

XXXVI Congreso SEBBM

Madrid, 4-6 de septiembre de 2013

Sociedad Española de Bioquímica y Biología Molecular

P12-15

Biosíntesis de aminoácidos aromáticos: análisis estructural y funcional de la familia *arogenato dehidratasa* en coníferas

Jorge El-Azaz, Fernando de la Torre, Concepción Ávila, Francisco M. Cánovas

Departamento de Biología Molecular y Bioquímica, Universidad de Málaga, Málaga, ES

En las plantas, la actividad enzimática *arogenato dehidratasa* (ADT) cataliza el último paso de la principal ruta de biosíntesis de fenilalanina, un proceso de gran importancia funcional y cuantitativa, particularmente en relación con la síntesis de fenilpropanoides a partir de la fenilalanina. En la actualidad, el conocimiento en torno a la actividad ADT es muy limitado, habiéndose realizado únicamente trabajos de caracterización bioquímica y fisiológica [1, 2, 3]. En *A. thaliana* se han descrito seis genes codificantes de ADT que se dividen en dos grupos filogenéticos bien definidos estructural y funcionalmente. El más primitivo de estos dos grupos está formado por los genes *ADT1* y *ADT2*, que además de la actividad ADT también presentan actividad prefenato dehidratasa (PDT), que se cree está involucrada en una hipotética vía alternativa de síntesis de fenilalanina en plantas, semejante a la ruta existente en algunos grupos de bacterias y hongos [4].

El objetivo de esta línea de trabajo es la caracterización estructural y funcional de la familia de las ADT de gimnospermas, especialmente en relación al uso metabólico de la fenilalanina: síntesis proteica frente a síntesis de fenilpropanoides. La profundización en el conocimiento de la síntesis de fenilalanina en gimnospermas resulta de particular relevancia, pues estas presentan un metabolismo secundario con un elevado grado de diversificación y especialización.

Los resultados obtenidos hasta el momento indican que en *P. pinaster* existen al menos nueve genes codificantes de proteínas homólogas a las ADT de *A. thaliana*, con patrones de expresión bien diferenciados por órganos y estadios de desarrollo. Así mismo, el análisis filogenético de estos nueve genes revela la existencia de un linaje específico en coníferas, presente tanto en *P. pinaster* como en *Picea*. Nuestra hipótesis de trabajo propone que el elevado número de isoformas de la enzima ADT, la posibilidad de que algunas de estas isoformas también presenten actividad PDT, y la existencia de un linaje específico de coníferas, podría ser indicativo del importante papel de estas enzimas en la regulación de la síntesis de fenilalanina en coníferas y del metabolismo secundario dependiente de este aminoácido.

Bibliografía

[1] Cho, M.H. *et al. J Biol Chem.* 282, 30827-30835 (2007).

[2] Corea, O.R. *et al. Phytochemistry* 82, 22-37 (2012).

[3] Maeda, H. *et al. Plant Cell* 22, 832-849 (2010).

[4] Brown, K.D. *et al. Genetics* 60, 31-48 (1968).