BV21

**Uso integrado de herramientas bioinformáticas para el estudio de una familia de proteínas: las desaturasas de gramíneas**

Cuppari, S.Y.1; Díaz, M.L.2; Soresi, D.S.1; Carrera A.D.1

1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS)-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. 2) Dpto. de Biología Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur.

Los ácidos grasos insaturados son importantes componentes de los lípidos de membranas celulares. Variaciones en su composición afectan procesos fisiológicos como la adaptación al frío, defensa de patógenos y desarrollo de cloroplastos. Las desaturasas son enzimas claves en la síntesis de los ácidos grasos insaturados y se clasifican de acuerdo a la posición en la que originan el doble enlace. Se han descripto dos grupos principales: las solubles y las de membrana. La insaturación de ácidos grasos constituye un paso importante en la bioquímica de los aceites vegetales y por lo tanto determinante de la calidad de los mismos, lo que explica por qué la mayoría de los estudios de desaturasas se han focalizado en especies oleaginosas como olivo, girasol, soja, lino, etc. Sin embargo, los cambios en las fronteras agrícolas junto con la demanda creciente de variedades de cultivos con mayor tolerancia a estreses ambientales, han llevado a un reciente interés por las desaturasas y su rol en la tolerancia a estrés. Este estudio se basó en el uso de softwares predictores de: características fisicoquímicas (<http://web.expasy.org/protparam/>), localización subcelular (<http://cello.life.nctu.edu.tw/>), dominios transmembrana (<http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM>) y motivos conservados (<http://meme-suite.org>). Además, se analizaron los perfiles de expresión sobre base de transcriptoma de trigo (http://wheat.pw.usda.gov/WheatExp/) y posibles sitios reguladores en sus promotores (<http://plantpan.mbc.nctu.edu.tw>).

Se identificaron 82 secuencias de genes y proteínas depositadas en GenBank de 10 especies de gramíneas: Triticum aestivum, Triticum urartu, Aegilops tauschii, Zea mays, Sorghum bicolor, Oriza sativa, Oriza brachyantha, Setaria italica, Brachypodium distachyon y Hordeum vulgare. La determinación teórica del punto isoeléctrico sugiere que en general presentan carácter básico (superior a 8). Las predicciones de localización subcelular permiten ubicarlas en membrana plasmática, cloroplasto, retículo endoplásmico y mitocondria. El mapeo in silico mostró múltiples localizaciones cromosómicas en la mayoría de las especies. El análisis de los sitios reguladores en promotores, identificó 34 motivos de unión a factores de transcripción pertenecientes a las familias TCP, AP2, NF-YB, B3, AT-Hook, bZIP, GATA y MYB, de las cuales 12 (35%) están involucradas en respuesta a estreses abióticos. Se identificaron además, los dominios asociados al sitio activo, que variaron de acuerdo al rol de la enzima. Un estudio de nuestro grupo, basado en ARN-Seq, identificó dos transcriptos de desaturasas de Triticum turgidum ssp durum diferencialmente expresados en etapa reproductiva en respuesta a bajas temperaturas, similares a las que preceden una helada.

La amplia disponibilidad de bases de datos de secuencias y herramientas bioinformáticas, permite realizar predicciones de la estructura y función de genes y proteínas.

La organización estructural y los mecanismos que controlan la expresión de los genes, constituyen un punto de partida para avanzar en el conocimiento de su participación en los mecanismos de respuesta a estrés.

Este estudio brinda información actualizada sobre las desaturasas de gramíneas y aporta una visión integral de su diversidad y evolución. Constituye un primer paso necesario al considerar estos genes como candidatos para nuevos enfoques biotecnológicos.