

O33

Disección del metabolismo de la baya de vid durante el desarrollo mediante las técnicas de proteómica cuantitativa DIGE e iTRAQ

María José Martínez Esteso¹, María Teresa Vilella¹, Juan Casado Vela², Susana Selles Marchart¹, María Ángeles Pedreño³, Roque Bru¹

¹Dpto. Agroquímica y Bioquímica. Facultad de Ciencias. Universidad de Alicante; ²Translational Oncology Unit. Centro Nacional de Biotecnología; ³Dpto. Fisiología Vegetal. Facultad de Biología. Universidad de Murcia

mjose.martinez@ua.es

La vid es uno de los cultivos frutícolas más importantes a nivel mundial. El fruto presenta una curva de crecimiento doble sigmoidal que comprende dos fases del desarrollo separadas por una fase estacionaria previa al envero [1]. En este trabajo se ha analizado el proteoma de la piel y pulpa de la baya de *Vitis vinifera* cv. Muscat Hamburg a lo largo del desarrollo mediante dos estrategias de proteómica cuantitativa, DIGE e iTRAQ. Con ambas técnicas, se identifican y cuantifican 154 y 411 proteínas, respectivamente, para la primera fase del desarrollo del fruto en pericarpo y 67 y 613 proteínas, para la segunda fase de maduración en mesocarpo [2,3]. El análisis del exocarpo en maduración permitió cuantificar 513 proteínas mediante iTRAQ [4]. Se realizó un análisis de anotación funcional y de enriquecimiento de términos GO para las proteínas detectadas mediante el software Blast2GO [5] detectando aquellos términos de procesos biológicos, componentes celulares y función molecular enriquecidos a lo largo del desarrollo del fruto.

Este estudio a gran escala del proteoma diferencial de la baya de vid en exocarpo y mesocarpo aporta información valiosa en cuanto a procesos y rutas metabólicas involucradas tanto en el desarrollo como en la calidad del fruto y sus productos derivados [3]. Cabe destacar los procesos del metabolismo y almacenamiento de azúcares y malato directamente implicados en el balance azúcar/ácido, metabolismo energético (fotosíntesis, respiración y fermentación), metabolismo de aminoácidos y nitrógeno, y síntesis de polifenoles como principales metabolitos secundarios en la vid. Todos estos procesos determinan la calidad final de los frutos de suma importancia en la industria vitivinícola. En conclusión, se han detectado proteínas desreguladas en puntos específicos del desarrollo no detectadas hasta el momento y se han formulado nuevas hipótesis de los procesos metabólicos que acontecen a lo largo del desarrollo del fruto lo que permite abrir nuevas líneas de investigación en la búsqueda de parámetros que controlen el desarrollo y maduración de las bayas de vid.

[1] Coombe BG. Research on development and ripening of the grape berry. *Am J Enol Vitic* 1992; 43:101-110.