

IDENTIFICACIÓN DE LAS ISOFORMAS DEL GEN CODIFICANTE PARA LA ENZIMA ALCOHOL ACILTRANSFERASA DE *FRAGARIA X ANANASSA*

Rodríguez-Arriaza, F.¹; Méndez-Yáñez, A.¹; Gil I Cortiella, M.²; Parra-Palma, C.¹; Ramos, P.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 Multidisciplinary Agroindustry Research Laboratory, Instituto de Ciencias Aplicadas, Facultad de Ingeniería. Universidad Autónoma de Chile, Chile.

3 Instituto de Ciencias Biológicas, Universidad de Talca. Avenida Lircay s/n, Talca, Región del Maule. Chile.

franciscarodriguezarriaza@gmail.com

PALABRAS CLAVE: frutos no climatéricos, aroma, ésteres volátiles, ácido abscísico, maduración.

Fragaria x ananassa, es el resultado del cruzamiento entre *Fragaria chiloensis* y *Fragaria virginiana*. Es considerada como modelo de estudio de frutos no climatéricos, teniendo una gran importancia comercial y biológica debido a sus cualidades organolépticas como textura, sabor y aroma. En relación a este último parámetro, las principales moléculas involucradas en frutilla, son los ésteres volátiles, que son generados por reacciones de esterificación entre alcoholes y acil coenzima A, catalizadas por la enzima alcohol aciltransferasa (AAT). Por lo tanto, los cambios en la composición de ésteres volátiles de *F. x ananassa* pueden estimarse indirectamente mediante la identificación y caracterización de las diferentes isoformas del gen codificante para AAT. A la fecha, sólo dos isoformas de AAT han sido descritas (SAAT y FaAAT2), por lo tanto conocer todas las isoformas presentes en el fruto podría ayudar a comprender de mejor forma los procesos de producción de aroma a nivel molecular. El objetivo de este trabajo fue realizar la caracterización

estructural, transcripcional y bioquímica de todas las isoformas de AAT presentes en *F. x ananassa*, utilizando herramientas bioinformáticas y experimentales. De acuerdo con lo anterior, se encontraron seis isoformas que comparten todas las regiones conservadas para otras aciltransferasas, distribuidas en el subgrupo II y III. A nivel de estructura génica, las seis isoformas presentan estructuras genómicas similares. El análisis de los promotores permitió determinar que SAAT y FaAAT2, tienen respuesta tanto a ácido abscísico (ABA) y auxina; mientras que FaAAT3, FaAA4, FaAAT5 y FaAAT6 sólo a ABA. Por otra parte, la predicción de estructura secundaria demostró que FaAAT2 y FaAAT5 presentan gran identidad estructural entre ellas. A nivel fisiológico, los tratamientos con ABA en frutos, generaron un cambio en la coloración en el estadio blanco. Finalmente, se cuantificaron los niveles de transcritos de las seis isoformas mediante qPCR, demostrando diferentes niveles de expresión en AAT.