

ANÁLISIS DE EXPRESIÓN E IDENTIFICACIÓN DE LA FAMILIA DE GENES DE PIRUVATO DESCARBOXILASA (FaPDC) EN *FRAGARIA X ANANASSA*

Hormazábal-Abarza, F.¹; Sáez, D.^{1,2}; Rodríguez-Arriaza, F.¹; Méndez-Yáñez, A.¹; Gil I Cortiella, M.³; Morales-Quintana, L.^{1*}

1 Multidisciplinary Agroindustry Research Laboratory, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile. Cinco Poniente #1670 Talca, Región del Maule. Chile.

2 Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas, Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Autónoma de Chile, Chile.

3 Multidisciplinary Agroindustry Research Laboratory, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería, Universidad Autónoma de Chile. Santiago. Chile.

luis.morales@uautonoma.cl

PALABRAS CLAVE: compuestos volátiles, estadios de maduración, esteres volátiles; *Fragaria x ananassa*, maduración de frutos, piruvato descarboxilasa.

El aroma en frutilla comercial (*Fragaria x ananassa*) es una característica compleja que contribuye significativamente a la calidad de la fruta, en este sentido, los principales responsables de la calidad aromática en un fruto son los compuestos orgánicos volátiles (VOCs), los que corresponden principalmente a compuestos tipo: alcoholes, aldehídos y ésteres. Durante el desarrollo del fruto, especialmente en la maduración, hay muchos cambios en la acumulación de estos metabolitos incrementando su síntesis, transporte o degradación a medida que el fruto se desarrolla. Se ha descrito que la enzima piruvato descarboxilasa (PDC) tiene participación en la generación del aroma del fruto maduro a través de su participación en la fermentación etanólica en frutilla. Por tal razón, la metodología de análisis de este trabajo, consistió en buscar todos los miembros codificantes para la enzima PDC en el genoma de *F. ananassa*, se analizaron los cambios de expresión relativa de genes codificantes para esta enzima en distintos estadios de maduración de frutos de frutilla, se determinaron las diferencias transcripcionales de estos transcritos y se obtuvo el modelamiento 3D de las distintas isoformas de PDC obtenidas. Finalmente, se evaluaron los VOCs mediante

análisis SPME-GC-MS. Los resultados mostraron que existen al menos 9 genes codificantes para enzimas PDC en el genoma de frutilla, su estructura 3D resultó ser acorde a los dóminos descritos para esta familia, encontrando diferencias mínimas entre ellas (<2 Å de RMSD), se determinó que el perfil transcripcional de *FaPDC4*, *FaPDC8* y *FaPDC9* tendrían un incremento en la expresión a medida que el fruto maduro, mientras que los genes *FaPDC1*, *FaPDC2*, *FaPDC3* y *FaPDC7* mostraron una expresión constante a medida que el fruto madura. Por su parte, *FaPDC6* sólo mostró expresión en estadio 50%maduro y *FaPDC5* no mostró expresión en frutos. Adicionalmente, se analizó los elementos en *cis* de la región promotora de los genes, encontrando que *FaPDC4*, *FaPDC8* y *FaPDC9* tendrían elementos de respuesta a ácido abscísico (ABA), al realizar un análisis de expresión relativa sobre frutos tratados con ABA exógeno, mostraron incremento de expresión, indicando una posible regulación de parte de esta fitohormona sobre dichos genes. Finalmente, el análisis de los VOCs, mostró que los compuestos tipo ésteres son los más importantes.