

P12-14 (R12-6)

Estudio del metabolismo de la arginina en etapas tempranas del desarrollo de pino

María Teresa Llebrés Avila, María Belén Pascual Moreno,
Concepción Ávila Saez, Francisco M. Cánovas Ramos
*Departamento de Biología Molecular y Bioquímica, Facultad de
Ciencias, Universidad de Málaga, Málaga, ES*

El nitrógeno es un elemento fundamental y limitante del desarrollo vegetal. Por ello, las plantas han desarrollado mecanismos eficientes para su asimilación, almacenamiento, movilización y reciclaje. En coníferas, el mantenimiento de la economía nitrogenada es de gran importancia a lo largo de su ciclo biológico siendo una de las etapas críticas la germinación y desarrollo primario (King, 1997).

El megagametofito de las semillas de gimnospermas está compuesto mayoritariamente de proteínas de reserva ricas en aminoácidos con una

relación N/C elevada, tales como la arginina. Esto convierte a la arginina en un aminoácido muy importante para el transporte y almacenamiento de nitrógeno. La ruta de biosíntesis de este aminoácido, tanto en procariotas como en eucariotas, es notable por su complejidad y variabilidad a nivel genético, así como por su interconexión con otras vías metabólicas como la biosíntesis de pirimidinas y poliaminas (Cánovas, 2007). Pero a pesar de su importancia en plantas, esta ruta solo ha sido caracterizada parcialmente. Perfiles de expresión en *Arabidopsis* sugieren que algunos genes implicados, como los que codifican para la N-acetilglutamato sintasa (NAGS) o la N-acetilglutamato kinasa (NAGK) se regulan de forma coordinada en respuesta a la demanda de arginina durante el crecimiento y desarrollo de las plantas (Slocum, 2005). Con el objetivo de caracterizar la ruta de síntesis de arginina en *P. pinaster*, se han analizado por qPCR los perfiles de expresión de todos los genes implicados en esta vía metabólica durante las etapas tempranas del desarrollo de pino. Además, puesto que la actividad enzimática de NAGK se regula mediante interacción con PII, hemos expresado de forma recombinante ambas proteínas de pino con el propósito de estudiar su implicación en la regulación del metabolismo del nitrógeno. La localización subcelular de PII, así como los estudios de expresión en diferentes órganos y tratamientos nitrogenados nos proporcionarán información relevante para elucidar su papel biológico en coníferas.