasas está relacionado con diversos tipos de estrés abiótico y biótico, en especial aquellos relacionados con el estrés oxidativo (Ghosh et al., 2016). Diversos estudios reportan que el AS y el ET elevan la actividad de las enzimas gioxalasas y todas las involucradas en el sistema antioxidante eliminando la acumulación de EROS y del estrés oxidativo (Kaya et al., 2020; Khan et al., 2021; Mostofa et al., 2020). Nuestros resultados de expresión de los tres genes de gioxalasas a 100 μ l de AS son similares a los obtenidos por Mostofa et al. (2020), quienes observaron que la expresión de los genes *OsGLYI-1* y *OsGLYII* no cambia en plantas con *O. sativa* cuando son tratadas con AS. Sin embargo, la expresión de estos genes aumenta si se aplica AS en plantas tratadas con selenio; por lo que el AS estaría ayudando a la protección de la planta de la toxicidad por dicho metal; además participando en la detoxificación de metilgioxal. Esto comprueba la complejidad de los mecanismos de defensa vegetal y cómo su modulación depende del tipo de estrés al cual se enfrenta la planta (Mostofa et al., 2020).

En el tratamiento de 200 μ M de etefón, para el análisis de expresión de los genes gioxalasas nuestros resultados tienen relación con lo reportado por Khan et al. (2020), quienes midieron la actividad enzimática de una GLY I y una GLY II en *B. juncea* aplicando etefón a una concentración de 200 μ l / l, y encontraron que la actividad de la GLY I aumentó; a diferencia de *MbGlyI-1* que disminuyó su expresión; mientras que la actividad de la GLY II no se modificó, coincidiendo con *MbGlyII-1*.

Debido al papel que juegan el AS y el ET en la defensa de las plantas, el conocimiento de su participación en la regulación de genes de defensa como los del tipo dehidrina y gioxalasa puede ser de utilidad para futuras aplicaciones. Por ejemplo, se han realizado varios estudios con su uso de forma exógena para proteger a las plantas ante diferentes tipos de estrés y por metales y metaloides. Por ejemplo, el AS se ha utilizado en arroz (*Oriza sativa*) contra estrés por selenio (Mostofa et al., 2020) y arsénico (Khan et al., 2021) y en maíz (*Zea mays*) contra estrés ocasionado por arsénico (Kaya et al., 2020). Por otro lado, el ET se ha utilizado para proteger plantas de mostaza dulce (*Brassica juncea*) contra estrés por níquel (Khan et al., 2020).

Sin embargo, tanto las dehidrinas como las gioxalasas están relacionadas tanto al estrés biótico como abiótico (Hao et al., 2022; Khan et al., 2021); pero no todas las proteínas de estas familias cumplen ambas funciones, ya que en este trabajo se demostró que la expresión de *MabDHN* y las *MabGly* analizadas no son afectadas por AS y sí por ET y que tal vez estén relacionadas con otro tipo de estrés.

CONCLUSIONES

El AS provocó una disminución en la expresión de *MabDHN*, *MbGlyI-I*, *MbGlyII-I* y *MbGlyDJI*; mientras que el ET provocó un aumento en la expresión, excepto para *MbGlyDJI* que disminuyó su expresión a las 8 y 24 h de exposición.

El efecto del AS y el ET en GLY III ha sido poco estudiado sobre todo en cactáceas, por lo que estos resultados pueden servir de referencia a futuras investigaciones en diferentes plantas de cactáceas.

Agradecimientos

Los autores desean agradecer al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (Conacyt) por la beca 765327, a la Universidad Autónoma de Aguascalientes por el apoyo a la investigación, así como al Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S. C.

REFERENCIAS

- Antonić, D. D., Subotic, A. R., Dragicević, M. B., Pantelić, D., Milošević, S. M., Simonovic, A. D., & Momčilović, I. (2020). Effects of Exogenous Salicylic Acid on Drought Response and Characterization of Dehydrins in *Impatiens walleriana*. *Plants*, 9, 1589. <https://doi.org/10.3390/plants9111158>
- Battaglia, M., Olvera, C. Y., Garciarrubio, A., Campos, F., & Covarrubias, A. A. (2008). The enigmatic LEA proteins and other hydrophilins. *Plant Physiology*, 148(1), 6-24. <https://doi.org/10.1104/pp.108.120725>
- Bhojwani, S. S., & Dantu, P. K. (2013). Tissue Culture: An Introductory Text. *Plant Science*. <https://doi.org/10.1007/978-81-322-1026-9>
- Cao, Y., Xiang, X., Geng, M., You, Q., & Huang, X. (2017). Effect of *HbDHN1* and *HbDHN2* Genes on Abiotic Stress Responses in *Arabidopsis*. *Frontiers in Plant Science*, 8, 470. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00470>
- Enríquez-González, C., Garcidueñas-Piña, C., Castellanos-Hernández, O. A., Enríquez-Aranda, S., Loera-Muro, A., Ocampo, G., ... Morales-Domínguez, J. F. (2022). De Novo Transcriptome of *Mammillaria bombycinia* (Cactaceae) under *In vitro* Conditions and Identification of Glyoxalase Genes. *Plants (Basel)*, 11(3), 399. <https://doi.org/10.3390/plants11030399>
- Ghosh, A., Kushwaha, H. R., Hasan, M. R., Pareek, A., Sopory, S. K., & Singla-Pareek, S. L. (2016). Presence of unique glyoxalase III proteins in plants indicates the existence of shorter route for methylglyoxal detoxification. *Scientific Reports*, 6(1), 18358

- Hanin, M., Brini, F., Ebel, C., Toda, Y., Takeda, S., & Masmoudi, K. (2011). Plant dehydrins and stress tolerance Versatile proteins for complex mechanisms. *Plant Signaling & Behavior*, 6(10), 1503-1509. <https://doi.org/10.4161/psb.6.10.17088>
- Hao, Y., Hao, M., Cui, Y., Kong, L., & Wang, H. (2022). Genome wide survey of the dehydrin genes in bread wheat (*Triticum aestivum L.*) and its relatives: identification, evolution and expression profiling under various abiotic stresses. *BMC Genomics*, 23(1), 73. <https://doi.org/10.1186/s12864-022-08317-x>
- Hernández-Camacho, S. (2016). Aislamiento y caracterización de un gen tipo dehidrina en cactáceas y estudio de su expresión en *Mammillaria bombycina* (Tesis de doctorado). Universidad Autónoma de Aguascalientes, México.
- Hernández-Camacho, S., Pérez-Molphe Balch, E., Alpuche-Solís, A. G., & Morales-Domínguez, J. F. (2017). Identification and evolutionary relationships of partial gene sequences from dehydrin group in three species of cacti. *Journal of Experimental Botany*, 86, 151- 162. <https://doi.org/10.32604/phyton.2017.86.151>
- Kaya, C., Ashraf, M., Alyemeni, M. N., Corpas, F. J., & Ahmad, P. (2020). Salicylic acidinduced nitric oxide enhances arsenic toxicity tolerance in maize plants by upregulating the ascorbate-glutathione cycle and glyoxalase system. *Journal of Hazardous Materials*, 399, 123020 <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.123020>
- Khan, M. I. R., Jahan, B., AlAjmi, M. F., Rehman, M. T., & Khan, N. A. (2020). Ethephon mitigates nickel stress by modulating antioxidant system, glyoxalase system and proline metabolism in Indian mustard. *Physiology Molecular Biology Plants*, 26(6), 1201-1213. <https://doi.org/10.1007/s12298-020-00806-1>
- Khan, M. I. R., Jahan, B., AlAjmi, M. F., Rehman, M. T., Iqbal, N., Irfan, M., ... Khan, N. A. (2021). Crosstalk of plant growth regulators protects photosynthetic performance from arsenic damage by modulating defense systems in rice. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 222, 112535 <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2021.112535>
- Lee, H. Y., Chen, Y., Kieber, J. J., & Yoon, G. M. (2017). Regulation of the turnover of ACC Synthases by phytohormones and heterodimerization in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 1-45. <https://doi.org/10.1111/tpj.13585>
- Liu, Y., Liang, J., Sun, L., Yang, X., & Li, D. (2016). Group 3 LEA Protein, ZmLEA3, Is Involved in Protection from Low Temperature Stress. *Frontiers in Plant Science*, 7, 101. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01011>
- Livak, K. J., & Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of relative gene expression data using realtime quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ method. *Methods*, 25(4), 402-408. <https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>
- Manzo-Rodríguez, S. M. (2010). Propagación in vitro de *Mammillaria coahuilensis* var. *coahuilensis* (*Broedeker*) Moran y *Echinocactus platyacanthus* Link & Otto a partir de semilla para su conservación (Tesis de maestría). Institución de Enseñanza e Investigación de Ciencias Agrícolas, México.
- Meza-Rangel, E., Tafoya, F., Lindig-Cisneros, R., Sigala-Rodríguez, J.J., y Pérez-Molphe-Balch, E. (2014). Distribución actual y potencial de las cactáceas *Ferocactus histrix*, *Mammillaria bombycina* y *M.perezdelarosae* en el estado de Aguascalientes, México. *Acta Botánica Mexicana*, 108, 67-80. chrome-extension://efaidnbmnnibpcajpcglclefindmkaj/https://www.scielo.org.mx/pdf/abm/n108/n108a5.pdf
- Mostofa, M. G., Rahman, M. M., Siddiqui, M. N., Fujita, M., & Tran, L. S. P. (2020). Salicylic acid antagonizes selenium phytotoxicity in rice: selenium homeostasis, oxidative stress metabolism and methylglyoxal detoxification. *Journal of Hazardous Materials*, 394,122572 <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.122572>

- Mota, A. P. Z., Oliveira, T. N., Vinson, C. C., Williams, T. C. R., Costa, M. M. D. C., Araujo, A. C. G., ... Brasileiro, A. C. M. (2019). Contrasting Effects of Wild *Arachis* Dehydrin Under Abiotic and Biotic Stresses. *Frontiers Plant Science*, 10, 497. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.00497>
- Murashige, T., & Skoog, F. (1962). A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiologia Plantarum*, 15(3), 473-497. <https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.1962.tb08052.x>
- Ochoa-Alfaro, A. E., Rodriguez-Kessler, M., Pérez-Morales, M. B., Delgado-Sánchez, P., Cuevas-Velazquez, C. L., Gómez-Anduro, G., & Jiménez-Bremont, J. F. (2012). Functional characterization of an acidic SK₃ dehydrin isolated from an *Opuntia streptacantha* cDNA library. *Planta*, 235, 565-578. <https://doi.org/10.1007/s00425-011-1531-8>
- Retes-Prunedo, J. L., Valadez-Aguilar, M. L., Pérez-Reyes, M. E., & Pérez-Molphe Balch, E. (2007). Propagación *in vitro* de especies de *Echinocereus*, *Escontria*, *Mammillaria*, *Melocactus* y *Polaskia* (cactaceae). *Boletín de la Sociedad Botánica de México*, 81, 9-16. <https://doi.org/10.17129/botsci.1761>
- Richard, S., Morency, M. J., Drevet, C., Jouanin, L., & Séguin, A. (2000). Isolation and characterization of a dehydrin gene from white spruce induced upon wounding, drought and cold stresses. *Plant Molecular Biology*, 43, 1-10. <https://doi.org/10.1023/A:1006453811911>
- Salazar-Retana, A. L., Maruri-López, I., Hernández-Sánchez, I. E., Becerra-Flora, A., Guerrero-González, M. L., & Jiménez-Bremont, J. F. (2019). PEST sequences from a cactus dehydrin regulate its proteolytic degradation. *PeerJ*, 14(7), e6810. <https://doi.org/10.7717/peerj.6810>
- Sangha, J. S., Chen, Y. H., Kaur, J., Khan, W., Abduljaleel, Z., Alanazi, M. S., ... Leung, H. (2013). Proteome Analysis of Rice (*Oryza sativa* L.) Mutants Reveals Differentially Induced Proteins during Brown Planthopper (*Nilaparvata lugens*) Infestation. *International Journal of Molecular Sciences*, 14(2), 3921-3945. <https://doi.org/10.3390/ijms14023921>
- Sankaranarayanan, S., Jamshed, M., Kumar, A., Skori, L., Scandola, S., Wang, T., ... Samuel, M. A. (2017). Glyoxalase Goes Green: The Expanding Roles of Glyoxalase in Plants. *International Journal of Molecular Sciences*, 18(4), 898. <https://doi.org/10.3390/ijms18040898>
- Shen, Y., Tang, M. J., Hu, Y. L., & Lin, Z. P. (2004). Isolation and characterization of a dehydrin-like gene from drought tolerant *Boea crassifolia*. *Plant Science*, 166(5), 1167-1175. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2003.12.025>
- Subedi, K. P., Choi, D., Kim, I., Min, B., & Park, C. (2011). Hsp31 of *Escherichia coli* K-12 is glyoxalase III. *Molecular Microbiology*, 81(4), 926-936. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2011.07736.x>
- Yang, Y., He, M., Zhu, Z., Li, S., Xu, Y., Zhang, C., ... Wang, Y. (2012). Identification of the dehydrin gene family from grapevine species and analysis of their responsiveness to various forms of abiotic and biotic stress. *BMC Plant Biology*, 12, 140. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-12-140>
- Zheng, Y., Wang, X., Cui, X., Wang, K., Wang, Y., & He, Y. (2023). Phytohormones regulate the abiotic stress: An overview of physiological, biochemical, and molecular responses in horticultural crops. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1095363. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1095363>



Esta obra está bajo una licencia internacional [Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/).

Usted es libre de Compartir — copiar y redistribuir el material en cualquier medio o formato

Adaptar — remezclar, transformar y construir a partir del material

La licenciatante no puede revocar estas libertades en tanto usted siga los términos de la licencia

Atribución — Usted debe dar crédito de manera adecuada, brindar un enlace a la licencia, e indicar si se han realizado cambios. Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que usted o su uso tienen el apoyo de la licenciatante.

NoComercial — Usted no puede hacer uso del material con propósitos comerciales.

CompartirIgual — Si remezcla, transforma o crea a partir del material, debe distribuir su contribución bajo la misma licencia del original.