



EXPRESIÓN DIFERENCIAL EN RESPUESTA A LAS RELACIONES DE AZÚCAR Y POLIMORFISMOS DE LOS TRANSPORTADORES HXT1 Y HXT3 DE *S. cerevisiae*

María Tamayo Ordoñez, Erika De la Cruz Arguijo, Ma. del Socorro Ramírez González, C. Patricia Larralde Corona, José A. Narváez Zapata. Centro de Biotecnología Genómica-Instituto Politécnico Nacional. Blvd. Del Maestro, S/N. Col. Narciso Mendoza. Reynosa, Tamaulipas. CP. 88710. E-mail: jnarvaez@ipn.mx

Palabras clave: Polimorfismos, HXT, fructofilia

Introducción. A partir de mostos de Agave se elabora tequila y mezcal, estos se caracterizan por poseer concentraciones de fructosa/glucosa ($90:10 \text{ gL}^{-1}$). Las levaduras consumen primero la glucosa dejando fructosa residual, disminuyendo así la calidad de las bebidas (1). La preferencia al consumo de azúcares puede ser debida a los transportadores de hexosas HXT, algunos de los cuales (HXT1 y HXT3) han mostrado polimorfismos específicos (2). Este trabajo analiza la relación entre estos polimorfismos y la transcripción de HXT1 y HXT3 bajo diferentes relaciones de glucosa/fructosa.

Metodología. Se construyeron librerías de los genes HXT1 y HXT3, para las cepas 3Y8, Fermichamp (~fructófilas) y 3Y4 (glucofílica). Se determinó la red mínima de haplotipos (Network v.4.6) incorporando secuencias del genbank, la estructura terciaria (Swiss Model), las firmas del dominio BNG (weblogo tool v.2.8), y la expresión de HXT1 y HXT3 por RT-qPCR cultivando las levaduras en M1 y M2 (2), por 48, 96 y 122 h.

otras 17 levaduras de aplicación industrial. La estructura terciaria del HXT1 no presenta diferencias entre haplotipos, pero en HXT3 sí se observaron polimorfismos en la región de reconocimiento al azúcar (BNG), encontrándose que la firma "ISSTMVTPFLTTL" es específica para 3Y8 (Fig. 1). Hasta ahora los perfiles de expresión empleando los oligos de las firmas redundantes indican que el gen HXT1 se expresa entre 3 y 4 veces más que el HXT3, y la expresión de ambos es activada por altas concentraciones de fructosa. Sin embargo, está pendiente el análisis de expresión para la firma específica ISSTMVTPFLTTL de las cepas fructófilas.

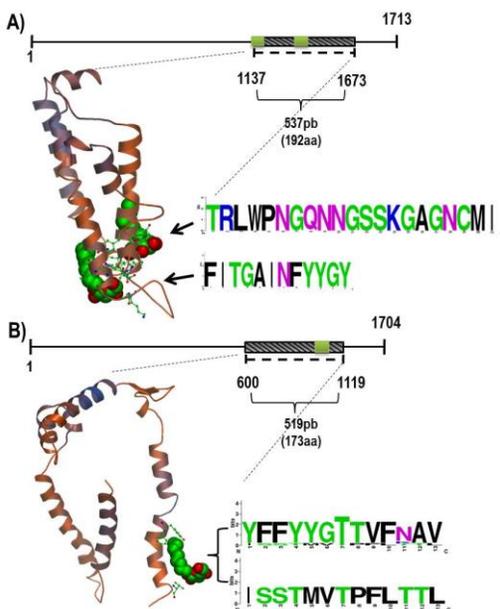


Fig. 1. Análisis del gen HXT1 (A) y HXT3 (B) mostrando la longitud, la estructura terciaria, el dominio BNG y las firmas obtenidas.

Resultados. Se obtuvieron 73 secuencias (~500 pb) de los genes HXT3 y HXT1 donde el primero presenta 3 veces más haplotipos (n=45). 3Y8 y fermichamp poseen haplotipos únicos para HXT1 y HXT3, no presentes en

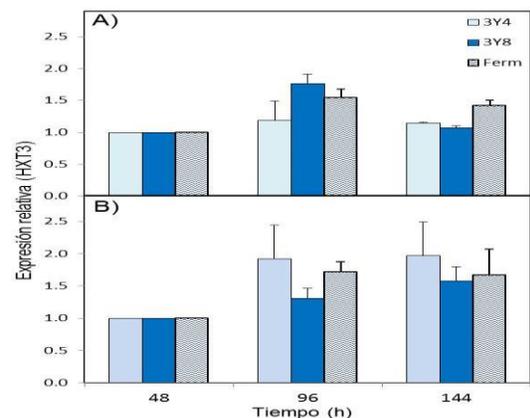


Fig. 1. RT-qPCR con oligos de la firma redundante del gen HXT3 realizado por triplicado en medio G/F (9:1) (A) y G/F (1:9) (B).

Conclusiones. El análisis del gen HXT3 mostró polimorfismos en la región BNG, específicamente en la cepa fructófila 3Y8. La expresión del gen HXT1 es mayor en todas las condiciones al del HXT3. Ambos genes son sobre expresados en presencia de altas concentraciones de fructosa.

Agradecimiento. A los proyectos SIP 2015-1149 y 2015-1484, así como del CONACyT FOMIX-Tamaulipas 193682 y Ciencia Básica 2013-01-221289.

Bibliografía.

- Gonçalves, D. L., Matsushika, A., Belisa, B., Goshima, T., Bon, E., Stambuk, B.U. (2014). *Enzyme and microbial technology*, 63, 13-20.
- Olivia-Hernandez, A.A., Taillandier, P., Resendez-Perez, D., Narvaez-Zapata, J.A., Larralde-Corona, C.P. (2013). *Antonie van Leeuwenhoek* 103, 833-843.