

EVOLUCIÓN MOLECULAR DE LOS GENES *BADH*

MOLECULAR EVOLUTION OF *BADH* GENES

Juan Porfirio Legaria Solano

¹Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo. Km. 38.5 Carr. México-Texcoco. C.P. 56230 Chapingo, Edo. de México. Tel: 01 (595) 952-1642. Correo electrónico: jlegaria@taurus1.chapingo.mx

RESUMEN

Se hizo un análisis comparativo entre 18 secuencias de aminoácidos de enzimas Betaina Aldehído Deshidrogenasas (*BADH*), que participan en la síntesis del osmoprotector glicina betaina, en algunas especies vegetales pertenecientes a familias económicamente importantes, como *Chenopodiaceae*, *Amaranthaceae*, *Brassicaceae*, *Acanthaceae* y *Poaceae*. El objetivo fue estudiar la evolución molecular de la vía de síntesis de la glicina betaina y de los genes que codifican para las enzimas que en ella participan, a fin de definir estrategias que permitan transferir la vía de síntesis a especies de interés agronómico que carecen de la misma, y así conferirles tolerancia a sequía, salinidad y frío. La comparación de las secuencias y el análisis filogenético se llevó a cabo con los programas de cómputo ClustalX y ClustalW. Se encontró que las proteínas *BADH* de especies dicotiledóneas están filogenéticamente más relacionadas entre sí que con aquellas de monocotiledóneas. Las *BADH*s de amaranto (*Amaranthus hypochondriacus* L.) mostraron entre sí sólo 12 aminoácidos sustituidos (98 % de identidad), lo que sugiere que la evolución de dichas enzimas constituye un evento relativamente reciente. La estructura y la secuencia codificadora de los genes *BADH* de amaranto (dicotiledónea) y de arroz (*Oryza sativa* L.) (monocotiledónea) se ha conservado a través del proceso evolutivo; sin embargo, en el gen del arroz algunos de los intrones son más pequeños. Las evidencias sugieren que las enzimas *BADH* de plantas han divergido en el sitio donde realizan su actividad, en los cloroplastos y los peroxisomas

Palabras clave: Evolución, genes, betaina aldehído deshidrogenasa (*BADH*), osmoprotección.

SUMMARY

A comparative analysis among 18 Betaine Aldehyde Dehydrogenase (*BADH*) amino acid sequences was done. *BADH* enzymes participate in the synthesis of glycinebetaine osmolyte in plant species of economic importance, such as in *Chenopodiaceae*, *Amaranthaceae*, *Brassicaceae*, *Acanthaceae* and *Poaceae*. The molecular evolution of glycinebetaine synthesis pathway and the involved genes, in relation to regulatory sequences and intracellular localization, were analyzed as a step toward molecular genetic manipulation of the betaine pathway in plants. The amino acid sequence analyses and phylogenetic tree construction were based on sequence alignment obtained with the ClustalX and ClustalW software. The deduced amino acid sequences show that *BADH* enzymes of dicotyledonous species are closely related. Dicotyledonous and monocotyledonous *BADH* enzymes are phylogenetically distant. The homology between two *BADH*s from amaranth (*A. hypochondriacus*) was high (98 %), with only 12 amino acid substitutions. This suggests that the evolution of amaranth *BADH*s constituted relatively recent events. The *BADH* gene structure and protein coding sequence were conserved during evolution in amaranth (dicotyledonous) and rice (*Oryza sativa* L.) (monocotyledonous); nevertheless, the rice gene contain more small size introns than the amaranth *BADH* gene. The plant *BADH* enzymes had significantly different subcellular localization, chloroplasts and peroxisomes

Index words: Evolution, genes, betaine aldehyde dehydrogenase (*BADH*), osmoprotection.