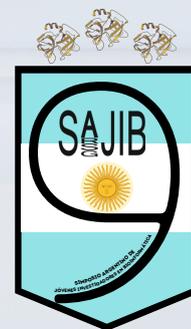


5 Y 6 DE NOVIEMBRE 2024

MODALIDAD PRESENCIAL

RESUMEN 9



Poster 9: 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. ²CIT-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.

Humulus lupulus (lúpulo) es una especie conocida tanto por su papel en la producción de cerveza como por sus compuestos bioactivos con aplicaciones medicinales. Sin embargo, el cambio climático resulta un desafío importante para la producción de este cultivo dado que, para alcanzar su óptimo desarrollo, requiere de condiciones de luz, temperatura e irrigación específicas. Esta característica, junto a la creciente demanda y expansión del cultivo, subrayan la necesidad de mejorar su resiliencia a las condiciones ambientales adversas. En este sentido, 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. Estos receptores han sido ampliamente estudiados en diferentes cultivos, pero su caracterización en lúpulo es aún limitada. Así, el objetivo de este trabajo fue identificar y caracterizar *in-silico* los receptores de ABA en lúpulo (HIPYLs). Para ello, como genoma de referencia se utilizó la base de datos HopBase, y, primeramente, se realizó un BLASTP utilizando como guía las secuencias de 14 proteínas PYL de *Arabidopsis thaliana*. Las secuencias de proteínas identificadas se integraron y analizaron mediante edición manual para eliminar la redundancia, y las proteínas restantes se consideraron como proteínas PYL candidatas al lúpulo. Posteriormente, utilizando la misma base de datos, se determinó la ubicación física cromosómica y la estructura UTR-exón-intrón de los genes HIPYL identificados. Por otro lado, se evaluó la relación filogenética de las

HIPYLs mediante alineaciones de secuencias múltiples de las proteínas PYL identificadas del lúpulo y las 14 proteínas PYL de *Arabidopsis thaliana*, utilizando la herramienta ClustalW y el método de máxima verosimilitud. El árbol filogenético se construyó con el software MEGA X (versión 10.2.6) con un valor de arranque de 1000. Se identificaron 8 genes PYL en el genoma del lúpulo. La ORF y la longitud de la proteína de los HIPYL oscilaron entre 558 pb y 669 pb, y entre 185 y 222 aa, respectivamente. La localización cromosómica mostró que los 8 HIPYLs identificados estaban distribuidos de manera desigual en 3 de los 10 cromosomas de lúpulo (cromosoma 3, 5 y 9), siendo el cromosoma 5 el que poseía el mayor número de genes PYL (4). Los resultados del análisis de la organización UTR-exón-intrón mostraron que hay cinco genes sin intrón: HIPYL1a, HIPYL1b, HIPYL2, HIPYL4a y HIPYL4b; y tres genes con dos intrones: HIPYL8a, HIPYL8b y HIPYL9. Por otro lado, la exploración de la relación filogenética de los HIPYLs arrojó que éstos podrían clasificarse en tres subfamilias. La subfamilia I contenía tres miembros (HIPYL8a,b y HIPYL9), la subfamilia II dos miembros (HIPYL4a,b), y la subfamilia III tres miembros (HIPYL1a,b y HIPYL2). Esta clasificación obtenida concuerda con la organización UTR-exón-intrón observada, dado que genes de la misma subfamilia mostraron estructuras génicas similares. En conclusión, este análisis bioinformático permitió identificar los receptores de ABA en lúpulo proporcionando una base para futuras investigaciones en relación a la caracterización funcional de éstos, y a la mejora de la tolerancia al estrés hídrico de *H. lupulus*.

PALABRAS CLAVES: *Humulus lupulus*, receptores PYL, análisis *in-silico*.



Asociación Argentina de Bioinformática y Biología Computacional