

Identificación y caracterización de receptores de ABA en Lúpulo

Luciana Di Sario^{1-2*}, David Navarro³, Ma. Fany Zubillaga¹⁻², Patricia Boeri¹⁻², Gastón A. Pizzio²⁻³



1 Universidad Nacional de Río Negro, Sede Atlántica, Viedma, Río Negro, Argentina. 2 CIT-RIO NEGRO Sede Viedma, Universidad Nacional de Río Negro (UNRN-CONICET), Viedma, Río Negro, Argentina. 3 Institute for Integrative Systems Biology (I2SysBio), Universitat de València-CSIC, Paterna, Valencia, España.

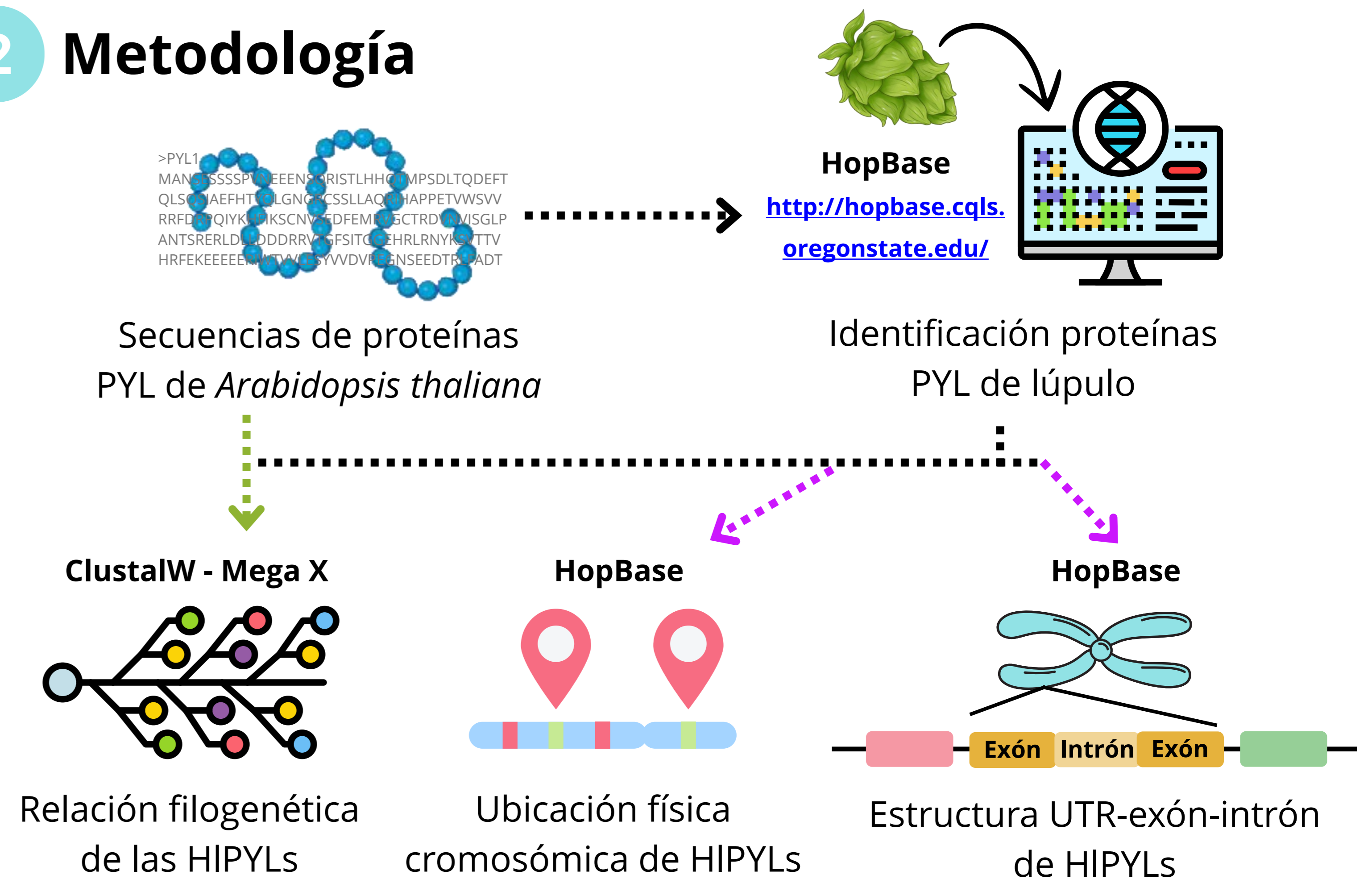
*ldisario@unrn.edu.ar

1 Introducción

Humulus lupulus (lúpulo) es una especie conocida tanto por su papel en la producción de cerveza como por sus compuestos bioactivos con aplicaciones medicinales. No obstante, su cultivo resulta un desafío frente al cambio climático, y es necesario mejorar su resiliencia a las condiciones ambientales adversas. El ácido abscísico (ABA) es una fitohormona detectada por la familia de receptores PYL (PYRABACTIN RESISTANCE1 LIKE) que participa en la regulación de las respuestas de las plantas al estrés abiótico, sin embargo, su caracterización en el lúpulo es limitada.

El objetivo de este trabajo fue identificar y caracterizar *in-silico* los receptores de ABA en lúpulo (HIPYLs).

2 Metodología



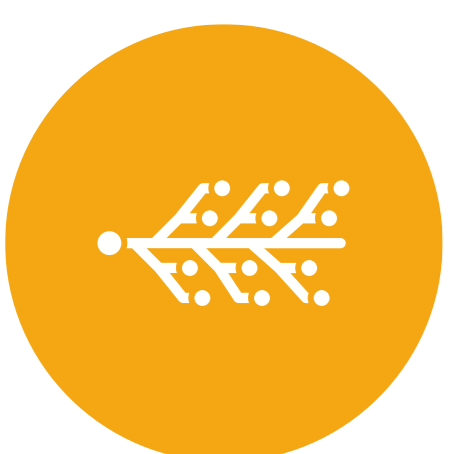
3 Resultados



- Se encontraron 8 genes PYL en el genoma de *Humulus lupulus*, distribuidos de manera desigual en 3 de los 10 cromosomas de esta especie (Fig.1).



- El análisis de la organización UTR-exón-intrón mostró que hay cinco genes sin intrón y tres genes con dos intrones (Fig. 2).
- La estructura génica fue similar en genes de la misma subfamilia.



- El análisis filogenético indica que los HIPYLs podrían clasificarse en tres subfamilias (Fig. 3), resultados que concuerdan con lo observado en *Arabidopsis thaliana* y otras especies.

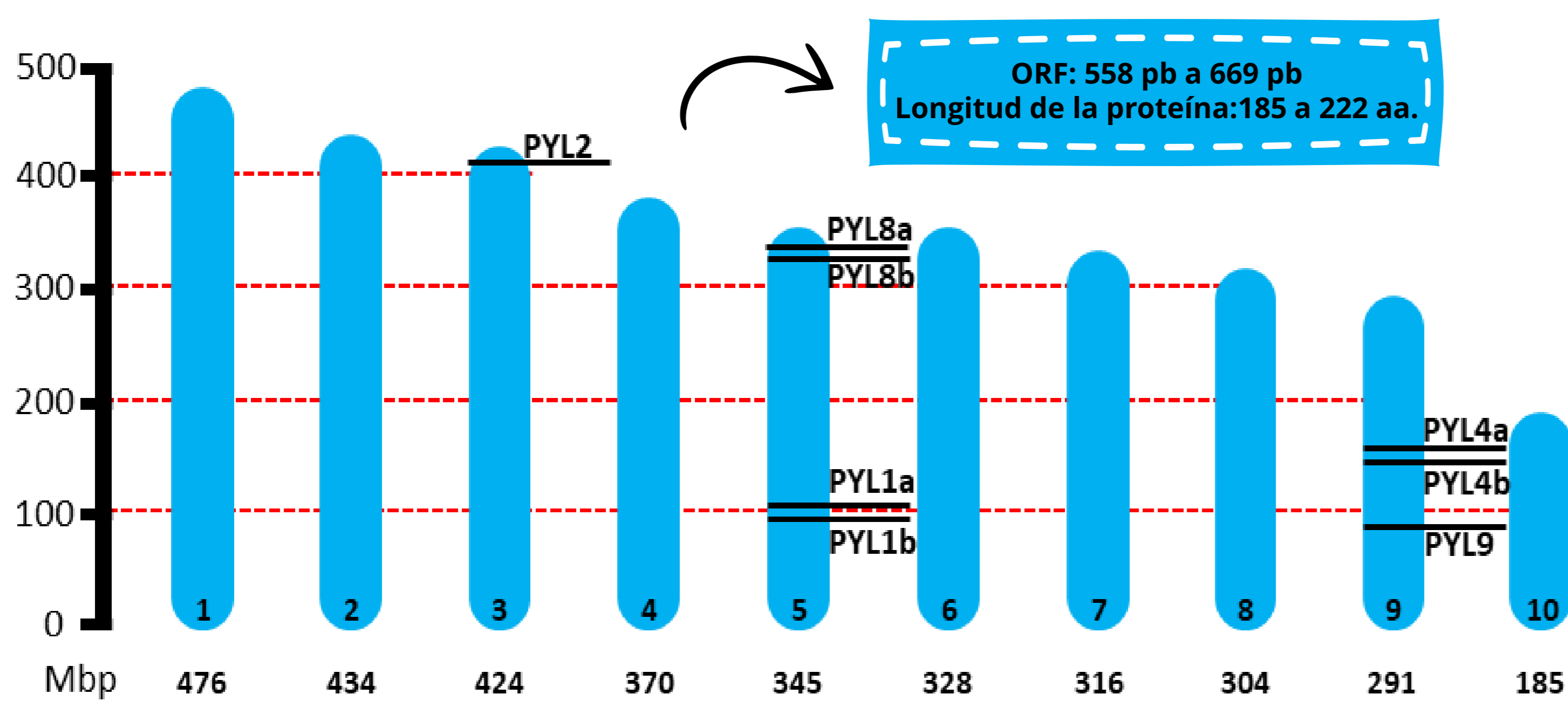


Fig. 1 Localización cromosómica de los 8 genes HIPYL en el genoma de *Humulus lupulus*.

4 Conclusión

Este análisis bioinformático permitió identificar a los receptores de ABA en lúpulo, proporcionando una base para la realización de futuros experimentos (análisis de expresión, análisis topológico y estudios fenológicos) que permitirían la caracterización funcional de estos receptores, y contribuirían a cumplir el objetivo general del proyecto en el que se enmarca este trabajo, el cual se relaciona con la mejora de la tolerancia al estrés hídrico de *Humulus lupulus*.

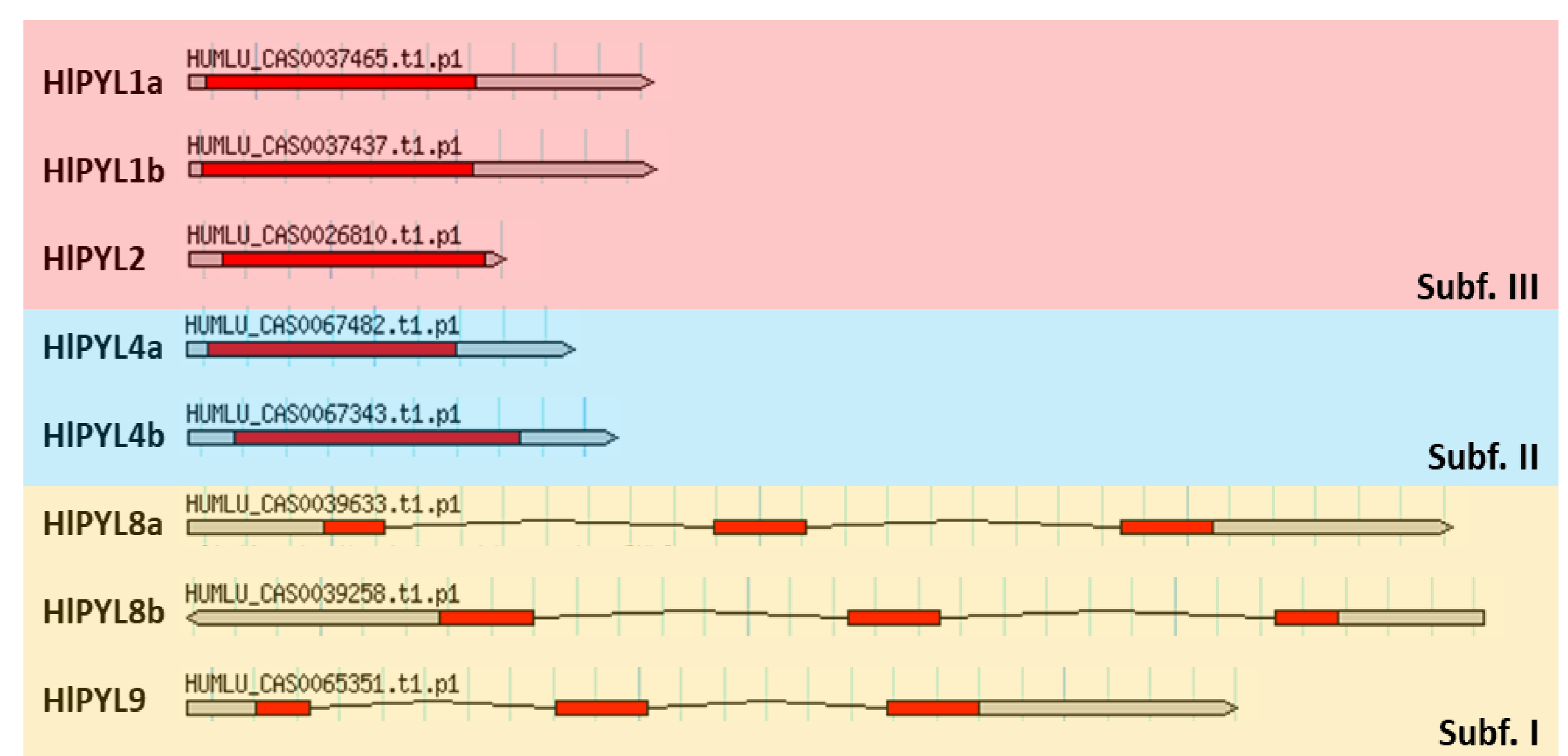


Fig. 2 Estructura de los genes PYL en *Humulus lupulus*.

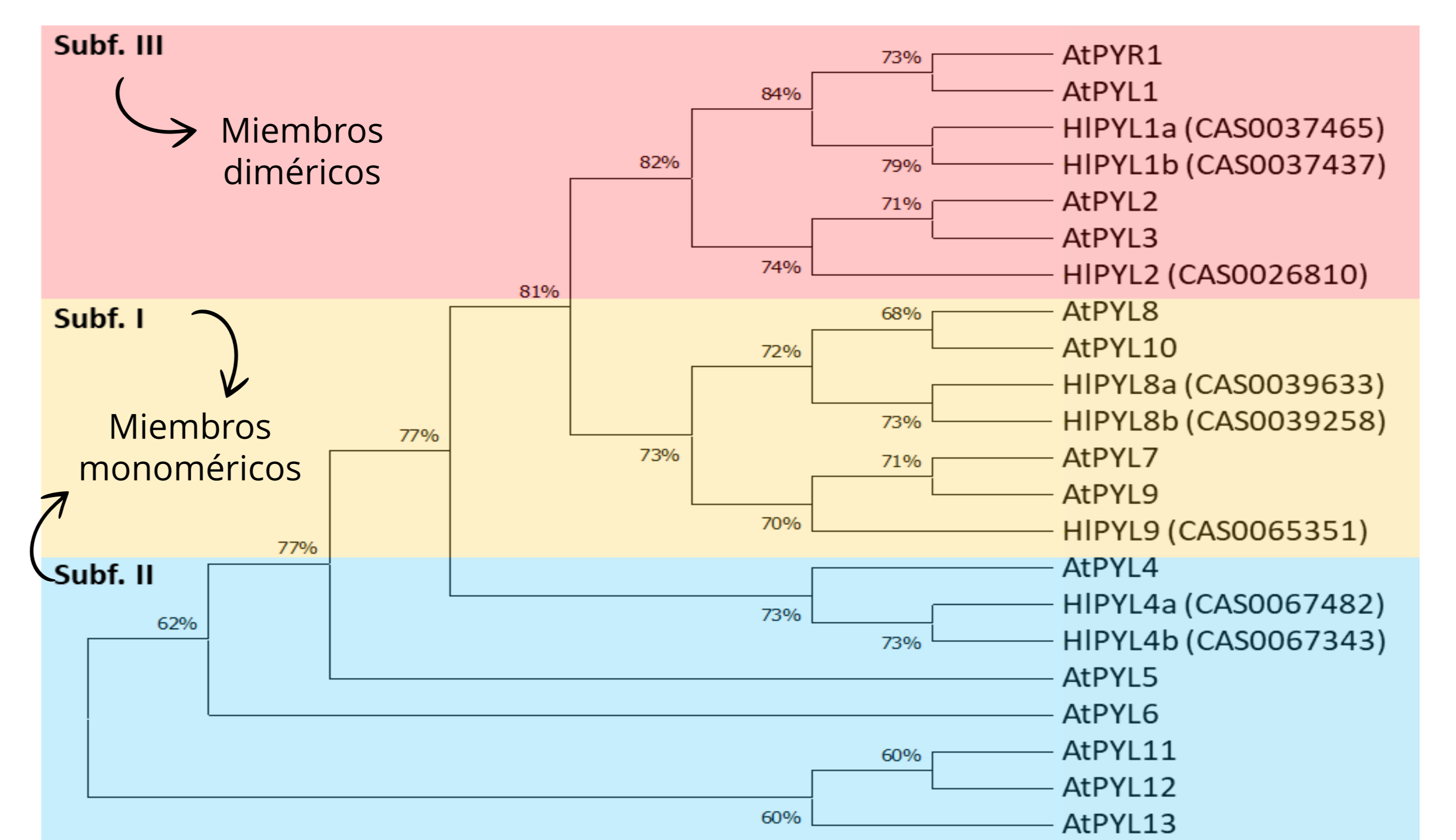


Fig. 3 Análisis filogenético de la familia de genes PYL en *Humulus lupulus* y *Arabidopsis thaliana*.



Escaneá el QR para visualizar resultados complementarios de estudios de expresión génica y alineamientos proteicos.

