

Análisis del proteoma del exudado estigmático

Juan David Rejón¹, François Delalande², Christine Schaeffer-Reiss², Krzysztof Zienkiewicz¹, Juan de Dios Alché¹, María Isabel Rodríguez-García¹, Alain Van Dorsselaer², Antonio J. Castro¹

¹ Departamento de Bioquímica, Biología Celular y Molecular de Plantas, Estación Experimental del Zaidín (CSIC), C/ Profesor Albareda 1, 18008, Granada, España; ² Laboratorio de espectrometría de masa bio-orgánica, IPHC-DSA, Universidad Louis Pasteur-CNRS, UMR 7178, 25 rue Becquerel, 67087 Estrasburgo, Francia

antoniojesus.castro@eez.csic.es

Durante la polinización, las plantas con un estigma de tipo húmedo producen una secreción que contiene principalmente lípidos, polisacáridos y proteínas. Esta matriz extracelular desempeña un papel clave en la adhesión, hidratación y germinación del polen. En este trabajo se ha realizado por primera vez un análisis comparativo del proteoma del exudado estigmático de *Lilium longiflorum* (Monocotyledoneae) y *Olea europaea* (Dicotyledoneae) mediante nano-LC MS/MS y secuenciación *de novo*. En el exudado de *L. longiflorum* se han identificado 53 proteínas diferentes agrupadas en 50 familias. Por otro lado, en el exudado de olivo, se ha logrado identificar 81 proteínas diferentes agrupadas en 67 familias. El análisis de las secuencias obtenidas indica que el 66% de las proteínas analizadas presentan dos o más isoformas. El 81% de las proteínas del exudado de *Lilium* presentan un péptido señal, lo que indica que son secretadas por la ruta exocítica clásica del RE/Golgi. Este porcentaje disminuye al 50% en el exudado de olivo. Dado que en esta especie no se produce la lisis celular de las papilas, las proteínas restantes podrían ser exportadas desde el citoplasma a través de la membrana plasmática mediante un mecanismo exocítico alternativo no regulado. El conjunto de proteínas identificadas se dividen en 15 categorías funcionales entre las que destacan el metabolismo de azúcares, la señalización celular, la respuesta frente a estrés biótico y abiótico, la adhesión celular y la síntesis/degradación de la pared celular. En términos generales, la composición del proteoma varía significativamente entre ambas especies, ya que sólo 13 de las 121 proteínas identificadas están presentes en ambos exudados. Este hecho parece reflejar profundas divergencias a nivel funcional entre el exudado estigmático de ambas especies.

Este trabajo ha sido cofinanciado con fondos FEDER a través de los proyectos AGL2008-00517/AGR del MICINN y CVI-5767 de la Junta de Andalucía.