



Secondary metabolism during ontogeny of *Piper* species and their potential implications in herbivory

Metabolismo secundario durante la ontogenia de especies de *Piper* y sus posibles implicaciones en la herbivoría

Massuo Jorge Kato^{1*}, Leonardo Yoshida¹, Dimitre A. Ivanov¹, Valdirene Oliveira da Costa¹, Aline Nair Mendes Costa¹, Amanda Ruzinski¹, Leandro F. de Oliveira², Andrés Camilo Guerrero Perilla² and Eny, I. S. Floh²

*Institute of Chemistry, University of São Paulo, Av. Prof. Lineu Prestes, 748, 05508-000, São Paulo, SP, Brazil, massuojorge@usp.br

¹Institute of Chemistry, University of São Paulo, Av. Prof. Lineu Prestes, 748, 05508-000, São Paulo, SP, Brazil.

²Institute of Biosciences, Rua do Matão, 277, 05508-090, São Paulo, SP, Brazil

Conferencia Plenaria 5

ABSTRACT

Being sessile organisms, plants have evolved a myriad of molecular mechanisms to cope with the numerous biotic and abiotic challenges imposed by the environment. Over the course of their different life stages, plants can activate specific metabolic pathways to adapt to the environment, fine tuning their transcript and metabolic networks to meet the demands of each life stage. The survival of seedlings after germination represents a key step for the settlements of a community in a tropical forest. Analysis of a set of species have indicated extremes of behavior in secondary chemistry between constant to variable composition^[1;2]. To explore possible chemical adaptations that occur in one of those life stages, four *Piper* species were analyzed at seedling and adult phases. The investigations have been expanded to encompass members of other families and in the case of our model plant, we carried out studies at the gene expression level by profiling with RNASeq the transcripts of the four *Piper* species in both life stages^[3]. Hundreds of genes related to metabolism were compiled, offering insights with respect to this class of molecules. The seedlings use a larger fraction of their total biosynthetic genome capacity when compared to their corresponding adult plants. Assembled nucleotide sequences also provided clues



REVISTA PRODUCTOS NATURALES

ISSN 1916-2413



Vol. 6 Núm. 1 (2025): I Congreso Colombiano de Productos Naturales

Disponible en línea en

<https://www.nozomiscience.org/index.php/rpn/issue/view/587>

doi: <https://doi.org/10.3407/rpn.v6i1cp5>



about the origin and evolution of piperamides, indicating that the bifunctional lysine/ornithine decarboxylase was likely one of the branch points in the evolutionary history of spices.

Key words:

Ontogeny, secondary metabolism, transcriptome, *Piper*.

RESUMEN

Al ser organismos sésiles, las plantas han desarrollado una gran variedad de mecanismos moleculares para afrontar los numerosos desafíos bióticos y abióticos que impone el entorno. A lo largo de sus diferentes etapas vitales, las plantas pueden activar vías metabólicas específicas para adaptarse, optimizando sus transcripciones y redes metabólicas para satisfacer las demandas de cada etapa. La supervivencia de las plántulas tras la germinación representa un paso clave para el asentamiento de una comunidad en un bosque tropical. El análisis de un conjunto de especies ha indicado extremos de comportamiento en la química secundaria, desde una composición constante hasta una variable^[1;2]. Para explorar las posibles adaptaciones químicas que ocurren en una de estas etapas vitales, se analizaron cuatro especies de *Piper* en las fases de plántula y adulta. Las investigaciones se han ampliado para abarcar miembros de otras familias y, en el caso de nuestra planta modelo, realizamos estudios a nivel de expresión génica mediante el perfilado con RNASeq de las transcripciones de las cuatro especies de *Piper* en ambas etapas vitales^[3]. Se recopilaban cientos de genes relacionados con el metabolismo, lo que ofrece información valiosa sobre esta clase de moléculas. Las plántulas utilizan una fracción mayor de su capacidad biosintética total del genoma en comparación con sus correspondientes plantas adultas. Las secuencias de nucleótidos ensambladas también proporcionaron pistas sobre el origen y la evolución de las piperamidas, lo que indica que la lisina/ornitina descarboxilasa bifuncional fue probablemente uno de los puntos de ramificación en la historia evolutiva de las especies.

Palabras clave:

Ontogenia, metabolismo secundario, transcriptoma, *Piper*.

Agradecimientos/Acknowledgements

FAPESP (14/50316-7), CNPq (304607/2019-3)

Referencias/References

- [1] GAIA, A. M., *et al.* (2014). Age-Dependent Changes from Allylphenol to Prenylated Benzoic Acid Production in *Piper Gaudichaudianum* Kunth. *Phytochemistry* **106**: 86-93. [DOI]



REVISTA PRODUCTOS NATURALES

ISSN 1916-2413



Vol. 6 Núm. 1 (2025): I Congreso Colombiano de Productos Naturales

Disponible en línea en

<https://www.nozomiscience.org/index.php/rpn/issue/view/587>

doi: <https://doi.org/10.3407/rpn.v6i1cp5>



-
- [2] GAIA, A. M., *et al.* (2021). Ontogenetic Changes in the Chemical Profiles of Piper Species. *Plants (Basel)* **10**(6). [[DOI](#)]
- [3] DE OLIVEIRA, L. F., *et al.* (2022). Selection and Validation of Reference Genes for Measuring Gene Expression in Piper Species at Different Life Stages Using Rt-Qpcr Analysis. *Plant Physiol Biochem* **171**: 201-212. [[DOI](#)]