

Recepción: 18.11.2025

Revisión: 30.12.2025

Publicación: 08.05.2026

<https://orcid.org/0009-0008-5338-6732>

<https://orcid.org/0000-0001-9079-7452>

PROTEÍNAS DREB COMO INTERRUPTORES GENÉTICOS FRENTE AL ESTRÉS AMBIENTAL EN PLANTAS

DREB PROTEINS AS GENETIC SWITCHES FOR PLANT ADAPTATION TO ENVIRONMENTAL STRESS.

Alejandro Rodríguez Flores¹
Esmeralda Escobar Muciño^{2*}

¹Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Facultad de Ciencias Biológicas. Blvd. Valsequillo, Cd. Universitaria, Av. Central 72570 Puebla, Pue. Facultad de ciencias biológicas

²Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica A.C. Cam. a la Presa de San José 2055, Lomas 4ta Secc., 78216 San Luis Potosí, S.L.P

Correos:

alejandro.rodriguezf@alumno.buap.mx

*autor de correspondencia: esmeralda.escobar@ipicyt.edu.mx

Resumen

Las plantas no pueden escapar cuando el ambiente se ha vuelto hostil. Frente a diversos tipos de estrés ambiental como la sequía, la salinidad o las bajas temperaturas, dependen de mecanismos moleculares precisos para adaptarse y sobrevivir. Entre ellos, destacan unas proteínas conocidas como factores de transcripción DREB (Dehydration-Responsive Element Binding, por sus siglas en inglés). Estas proteínas activan genes clave cuando la planta percibe condiciones de estrés. Su papel central en estas respuestas los convierte en candidatos atractivos para el desarrollo de cultivos más resistentes. Pero ¿cómo se organizan estos reguladores dentro del genoma? y ¿con qué otros genes interactúan?. Para responder a estas preguntas, el uso de bases de datos como NCBI y herramientas de análisis informático se vuelve imprescindible para describir la presencia y organización de los factores de transcripción DREB en 3 cultivos fundamentales en la agricultura y resistentes al estrés ambiental como el arroz (*Oryza sativa*), el jitomate (*Solanum lycopersicum*) y el maíz (*Zea mays*). El análisis permitió identificar factores DREB1F en las 3 especies de plantas analizadas y el factor transcripcional DREB1 en el jitomate, así como la presencia del dominio conservado AP2, esencial para la unión al ADN. Además, al examinar los contextos genómicos donde se localizan estos genes, se observaron asociaciones recurrentes con genes involucrados en la biosíntesis del azúcar protector llamado trehalosa, la señalización de ácido abscísico, la modificación de la pared celular y la regulación epigenética. Estas coincidencias sugieren que las proteínas DREB forman parte de redes genéticas coordinadas que fortalecen la capacidad de las plantas para enfrentar el estrés ambiental. En conjunto, este trabajo ofrece una mirada integradora a los mecanismos moleculares que permiten a las plantas resistir condiciones adversas y aportar información valiosa para futuras estrategias de mejora genética orientadas a la resiliencia agrícola.

Palabras clave: nProteínas DREB, dominio AP2, trehalosa, ácido abscísico, genes sensibles al frío (COR), estrés ambiental.

Abstract

Plants cannot escape when the environment becomes hostile. Faced with various types of environmental stress, such as drought, salinity, or low temperatures, they depend on precise molecular mechanisms to adapt and survive. Among these, proteins known as DREB (Dehydration-Responsive Element Binding) transcription factors stand out. These proteins activate key genes when the plant perceives stressful conditions. Their central role in these responses makes them attractive candidates for developing more resilient crops. But how are these regulators organized within the genome? And with which other genes do they interact? To answer these questions, the use of databases like NCBI and computational analysis tools becomes essential to describe the presence and organization of DREB transcription factors in three fundamental agricultural crops resistant to environmental stress: rice (*Oryza sativa*), tomato (*Solanum lycopersicum*), and maize (*Zea mays*).

The analysis identified DREB1F factors in all three plant species studied and the DREB1 transcription factor in tomato, as well as the presence of the conserved AP2 domain, essential for DNA binding. Furthermore, examining the genomic contexts in which these genes are located revealed recurrent associations with genes involved in trehalose biosynthesis, abscisic acid signaling, cell wall modification, and epigenetic regulation. These correlations suggest that DREB proteins are part of coordinated genetic networks that strengthen plants' ability to cope with environmental stress. Taken together, this work offers a comprehensive view of the molecular mechanisms that allow plants to withstand adverse conditions and provides valuable information for future breeding strategies focused on agricultural resilience.

Keywords: DREB proteins, AP2 domain, trehalose, abscisic acid, cold-sensitive genes (COR), environmental stress.

Introducción

Como las plantas viven ancladas al lugar donde germinan, estas no pueden desplazarse cuando el ambiente se vuelve hostil ni escapar de la falta de agua, la salinidad del suelo o las temperaturas extremas.

Su supervivencia depende de la capacidad de adaptarse a esas condiciones adversas. A lo largo de millones de años, los cultivos vegetales han estado expuestos a factores ambientales desfavorables que afectan su desarrollo y rendimiento, lo que ha impulsado la evolución de mecanismos biológicos especializados en la tolerancia al estrés abiótico (Dossa et al., 2016).

Cuando una planta enfrenta sequía, salinidad o temperaturas extremas, el impacto comienza a nivel celular. La fotosíntesis pierde eficiencia, las membranas celulares se vuelven inestables y se altera el equilibrio interno que sostiene el funcionamiento normal de los tejidos.

Si este daño celular se acumula, el crecimiento se ve limitado y la productividad disminuye de forma significativa. Por esta razón, las plantas han desarrollado respuestas integradas que combinan ajustes fisiológicos visibles con mecanismos moleculares capaces de reducir el daño y sostener los procesos vitales, incluso en ambientes altamente desfavorables (Dossa et al., 2016; Singh y Chandra, 2021).

Las condiciones que desencadenan este tipo de estrés abiótico tienen múltiples orígenes. La falta de precipitaciones, las temperaturas extremas, el exceso de irrigación, las altas tasas de evaporación y el cultivo en zonas áridas o semiáridas favorecen tanto la desecación como la acumulación de sales en el suelo.

La magnitud del problema resulta evidente en países como México, donde cerca del 30% de las 5.5 millones de hectáreas irrigadas presentan algún grado de salinidad, una condición que limita severamente la producción agrícola (Villar et al., 1997; Barkla et al., 2007).

Frente a este escenario, la capacidad de una planta para tolerar la sequía y salinidad depende en parte de respuestas fisiológicas claramente observables. Un crecimiento rápido y profundo del sistema radicular, acompañado de una reducción relativa de la parte aérea, mejora la captación de agua y reduciendo su pérdida. A ello se suma el cierre estomático y la capacidad de mantener la turgencia de los tejidos mediante ajustes osmóticos y cambios en la elasticidad de la pared celular. Estas estrategias permiten a la planta sobrevivir aun cuando el contenido de agua disminuye en forma considerable (Villar et al., 1997).

Sin embargo, detrás de estas respuestas visibles existe toda una red molecular altamente coordinada. La cual comienza, cuando la célula vegetal percibe las señales de estrés hídrico y salino a través de receptores localizados en la membrana y la pared celular. Estas señales activan cascadas de eventos internos en los que participan enzimas, proteínas transportadoras y sistemas de señalización. Este proceso culmina en la activación de factores de transcripción específicos que regulan la expresión de genes asociados a la tolerancia al estrés. La Figura 1 representa esta ruta molecular desde la percepción del estrés abiótico hasta la activación de los factores de transcripción DREB que conectan directamente las señales ambientales con la respuesta genética de la planta (Hasanuzzaman, 2020). (Figura 1)

El mecanismo molecular inicia cuando las plantas perciben las condiciones adversas como la sequía, la salinidad y las temperaturas extremas, y responden por medio de una compleja respuesta interna. En el centro de este mecanismo se encuentran los factores de transcripción, cuyo papel principal es actuar como interruptores genéticos, cuya actividad dependerá de cuándo el ambiente se vuelve hostil. Entre ellos, la subfamilia de proteínas

DREB (Dehydration Responsive Element Binding, por sus siglas en inglés), destaca por su papel central en la regulación de múltiples respuestas al estrés abiótico. Estos factores forman parte del supergrupo de proteínas conocidas como

APETALA2 o Factor de Respuesta al Etileno (AP2/ERF) y se caracterizan por reconocer secuencias específicas del ADN denominadas DRE o CRT (Worsley-Hunt et al., 2011; Singh y Chandra, 2021; Ma et al. 2024).

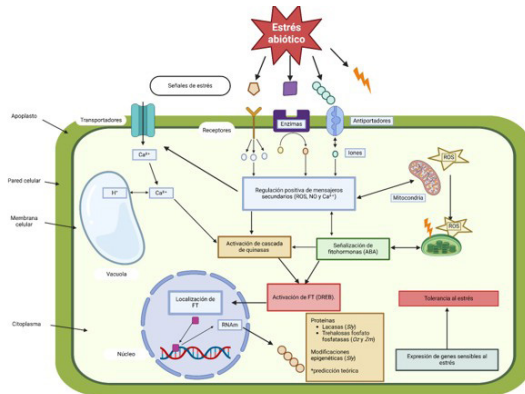


Figura 1. Mecanismo de activación de factores de transcripción (FT) DREB por fitohormonas y quinasas.

Figura elaborada en BioRender bajo una licencia institucional y modificada de Hasanuzzaman (2020).

Las secuencias de DRE o CRT están distribuidas a lo largo del genoma vegetal y funcionan como puntos de control que regulan la expresión génica en situaciones de estrés. Cuando los factores DREB se unen a estas secuencias, activan genes que permiten a la planta ajustar su metabolismo y su fisiología frente a la desecación y la salinidad. De esta forma, la respuesta al estrés deja de ser un evento aislado y se convierte en un programa genético coordinado (Magnani et al., 2004; Akhtar et al., 2012; Ma et al., 2024).

La capacidad de los factores DREB para cumplir esta función está directamente relacionada con su estructura. Todas las proteínas de la superfamilia AP2/ERF comparten un dominio conservado denominado dominio AP2, una región aminoacídica especializada que les permite unirse al ADN. Dentro de este dominio se localizan dos regiones con aminoácidos clave, conocidas como YRG y RAYD, que participan de manera directa en el reconocimiento de la secuencia DRE o CRT, con una secuencia de 6 nucleótidos (GCCGAC), que es esencial para la respuesta a la deshidratación. Gracias al

reconocimiento del dominio nucleotídico, los factores DREB pueden regular de forma precisa la expresión de genes asociados a la tolerancia al estrés abiótico (Magnani et al., 2004; Akhtar et al., 2012; Ma et al., 2024).

Tres especies de cultivos resultan fundamentales para la alimentación humana y la economía agrícola como el arroz (*Oryza sativa*), el jitomate (*Solanum lycopersicum*) y el maíz (*Zea mays*) pueden ser consideradas como modelos de cultivo por su valor productivo. Además, estas especies han sido ampliamente orientadas a la mejora genética de la tolerancia al estrés ambiental (Wang et al., 2008; Zhang et al., 2013; Choudhury, 2019; Kimotho et al., 2019).

Al analizar el interior de estos genomas, emerge un patrón revelador. En las tres especies se repite la presencia de los factores de transcripción DREB1 y DREB1F, ambos están estrechamente asociados con la respuesta a la desecación inducida por frío extremo y alta salinidad.

Estos reguladores transcripcionales pueden actuar tanto de manera dependiente como

Un viaje por los genomas en busca de genes que resisten a la sequía

En un mundo donde el agua es cada vez más escasa, las plantas han tenido que afinar sus estrategias de supervivencia.

Frente a la desecación, no sólo responden con cambios visibles en su forma de crecer, sino que activan complejos mecanismos moleculares que les permiten adaptarse y resistir. Muchas de estas estrategias quedan registradas en su ADN y se ponen en marcha cuando el estrés hídrico pone a prueba su capacidad de adaptación.

El punto de partida para comprender estos mecanismos es una base de datos que reúne información genética de organismos de todo el mundo, como el portal de NCBI (National Center for Biotechnology Information). Este repositorio funciona como un gran archivo de la historia evolutiva de la vida, donde cada secuencia genética aporta pistas sobre cómo las plantas han aprendido a enfrentar condiciones ambientales adversas a lo largo del tiempo (Tatusova et al., 2007).

Entre los miles de genes que conforman estos genomas, el factor de transcripción DREB destaca como reguladores centrales de la respuesta al estrés hídrico, ya que actúan como interruptores moleculares capaces de encender o apagar conjuntos completos de genes cuando la planta detecta la falta de agua (Wang et al., 2025). Sin embargo,

su importancia no reside únicamente en su función individual sino también en el contexto genómico en el que se encuentran. Al observar dónde se localizan estos factores dentro del genoma y que genes los rodean comienza a emerger un patrón. Los genes vecinos suelen estar relacionados con procesos clave para la tolerancia al estrés, lo que sugiere que la respuesta a la desecación no depende de un solo gen, sino de redes coordinadas que actúan de manera conjunta. Estos entornos conocidos como contextos genómicos, permiten identificar asociaciones que se repiten incluso entre especies distintas. La recurrencia de estos conjuntos genéticos sugiere que ciertas soluciones frente a la sequía han sido conservadas a lo largo de millones de años de evolución vegetal, debido a su eficacia para garantizar la supervivencia en ambientes con baja disponibilidad de agua.

A partir de la información disponible en la base de datos del NCBI es posible visualizar ejemplos de estos contextos genómicos donde se muestran los genes localizados río arriba y río debajo de los factores de transcripción asociados a la respuesta al estrés ambiental. Las figuras 3A a la 3D ilustran algunos de estos escenarios genéticos y permiten apreciar cómo se organiza a nivel del ADN la respuesta de las plantas frente a la desecación (NCBI, 2025).





Figura 3. A) Contexto genómico de la proteína de unión al elemento sensible a la deshidratación 1F (NP_001359120.1) a partir del genoma de *O. sativa*. B) Contexto genómico de la proteína de unión al elemento sensible a la deshidratación 1 (NP_001234689.1) a partir del genoma de *S. lycopersicum*. C) Contexto genómico de la proteína de unión a elementos sensibles a la deshidratación tipo 1F (XP_004228864.2) a partir del genoma de *S. lycopersicum*. D) Contexto genómico para la proteína de unión al elemento sensible a la deshidratación 1F (XP_008674480.1) a partir del genoma de *Z. mays*.

Al analizar estos contextos genómicos, llama la atención la gran cantidad de genes que aparecen alrededor de los factores de transcripción asociados a la respuesta al estrés. Muchos de ellos codifican proteínas indispensables para procesos vitales de la planta. Sin embargo, dentro de esta complejidad genética, algunos patrones resultan especialmente reveladores cuando el foco se coloca en la tolerancia a condiciones ambientales extremas.

Al seguir esta pista, los contextos genómicos del arroz, el jitomate y el maíz muestran una coincidencia notable. En las 3 especies aparecen genes relacionados con la respuesta al etileno, con la unión a elementos de respuesta a la deshidratación tipo 1 y con proteínas pertenecientes a la superfamilia AP2 o EREBP. Esta combinación no es casual. La presencia reiterada de estos genes permite reconocer con claridad las secuencias que codifican para los factores de transcripción DREB, ya que este tipo de proteínas se caracteriza precisamente por reunir estas propiedades funcionales (Worsley-Hunt et al., 2011; Singh y Chandra, 2021; Ma et al., 2024).

Las figuras 4A a la 4C muestran algunos de estos contextos genómicos en *O. sativa*, *S. lycopersicum* y *Z. mays*. En ellas, se aprecia cómo los genes asociados a la percepción hormonal, a la regulación de la expresión génica y a la respuesta directa frente a la desecación se agrupan alrededor de los factores DREB. Esta organización sugiere que la respuesta al estrés ambiental no depende de un solo regulador sino de conjuntos de genes que actúan de manera coordinada formando auténticos módulos genéticos especializados en la supervivencia bajo condiciones adversas. Lejos de ser un fenómeno aislado, la repetición de este patrón en especies de plantas tan distintas refuerza la idea de que estas soluciones moleculares han sido conservadas a lo largo de la evolución vegetal ahí donde el agua escasea o el ambiente se vuelve extremo el genoma parece recurrir una y otra vez a los mismos protagonistas para sostener la vida.

Este recorrido por los genomas se complementa al mirar más allá de la secuencia y adentrarse en lo que otros estudios han revelado sobre el papel de estos genes en plantas modelo.



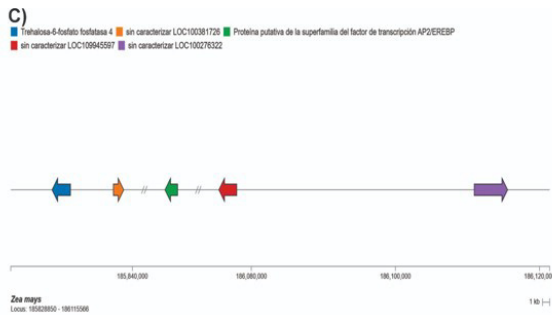


Figura 4. A) Contexto genómico del factor de transcripción sensible al etileno (flecha de color rojo) con cercanía a un gen codificante para una probable trehalosa-fosfato fosfatasa del tipo 4 (flecha de color verde) a partir del genoma de *O. sativa*. B) Contexto genómico de la proteína de unión al elemento sensible a la deshidratación tipo 1 (flecha de color verde) con cercanía a genes codificantes para: una lacasa (flecha de color rojo), un receptor de ácido abscísico (flecha de color azul) y una proteína con funciones en la remodelación de cromatina y metilación del ADN (flecha de color naranja) a partir del genoma de *S. lycopersicum*. C) Contexto genómico de la proteína perteneciente a la superfamilia AP2/EREBP (flecha de color verde) con cercanía a una secuencia codificante de una trehalosa-6-fosfato fosfatasa del tipo 4 (flecha de color azul) a partir del genoma de *Z. mays*.

La literatura científica ofrece múltiples ejemplos que refuerzan la idea de que los factores de transcripción DREB desempeñan un papel central en la respuesta vegetal al estrés ambiental. En el caso del jitomate se ha documentado la presencia del factor DREB1, por medio del estudio de un gen del tipo CBF, conocido como SsCBF1, aislado a partir de *S. lycopersicoides*, una especie notablemente resistente al frío. Este gen codifica una proteína con dominio AP2 capaz de unirse al ADN y se activa frente a bajas temperaturas, sequía y alta salinidad. La activación de este regulador se asocia con una mayor tolerancia a la congelación, lo que confirma que los factores DREB, en particular los del grupo CBF, participan activamente en la adaptación al estrés abiótico (Worsley-Hunt et al., 2011; Zhang et al., 2013).

Este papel regulador también se ha explorado desde una perspectiva genómica. Un análisis a escala de todo el genoma de *S. lycopersicum* permitió identificar y caracterizar a los genes DREB junto con sus elementos promotores. En este contexto, el gen SLDREB1 destaca por su participación en la respuesta al estrés hídrico,

promoviendo la acumulación de azúcares solubles y otros osmolitos que ayudan a la célula vegetal a mantener el equilibrio osmótico cuando el agua escasea (Maqsood et al., 2022).

En el arroz, DREB1F es otro miembro de esta familia el factor de transcripción se activa ante señales ambientales como la salinidad, la sequía, el frío y la presencia de ABA. Estudios funcionales han demostrado que la sobreexpresión del factor transcripcional en *Arabidopsis thaliana* incrementa la tolerancia a estos mismos tipos de estrés lo que refuerza la idea de que se trata de un regulador conservado y eficaz en distintos linajes vegetales (Wang et al., 2008). Mientras que el jitomate vuelve a ofrecer pistas interesantes en este escenario. Un estudio detallado de la familia AP2 reveló la presencia de numerosos dominios conservados en su genoma, entre ellos, el correspondiente al gen DREB1F identificado como "Slyoc01g009440.1.1". Este hallazgo abre la puerta a nuevas estrategias para mejorar la tolerancia al estrés ambiental mediante la modulación de este regulador clave (Choudhury, 2019). Finalmente, en el maíz la

respuesta al estrés también se construye a partir de redes de regulación más amplias. Se ha descrito que el factor de transcripción ZmWRKY17, perteneciente a la familia WRKY, influye en la expresión de los genes DREB1F. Esta interacción forma parte de una respuesta en cascada activada por sequía, salinidad y señales hormonales como la ABA, confirmando

la presencia y relevancia de este gen en maíz (Kimotho et al., 2019). En conjunto, estas evidencias refuerzan una idea central, aunque cada especie enfrenta los desafíos ambientales a su manera, muchas de las soluciones moleculares que sustentan su resistencia están compartidas y profundamente conservadas en el genoma vegetal.

Influencia de los genes DREB en trehalosa, ABA, lignina y acetilación del ADN

Al profundizar en los genomas del arroz, tomate y maíz, se observa que los genes DREB no se encuentran aislados. Por el contrario, aparecen de manera recurrente acompañados por otros genes de gran relevancia para la adaptación al estrés ambiental. Llama la atención que, independientemente de la especie, cuatro tipos de contextos genómicos se repiten de forma consistente. Entre ellos, se encuentran los genes que codifican proteínas similares a CLASSY 1, portadoras del dominio SNF2, implicadas en la remodelación de la cromatina y en procesos de metilación de ADN (Zhou, 2018). También, aparecen genes relacionados con la producción de trehalosa en particular aquellos que codifican para la trehalosa fosfato fosfatasa, una enzima clave para la generación de este azúcar protector (Kerbler et al., 2023).

A esto, se suman genes similares a las lacasas, asociados con la degradación y reorganización de la lignina, así como receptores de ácido abscísico del tipo PYL4, fundamentales para la percepción de señales hormonales (Zhong, 2019; Zhang et al., 2022).

La reiterada cercanía entre los genes DREB y estos elementos sugiere que la respuesta al estrés no depende de un solo regulador, sino de una red coordinada de procesos moleculares. Para comprender mejor esta relación, resulta necesario recurrir a la literatura científica y explorar cómo estos mecanismos contribuyen a la adaptación de las plantas frente a distintos factores ambientales. Uno de los primeros niveles de regulación ocurre en la propia estructura del ADN. La acetilación y la

metilación del material genético son procesos esenciales para controlar qué genes se activan y cuáles permanecen silenciados. Durante el estrés ambiental, la acetilación de histonas, en particular de la histona H3, favorece la activación de genes sensibles al frío, conocidos como genes COR. En maíz, se ha demostrado que la actividad de histonas desacetilasas se asocia con un aumento en expresión de genes como ZmDREB1, reforzando la conexión entre la regulación epigenética y los factores DREB en la respuesta al frío (Ramakrishnan et al., 2022).

Otro componente clave de esta respuesta es trehalosa, un azúcar altamente soluble no reductora y compatible con el metabolismo celular. En las plantas la síntesis de trehalosa, es a través de una única vía metabólica que involucra dos pasos catalizados por las enzimas conocidas como “trehalosa 6 fosfato sintasa” y “trehalosa 6 fosfato fosfatasa”.

Estudios en *A. thaliana* han identificado al gen *AtTPPI*, que codifica para la enzima trehalosa 6-fosfato fosfatasa, como un regulador importante en la tolerancia a la sequía. Su acción influye en procesos como la apertura de las estomas y el crecimiento primario de la raíz permitiendo a la planta ajustarse mejor a la escasez de agua (Lin et al., 2023).

Un detalle particularmente revelador es que la región promotora de *AtTPPI* contiene un elemento cis del tipo DRE/CRT, caracterizado por la secuencia ACCGAC. Este elemento puede ser reconocido por los factores de transcripción DREB, lo que confirma que estos reguladores no sólo responden al estrés, sino que participan

directamente en el control de genes involucrados en la síntesis de trehalosa (Lin et al., 2023). La estructura física de la planta también desempeña un papel crucial en la tolerancia al estrés. La pared celular secundaria, cuyo componente principal es la lignina, contribuye al refuerzo mecánico de los tejidos y a la protección frente a condiciones adversas como la salinidad o el estrés osmótico. Se ha observado que la acumulación de lignina y el engrosamiento de la pared celular forma parte de una respuesta adaptativa común. En estudios realizados en manzano, la sobreexpresión de genes asociados a la pared secundaria ha mostrado que estos pueden activarse tanto por señales hormonales como por estrés salino, interactuando directamente con factores DREB y favoreciendo una mayor resistencia al ambiente adverso (Dabravolski e Isayenkov, 2023). En este entramado molecular, las fitohormonas ocupan un lugar central y entre ellas destaca el ABA. Esta hormona regula procesos fundamentales como la germinación, el crecimiento al cierre de estomas y la expresión génica durante la síntesis e influye

en la susceptibilidad a patógenos. La relación entre ABA y los factores DREB es estrecha y bidireccional. Por un lado, ciertos DREB pueden activar genes involucrados en la biosíntesis de ABA, como *NCED9* durante la germinación en *Arabidopsis*. Por otro lado, la presencia de ABA mantiene elevado los niveles de expresión de genes como *DREB2C*, lo que indica que estos factores también son inducidos por la hormona, reforzando así la respuesta adaptativa de la planta (Je et al., 2014).

En conjunto, estos mecanismos muestran cómo los factores de transcripción DREB se integran a una red compleja que conecta la regulación epigenética, el metabolismo y la estructura celular y la señalización hormonal. Comprender estas interacciones permite anticipar cómo las plantas responden a condiciones ambientales adversas y ofrece una base sólida para interpretar los modelos de respuesta al estrés. En la figura 5 se representa un esquema integrado que resume este mecanismo putativo, obtenido después del análisis de los contextos genómicos realizados en arroz, jitomate y maíz.

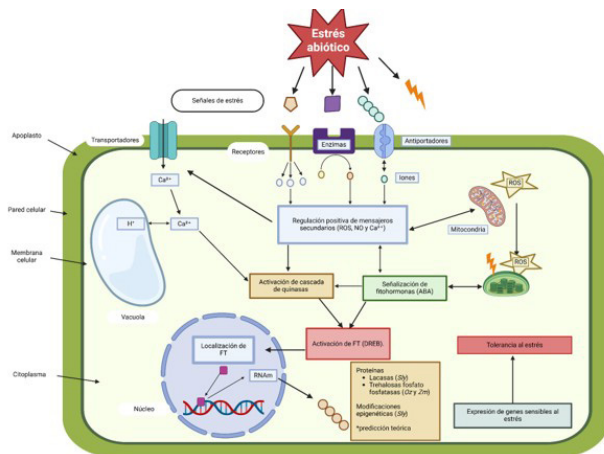


Figura 5. Modelo putativo de la acción de los factores de transcripción DREB y su relación con la biosíntesis de trehalosa, la degradación de lignina y la regulación epigenética, asociados a la tolerancia al estrés ambiental en *O. sativa* (Os), *S. lycopersicum* (Sl) y *Z. mays* (Zm). Figura elaborada en BioRender bajo una licencia institucional y modificado de Hasanuzzaman (2020). (<https://doi.org/10.1007/978-981-15-2172-0>).

Conclusiones

En un planeta donde el agua es cada vez más escasa y el clima es impredecible, las plantas no tienen otra opción que adaptarse o desaparecer. Este trabajo permite asomarse al interior de las adaptaciones de las plantas, explorando los genomas de tres cultivos esenciales: arroz, jitomate y maíz, en busca de las claves que les permiten resistir a las condiciones extremas. En este viaje genético, los factores de transcripción DREB aparecen como verdaderos directores de orquesta, coordinando redes completas de genes. Estas redes están relacionadas con la protección celular, el metabolismo, la estructura de la pared vegetal y la acción de hormonas como el ácido abscísico.

Estas redes, sorprendentemente conservadas entre especies muy distintas, muestran que la evolución ha reutilizado estrategias eficaces una y otra vez para enfrentar la sequía, el frío y la salinidad.

Entender cómo funcionan estos mecanismos no sólo satisface la curiosidad científica. También ofrece pistas valiosas para el futuro de la agricultura. Descifrar cómo las plantas sobreviven al estrés abre la posibilidad de desarrollar cultivos más resistentes, capaces de prosperar en un mundo cambiante. En última instancia, conocer estas historias ocultas en el ADN vegetal es una forma de prepararnos mejor para nuevos desafíos.

Conflicto de intereses

Los autores de este manuscrito declaran no tener ningún tipo de conflicto de interés.

Declaración de privacidad

Los datos de este artículo, así como los detalles técnicos para la realización del experimento, se pueden compartir a solicitud directa con el autor de correspondencia.

Los datos personales facilitados por los autores a RD-ICUAP se usarán exclusivamente para los fines declarados por la misma, no estando disponibles para ningún otro propósito ni proporcionados a terceros.

Los autores se descargan de responsabilidad (INTELIGENCIA ARTIFICIAL) Los autores declaran por la presente que NO se han utilizado tecnologías de IA generativa, tales como modelos de lenguaje grandes (*ChatGPT*, *COPILOT*, etc.) y generadores de texto a imagen, durante la redacción o edición de este manuscrito.

Agradecimientos

Los autores agradecen al SECIHTI, por el otorgamiento de la beca de estancia postdoctoral a EEM (CVU: 406969).

Referencias

- Akhtar, M., Jaiswal, A., Taj, G., Jaiswal, J. P., Qureshi, M. I., Singh, N. K. (2012). DREB1/CBF transcription factors: their structure, function and role in abiotic stress tolerance in plants. *Journal of Genetics*, 91(3):385–395. <https://doi.org/10.1007/s12041-012-0201-3>.
- Barkla, B. J., Vera-Estrella, R., Balderas, E., Pantoja, O. (2007). Mecanismos de tolerancia a la salinidad en plantas. *Biotechnología*, 14:263-272.
- Choudhury, S. (2019). In silico analysis of ERF family in Arabidopsis, Oryza and Solanum crop plants. *Genomics Plant Breed*, 3:34-44.
- Dabravolski, S. A., Isayenkov, S. V. (2023). The regulation of plant cell wall organisation under salt stress. *Frontiers in Plant Science*, 14:1-16. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1118313>.
- Dossa, K., Wei, X., Li, D., Fonceka, D., Zhang, Y., Wang, L., Yu, J., Boshou, L., Diouf, D., Cissé, N., Zhang, X. (2016). Insight into the AP2/ERF transcription factor superfamily in sesame and expression profiling of DREB subfamily under drought stress. *BMC Plant Biology*, 16(1): 1-16. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0859-4>.
- Hasanuzzaman, M. H. (2020). Plant ecophysiology and adaptation under climate change: mechanisms and perspectives ii: mechanisms of adaptation and stress amelioration [Springer Nature Link]. In Springer eBooks (1st ed.). Springer Singapore. <https://doi.org/10.1007/978-981-15-2172-0>.
- Jihyun J., Huan C., Chieun S. (2014). Arabidopsis DREB2C modulates ABA biosynthesis during germination. *Biochemical and biophysical research communications*, 452:1-8. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2014.08.052>.
- Kerbler, S. M. L., Armijos-Jaramillo, V., Lunn, J. E., Vicente, R. (2023). The trehalose 6-phosphate phosphatase family in plants. *Physiologia Plantarum*, 175(6):1-19. <https://doi.org/10.1111/pp1.14096>.
- Kimotho R.N., Baillo E.H., Zhang Z. (2019). Transcription factors involved in abiotic stress responses in Maize (*Zea mays* L.) and their roles in enhanced productivity in the post genomics era. *PeerJ*, 8(7):1-46. <https://doi.org/10.7717/peerj.7211>.
- Ma Z., Hu L., Jiang W. (2024). Understanding AP2/ERF transcription factor responses and tolerance to various abiotic stresses in plants: a comprehensive review. *International Journal Molecular Sciences*, 25(2):11-22. <https://doi.org/10.3390/ijms25020893>.
- Magnani E., Sjölander K., Hake S. (2004). From endonucleases to transcription factors: evolution of the AP2 DNA binding domain in plants. *Plant Cell*, 16(9):2265-77. <https://doi.org/10.1105/tpc.104.023135>.
- Maqsood H., Munir F., Amir R., Gul A. (2022). Genome-wide identification, comprehensive characterization of transcription factors, cis-regulatory elements, protein homology, and protein interaction network of DREB gene family in *Solanum lycopersicum*. *Plant Sciences*, 13:1-29. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1031679>.
- Qingfang L., Jianyong W., Jiaxin G., Zhiliang Z., Song W., Jing S., Qianqian L., Xu G., Jihong J., Shilian Q. (2023). The Arabidopsis thaliana trehalose-6-phosphate phosphatase gene AtTPPI improve chilling tolerance through accumulating soluble sugar and JA. *Environmental and Experimental Botany*, 205:1-12. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2022.105117>.

- Ramakrishnan M., Zhang Z., Mullasserli S., Kalendar R., Ahmad Z., Sharma A., Liu G., Zhou M., Wei Q. (2022). Epigenetic stress memory: a new approach to study cold and heat stress responses in plants. *Frontiers in Plant Science*, 13:11-17. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1075279>.
- Riechmann, J. L., Meyerowitz, E. M. (1998). The AP2/EREBP family of plant transcription factors. *Biological Chemistry*, 379:633-646. <https://doi.org/10.1515/bchm.1998.379.6.633>.
- Singh, K., Chandra, A. (2021). DREBs-potential transcription factors involve in combating abiotic stress tolerance in plants. *Biología*, 76:3043-3055. <https://doi.org/10.1007/s11756-021-00840-8>.
- Su, Z. L., Li, A. M., Wang, M., Qin, C. X., Pan, Y. Q., Liao, F., Zhong-Liang C., Bao-Qing Z., Wen-Guo C., Huang, D. L. (2025). The role of AP2/ERF transcription factors in plant responses to biotic stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(10):1-14. <https://doi.org/10.3390/ijms26104921>.
- Tatusova, T., Smith-White, B., Ostell, J. (2007). A collection of plant-specific genomic data and resources at NCBI. In *Plant Bioinformatics: Methods and Protocols* (pp. 61-87). Totowa, NJ: Humana Press. https://doi.org/10.1007/978-1-59745-535-0_3.
- Villar-Salvador, P., Bueno, L., Rubira, J., Inmaculada, C., Manzano, S., Lereña (1997). Efecto de diferentes niveles de endurecimiento por estrés hídrico en el contenido de nutrientes y la resistencia a la desecación de plántulas de *Pinus halepensis* Mill. pp: 674.
- Wang, J., Pan, J., Duan, Y., Wang, L., Jing, D., Dang, J., Guo, Q. (2025). Characterization of DREB family genes in loquat and their co-expression network analysis in response to drought. *BMC Plant Biology*, 25(1):1-13. <https://doi.org/10.1186/s12870-025-07448-z>.
- Wang, Q., Guan, Y., Wu, Y., Chen, H., Chen, F., Chu, C. (2008). Overexpression of a rice OsDREB1F gene increases salt, drought, and low temperature tolerance in both *Arabidopsis* and rice. *Plant Molecular Biology*, 67(6):589-602. <https://doi.org/10.1007/s11103-008-9340-6>.
- Worsley-Hunt, R., Bernard, V., Wasserman, W.W. (2011). Identification of cis-regulatory sequence variations in individual genome sequences. *Genome Medicine*, 3:1-14. <https://doi.org/10.1186/gm281>.
- Zhang, L., Li, Z., Li, J., Wang, A. (2013). Ectopic overexpression of SsCBF1, a CRT/DRE-binding factor from the nightshade plant *Solanum lycopersicoides*, confers freezing and salt tolerance in transgenic *Arabidopsis*. *PLoS ONE*, 8(6):1-15. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0061810>.
- Zhang, Y., Zhao, Y., Li, T., Ni, C., Han, L., Du, P., Xiao, K. (2022). TaPYL4, an ABA receptor gene of wheat, positively regulates plant drought adaptation through modulating the osmotic stress-associated processes. *BMC Plant Biology*, 22(1):11-21. <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03799-z>.
- Zhong, R., Cui, D., Ye, Z. H. (2019). Secondary cell wall biosynthesis. *New Phytologist*, 221(4):1703-1723. <https://doi.org/10.1111/nph.15537>.
- Zhou, M., Palanca, A. M. S., Law, J. A. (2018). Locus-specific control of the de novo DNA methylation pathway in *Arabidopsis* by the CLASSY family. *Nature genetics*, 50(6):865-873. <https://doi.org/10.1038/s41588-018-0115-y>.