

Seminario de Química Orgánica

Miércoles 1 de octubre de 2025, 13 hs.

AULA SEMINARIO DQO – 3º piso – PAB. II – CIUDAD UNIVERSITARIA

"Descifrando el Genoma de la Yerba Mate: Evolución, Proteínas y Metabolitos".

Dr. Adrián Gustavo Turjanski

Departamento de Química Biológica, IQUIBICEN-CONICET, FCEN, UBA

La yerba mate (YM, *Ilex paraguariensis*) es la bebida emblema argentina y un cultivo de importancia económica global ya que es la tercera infusión con cafeína más consumida en todo el mundo. En este trabajo generamos una versión del genoma de esta especie, que tiene una longitud total de 1,06 Gb y contiene 53.390 genes codificantes de proteínas. Los análisis comparativos revelaron que el gran tamaño del genoma de YM se debe en parte a una duplicación del genoma completo (Ip- α) durante la historia evolutiva temprana de *Ilex*, además del evento de hexaploidización (γ) compartido por las eudicotiledóneas centrales. La caracterización del genoma nos permitió estudiar con herramientas bioquímicas, bioinformáticas y estructurales los genes que codifican las enzimas metiltransferasas que catalizan múltiples reacciones necesarias para la producción de cafeína. Para nuestra sorpresa, esta especie ha convergido en una ruta bioquímica diferente en comparación con la del café y el té. Para comprender mejor la base estructural de las actividades enzimáticas convergentes, obtuvimos una estructura cristalina para la enzima terminal en la ruta que forma la cafeína. La estructura revela que se han desarrollado soluciones convergentes para el posicionamiento del sustrato, ya que los diferentes residuos de aminoácidos facilitan una orientación distinta del sustrato, lo que permite una metilación eficiente en las enzimas que evolucionaron independientemente en YM y el café.