

RESUMEN

Las fitoquelatinas sintetasas (PCS) desempeñan un papel fundamental en la desintoxicación de metales pesados. Sin embargo, no solo supone un misterio que las PCS se expresen de forma constitutiva y estén tan extendidas en la naturaleza, sino que además se dispone de poca información sobre cómo han evolucionado sus genes. Análisis filogenéticos detallados han brindado nuevas perspectiva sobre su complicada historia evolutiva y han proporcionado evidencias de múltiples eventos de transferencia horizontal de genes (HGT) de bacterias a eucariotas. Los últimos estudios indican que probablemente los genes de las PCS tuvieron un origen bacteriano y que, posteriormente, fueron heredados por diferentes grupos, en algunos casos varias veces. La HGT de bacterias pudo haber beneficiado la supervivencia de organismos eucariotas en condiciones adversas.

INTRODUCCIÓN

La toxicidad de los metales pesados radica en su capacidad para desplazar a los cofactores metálicos endógenos de sus sitios de unión y por promover la formación de especies reactivas de oxígeno.

Durante mucho tiempo, los científicos se han sentido desconcertados por la alta expresión constitutiva de genes PCS en organismos que nunca están expuestos a metales pesados. Altas concentraciones de metales pesados podrían haber sido un problema mucho más grave para los organismos en los primeros tiempos de la historia de la Tierra. Por tanto, no está claro si las PCS son innovaciones clave para los hábitats extremos o rasgos ancestrales. Cabría entonces preguntarse: ¿cuáles son las fuerzas evolutivas que conducen a la presencia y expresión casi ubicua de PCS en ecosistemas geográficamente alejados de la contaminación?, ¿qué sentido tiene invertir energía en enzimas aunque nunca se esté expuesto al contaminante respectivo? y ¿la expresión constitutiva de PCS podría deberse al desarrollo de nuevas funciones fisiológicas más allá de la desintoxicación de metales pesados?

OBJETIVOS

Esta revisión tiene como objetivo:

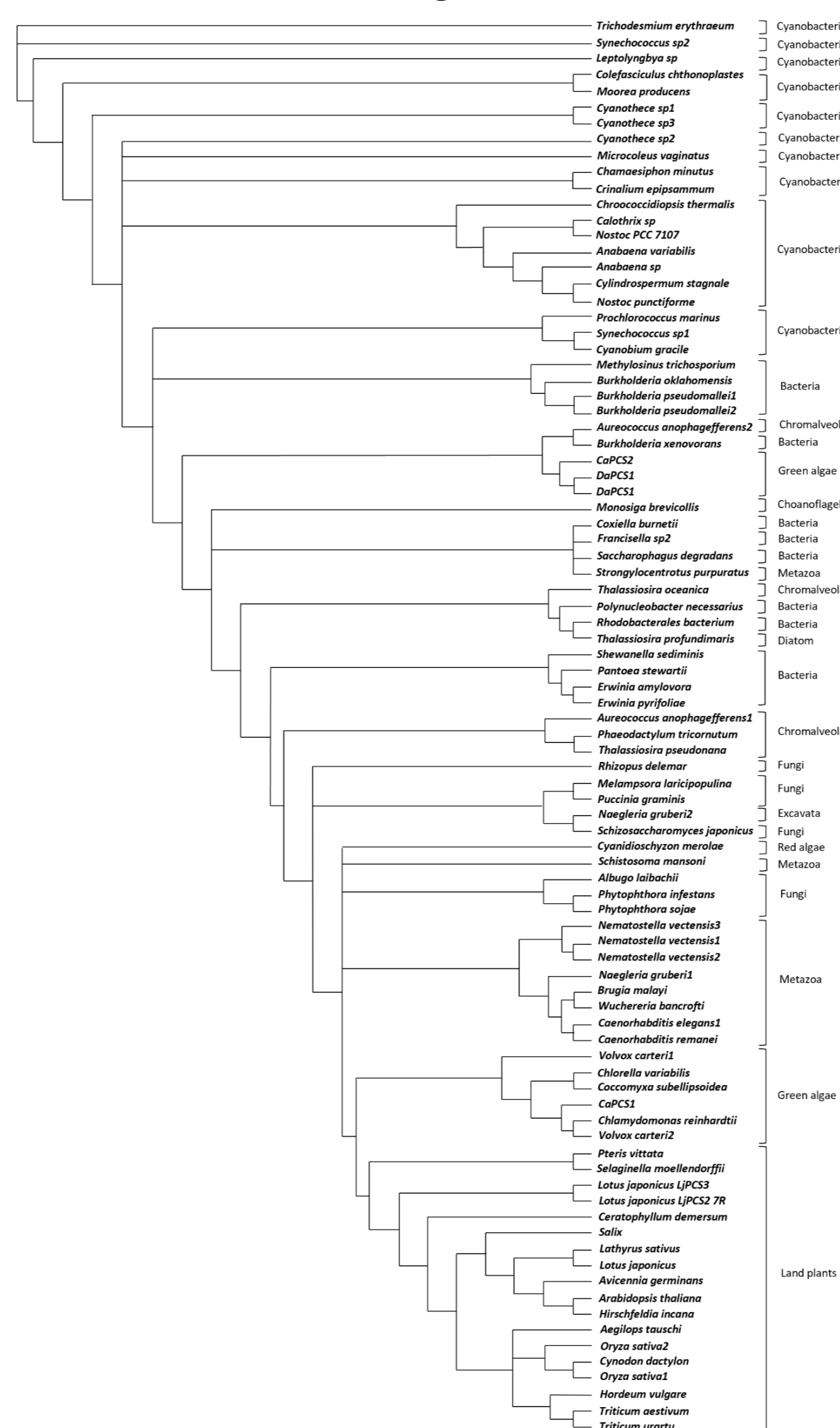
- Estudiar las diferencias en las estructuras proteicas entre procariotas y eucariotas.
- Analizar los roles que podrían haber desempeñado las PCS y sus homólogos a lo largo de la evolución.
- Examinar la filogenia y la distribución de los genes PCS e interpretar su historia evolutiva.

MÉTODOS

Se realizó una revisión bibliográfica en libros y en las bases de datos PubMed y Google Scholar utilizando las palabras clave: “phytochelatin synthases”, “heavy metal tolerance” y “metal homeostasis”

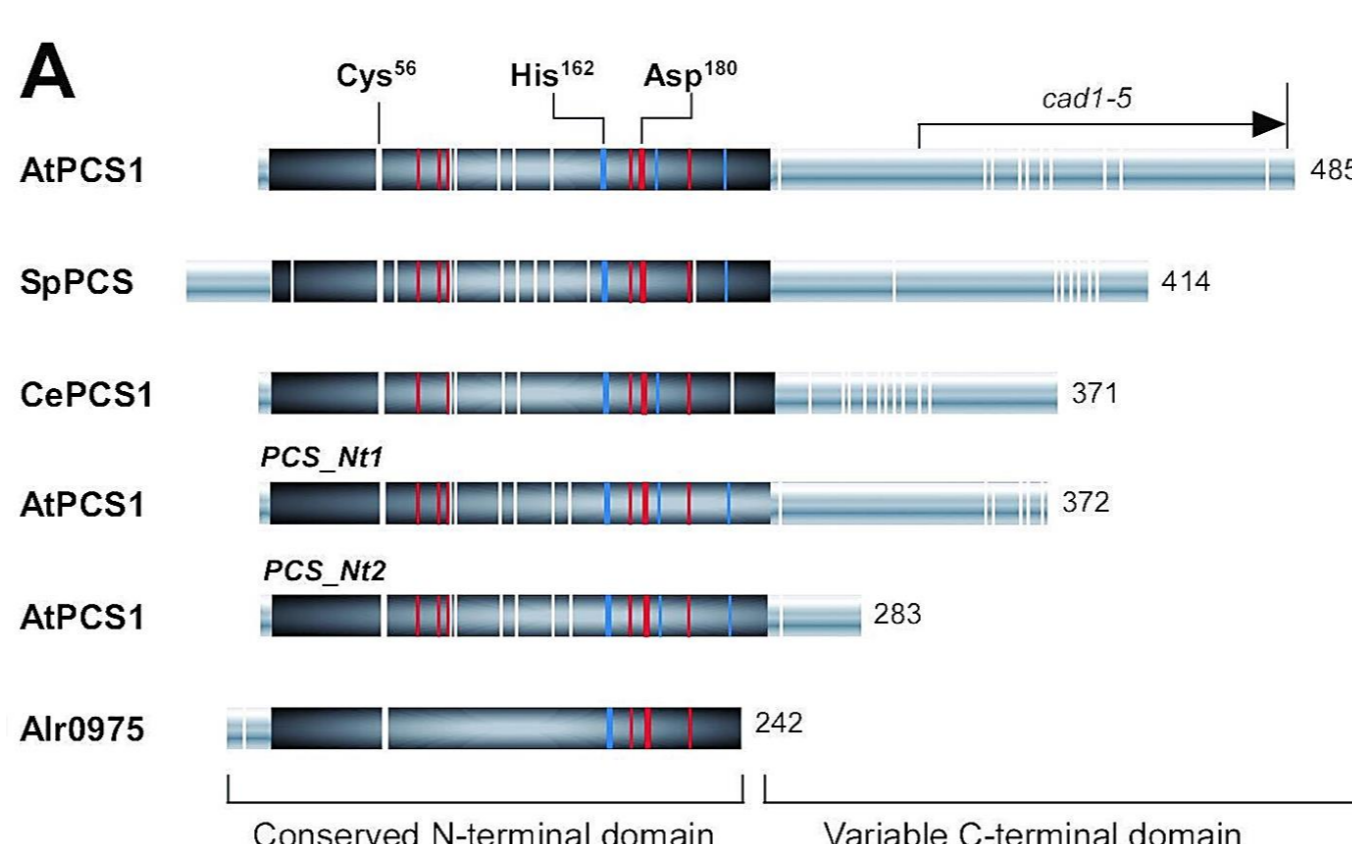
RESULTADOS

1. Resultado análisis filogenéticos [2]



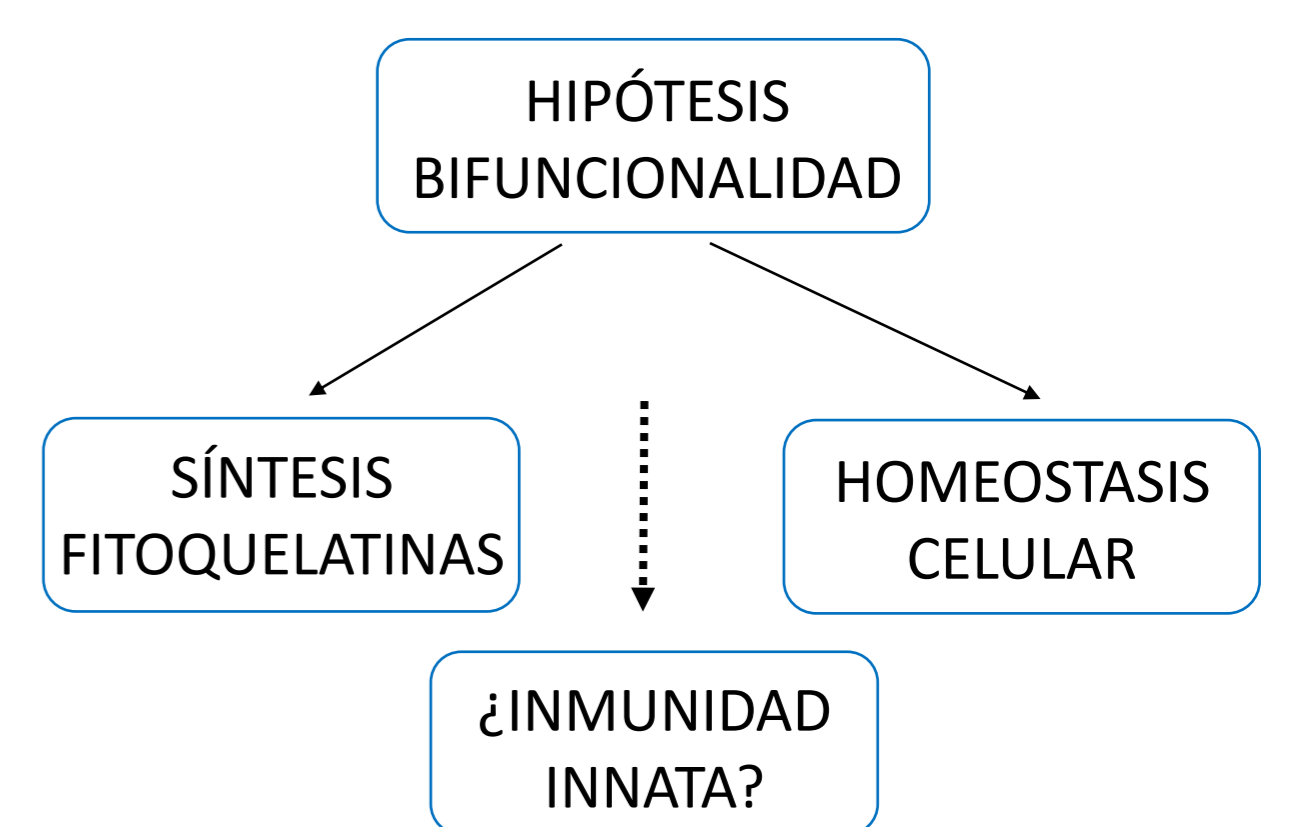
Los genes PCS tienen una distribución no monofilética a través de los reinos. Las secuencias presentes en las bases de datos revelan genes similares a PCS en representantes de todos los reinos eucariotas conocidos.

2. Resultado comparación estructuras proteicas [4]



Las secuencias de procariotas tienen aproximadamente la mitad de la longitud que los eucariotas (220-237 frente a 421-506 residuos de aminoácidos) debido a que carecen del dominio C-terminal, más variable en secuencia.

3. Resultado posibles funciones



Múltiples datos indican que la síntesis de PC tienen un doble papel en la tolerancia y en la homeostasis de los metales. Un posible segundo sitio de unión podría estar implicado en fenómenos de inmunidad innata.

CONCLUSIONES

- Las grandes diferencias en la composición de aminoácidos y la longitud de la secuencia apuntan a antiguos eventos de transferencia horizontal de genes, aunque también podrían haber sido eventos independientes.
- La adquisición de este tipo de genes pudo haber jugado un papel clave en la adaptación a nichos tóxicos y rápidamente cambiantes que, de otro modo, no habrían podido ser invadidos.
- La estructura de los dominios y el menor tamaño de los genes PCS en bacterias apoya un posible origen bacteriano.

REFERENCIAS

- Chia, J. (2021). Phytochelatin Synthase in Heavy Metal Detoxification and Xenobiotic Metabolism. In K. F. Mendes, R. o. de Sousa, & K. C. Mielke (Eds.), Biodegradation Technology of Organic and Inorganic Pollutants. IntechOpen.
- Olsson, S., Penacho, V., Puente-Sánchez, F., Díaz, S., Gonzalez-Pastor, J. E., & Aguilera, A. (2017). Horizontal Gene Transfer of Phytochelatin Synthases from Bacteria to Extremophilic Green Algae. *Microbial ecology*, 73(1), 50–60.
- Rea P. A. (2012). Phytochelatin synthase: of a protease a peptide polymerase made. *Physiologia plantarum*, 145(1), 154–164.
- Rea, P. A., Vatamaniuk, O. K., & Rigden, D. J. (2004). Weeds, worms, and more. Papain's long-lost cousin, phytochelatin synthase. *Plant physiology*, 136(1), 2463–2474.