

Identificación y caracterización de Aspartil proteasas en *Solanum tuberosum* relacionadas a diferentes tipos de estrés

¹Norero NS, ¹⁴Rey Burusco MF, ^{235D} Ippólito S, ¹Castellote MA, ¹⁴Décima Oneto CA, ¹³⁴Massa GA, ¹Feingold SE, ²³⁵Guevara MG

1. Laboratorio de Agrobiotecnología, IPADS (UEDD INTA - CONICET), Balcarce, Ruta 226, Km 73.5, Balcarce, B7620, Argentina, 2. Instituto de Investigaciones Biológicas, UNMDP, 3. Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), 4. Facultad de Cs. Agrarias, UNMDP, 5. Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UNMDP.
E-mail: gguevara@mdp.edu.ar

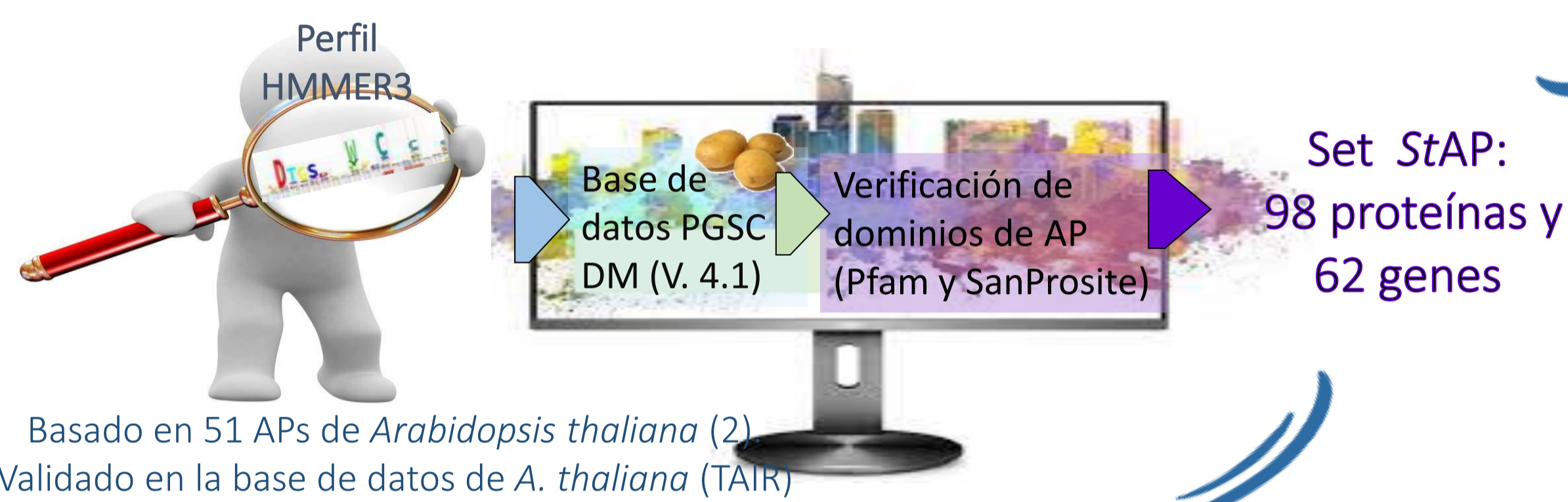
RESUMEN

En este trabajo, realizamos un análisis del genoma de *S. tuberosum* para explorar las funciones potenciales de las Aspartil proteasas (AP, EC 3.4.23). Las APs son enzimas proteolíticas con funciones muy diversas que se encuentran en todos los seres vivos (1). Muchas de estas enzimas se encuentran involucradas en la respuesta de defensa de las plantas frente a diferentes situaciones de estrés. En los últimos años con la disponibilidad de genomas completamente secuenciados y herramientas bioinformáticas se ha hecho posible su identificación y estudio a gran escala

OBJETIVO

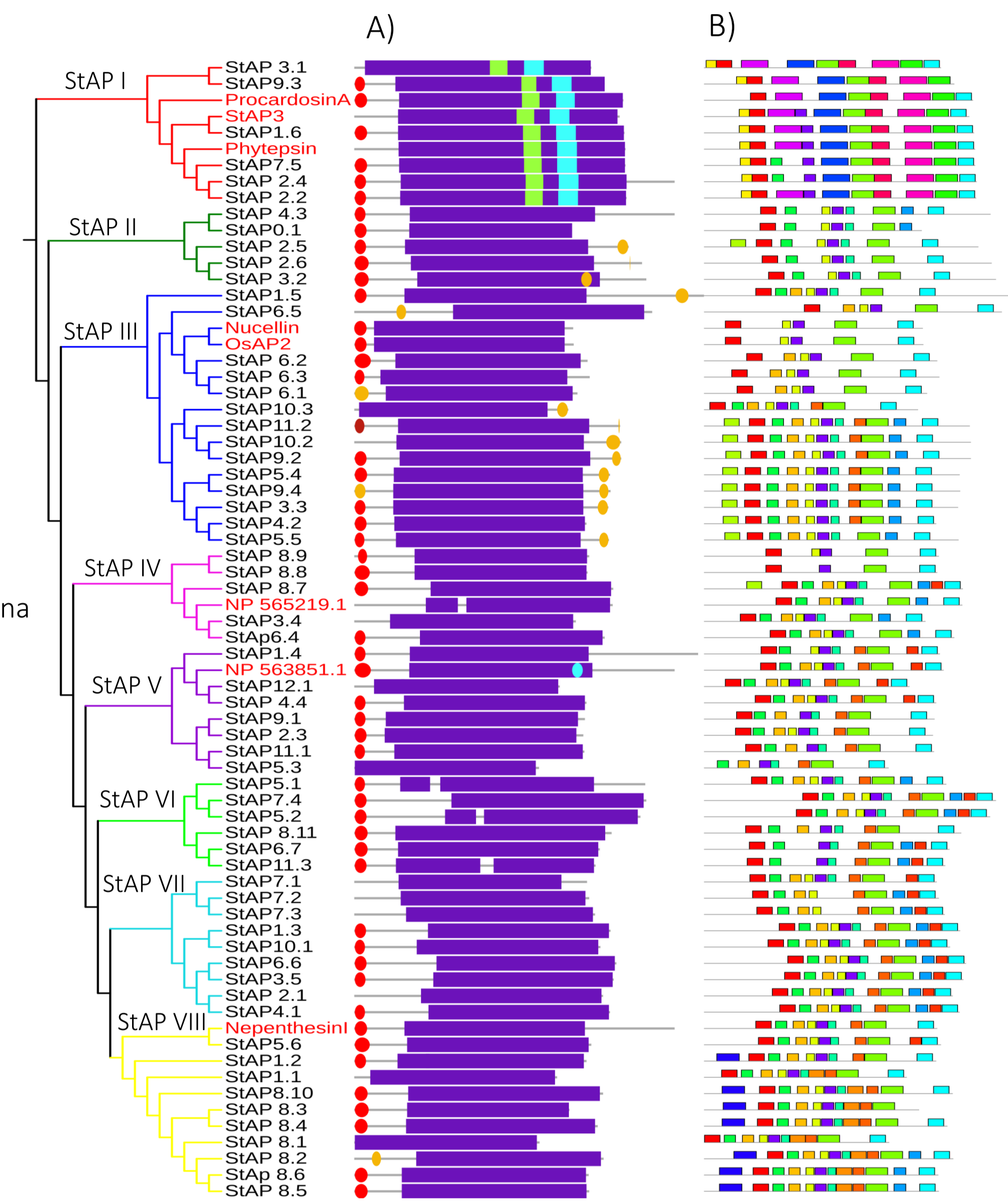
Identificar y caracterizar a la familia de aspartil proteasas en papa (*S. tuberosum*) (StAP) a través de un análisis bioinformático, con el objetivo final de identificar genes candidatos para incrementar la resistencia o tolerancia a diferentes tipos de estrés mediante edición y/o sobreexpresión génica

METODOLOGÍA Y RESULTADOS

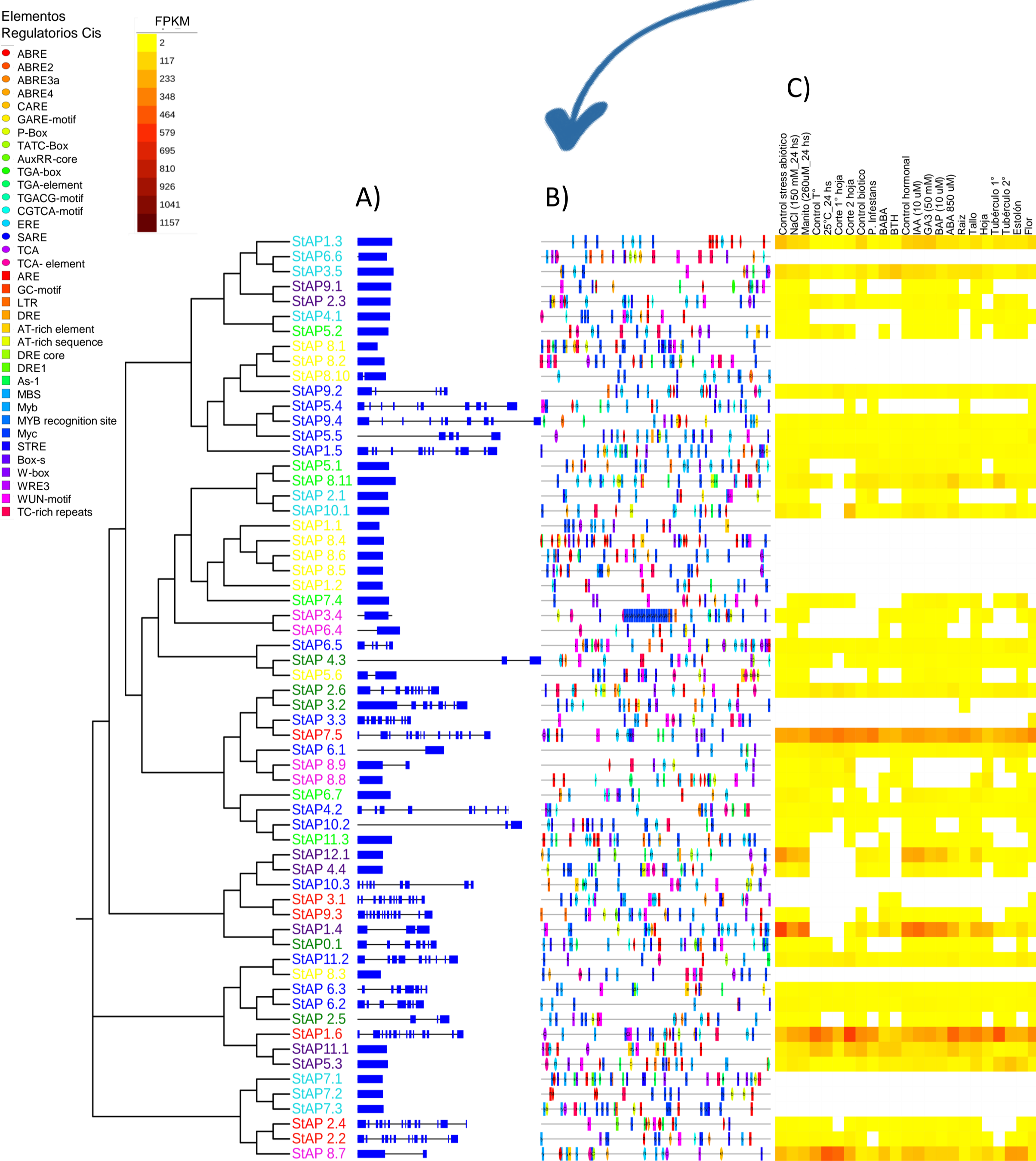


Referencias:

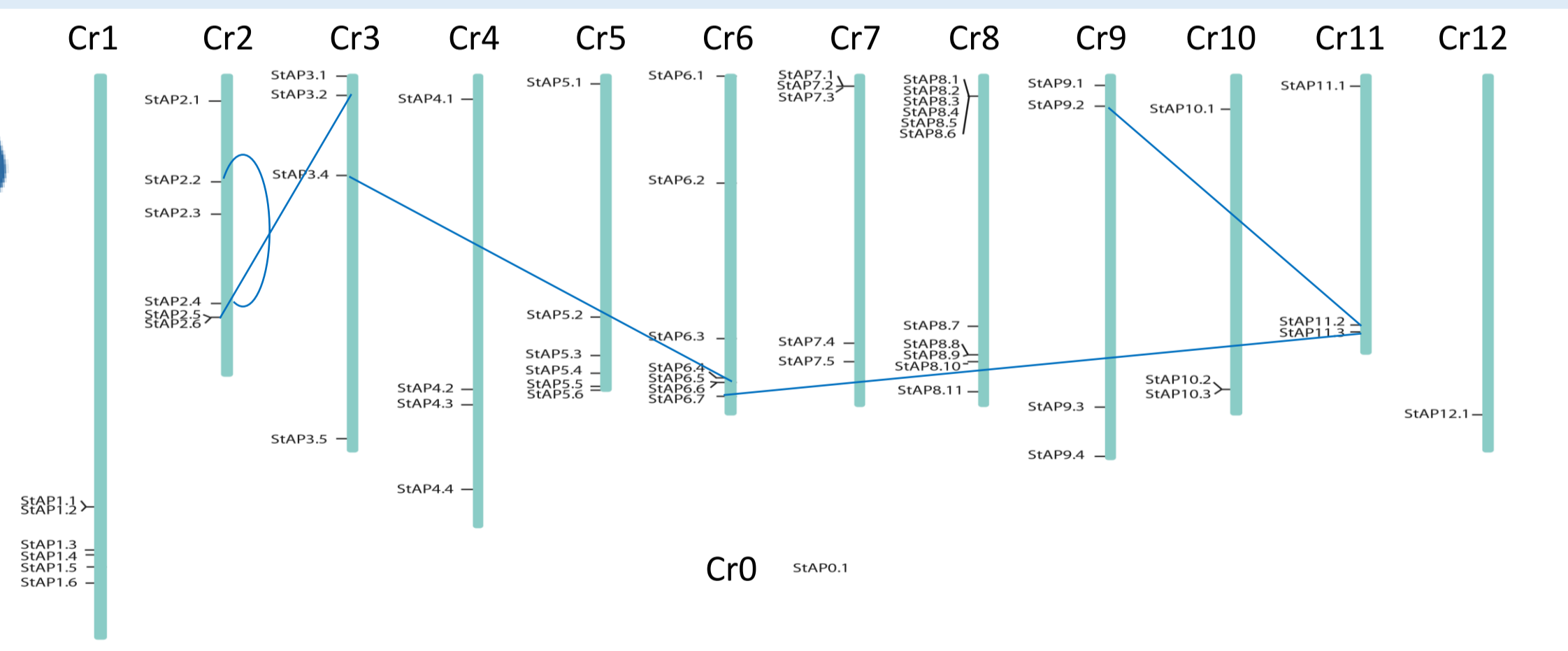
- Péptido señal
- Señal transmembrana
- Coiled-coil
- Asp
- SapB_1
- SapB_2



Árbol filogenético con 62 StAPs y 8 APs referentes. Los grupos se nombran de StAPI a StAPVIII. Se realizó un alineamiento aminoácido múltiple (MAFFT) y la filogenia con Neighbour Joining (Nj) (3,4). A) Estructura primaria analizada en Pfam y ScanProsite. B) Análisis de motivos MEME (5) (secuencias no mostradas). Graficado en iTOL (6,7).



Estructura génica y análisis de expresión de 62 StAP. A) Se indican exones (cajas azules) e intrones (líneas negras). B) Elementos regulatorios Cis en la región promotora (8). C) Mapa de expresión con datos de bibliotecas de RNASeq de papa DM1-3 (9). Escala colorimétrica: N° de frag. por Kb de exones por millón de fragmentos mapeados (FPKM). Árbol de similitud construido a partir de secuencias nucleotídicas en MAFFT con Nj y graficado en iTOL (6,7).



Localización cromosómica en un mapa físico de papa. Se indican fragmentos duplicados.

CONCLUSIONES

- ✓ Se identificaron y caracterizaron 62 aspartil proteasas presentes en el genoma de la papa (*S. tuberosum*) que se organizaron en 8 grupos: StAPI a StAPVIII.
- ✓ Se identificaron dominios y motivos característicos de AP, sitios DTG y DTS entre otros.
- ✓ Los genes se distribuyeron en todos los cromosomas, algunos en tandem y en segmentos duplicados, lo que se refleja en las relaciones filogenéticas observadas. El 44% de los genes de StAP no presentan intrones (27 genes).
- ✓ Se identificaron StAPs que se expresan diferencialmente en distintas condiciones de estrés abiótico, biótico, en distintos órganos de la planta y en respuesta a hormonas. Algunos genes no presentaron expresión en las bibliotecas analizadas.
- ✓ La presencia de elementos regulatorios Cis en regiones promotoras se relaciona con la expresión de los genes bajo estrés biótico y abiótico.

Referencias

1. Rawlings, N.D., Salvesen, G.S. Handbook of Proteolytic Enzymes, 3rd Ed. Elsevier. (2013).
2. Faro C. and Gal S. Curr. Prot. And Peptide Science 6:493-500 (2005).
3. Katoh, Rozewicki, Yamada. Briefings in Bioinformatics 20:1160-1166 (2019).
4. Kuraku, Zmasek, Nishimura, Katoh. Nucleic Acids Research 41:W22-W28 (2013).
5. Bailey TL, Bodén M, Buske FA, Frith M, Grant CE, Clementi L, Ren J, Li WW, Noble WS. Nucleic Acids Research 37:W202-W208 (2009).
6. Letunic I and Bork P. Nucleic Acids Res 39:W475-8. (2007).
7. Letunic I and Bork P. Bioinformatics 23(1):127-8 (2011).
8. Lescot M, Déhais P, Thijs G, Marchal K, Moreau Y, Van de Peer Y, Rouzé P, Rombauts S. Nucleic Acids Res. 1;30(1):325-7 (2002).
9. Potato Genome Sequencing Consortium (PGSC). Nature 475: 189-195 (2011).

Financiamiento

1. PICT 2017-2348. ANPCyT, FONCyT, Argentina.
2. Proyecto INTA PE-I115-Actividad Sobreexpresión de proteínas StAP3 Y StSBT4_1 en papa para incrementar la resistencia a *P. infestans*