

Glutamato sintasas de coníferas: estructura génica y estudios filogenéticos

Ángel García-Gutiérrez, Francisco M. Cánovas y Concepción Ávila

Grupo de Biología Molecular y Biotecnología de Plantas, Universidad de Málaga, 29071-Málaga, Spain

E-mail: aggtez@uma.es

Las plantas sintetizan glutamato a partir de amonio por la actividad combinada de las enzimas glutamina sintetasa (GS) y glutamato sintasa (GOGAT). En plantas, hay dos formas de glutamato sintasa que difieren en sus donadores de electrones, NADH-GOGAT (EC 1.4.1.14) y Fd-GOGAT (EC 1.4.7.1). Son flavoproteínas complejas de hierro y azufre que contienen dominios involucrados en el control y coordinación de sus actividades catalíticas. En coníferas, se han aislado las secuencias parciales de cDNA para GOGAT y se han usado para estudios de expresión génica. Sin embargo, el conocimiento de la estructura génica y las relaciones filogenéticas con otras enzimas vegetales es bastante escasa.

Los avances tecnológicos en la secuenciación de megagenomas de coníferas han permitido obtener las secuencias completas de cDNA que codifican Fd- y NADH-GOGAT de pino marítimo, así como clones BAC que contienen secuencias para genes de NADH-GOGAT y Fd-GOGAT. Hemos estudiado la organización genómica de los genes GOGAT de pino, el tamaño de sus exones / intrones, número de copias en el genoma y relaciones con otros genes de plantas. Se ha realizado un análisis filogenético, y el estudio del grado de preservación de los dominios clave para la actividad catalítica de estas enzimas en diferentes taxa.

Nuestra conclusión es que Fd- y NADH-GOGAT están codificadas por genes de una sola copia en el genoma de pino marítimo. El gen que codifica a Fd-GOGAT es extremadamente grande y abarca más de 330 kb. La presencia de intrones muy largos resalta la importante contribución de los retrotransposones tipo LTR en el tamaño del genoma de las coníferas. Por el contrario la estructura del gen de NADH-GOGAT es similar a la de sus ortólogos en angiospermas. Nuestro análisis filogenético indica que estos dos genes tenían orígenes diferentes durante la evolución de las plantas. Estos resultados proporcionan nuevos conocimientos sobre la estructura y evolución molecular de estos genes esenciales.

Bibliografía:

Seoane-Zonjic P, Cañas RA, Bautista R, Gómez-Maldonado J, Arrillaga I, Fernández-Pozo N, Claros MG, Cánovas FM, Ávila C. 2016. Establishing gene models from the *Pinus pinaster* genome using gene capture and BAC sequencing. *BMC Genomics* 17:148.

García-Gutiérrez A, Cánovas FM, Ávila C. 2018. Glutamate synthases from conifers: gene structure and phylogenetic studies. *BMC Genomics* 19: 65.

Financiación: Proyectos: Plant KBBE program (PLE2009–0016), ProCoGen Project (FP7-KBBE-289841), MINECO (BIO2015–69285-R) y Junta de Andalucía (BIO-474).