

## Introducción

La **S-acilación** es una modificación post-traduccional (MPT) reversible en la que los ácidos grasos saturados (principalmente el ácido palmítico) se unen a residuos específicos de cisteína mediante enlace tioéster por la acción de enzimas **S-acil-transferasas (PATs)** (Figura 1). La **S-acilación** regula procesos vitales en la función celular como la respuesta a estrés biótico y abiótico, asociación de proteínas a membrana, transporte, señalización hormonal, polarización y expansión celular, y organización del citoesqueleto [1]. El **principal objetivo** de este trabajo es determinar de forma predictiva el impacto potencial de la **S-acilación** y enzimas PATs en la función biológica del polen y su relevancia en el proceso reproductivo de un cultivo oleaginoso como el olivo. Estas predicciones bioinformáticas están siendo validadas experimentalmente.

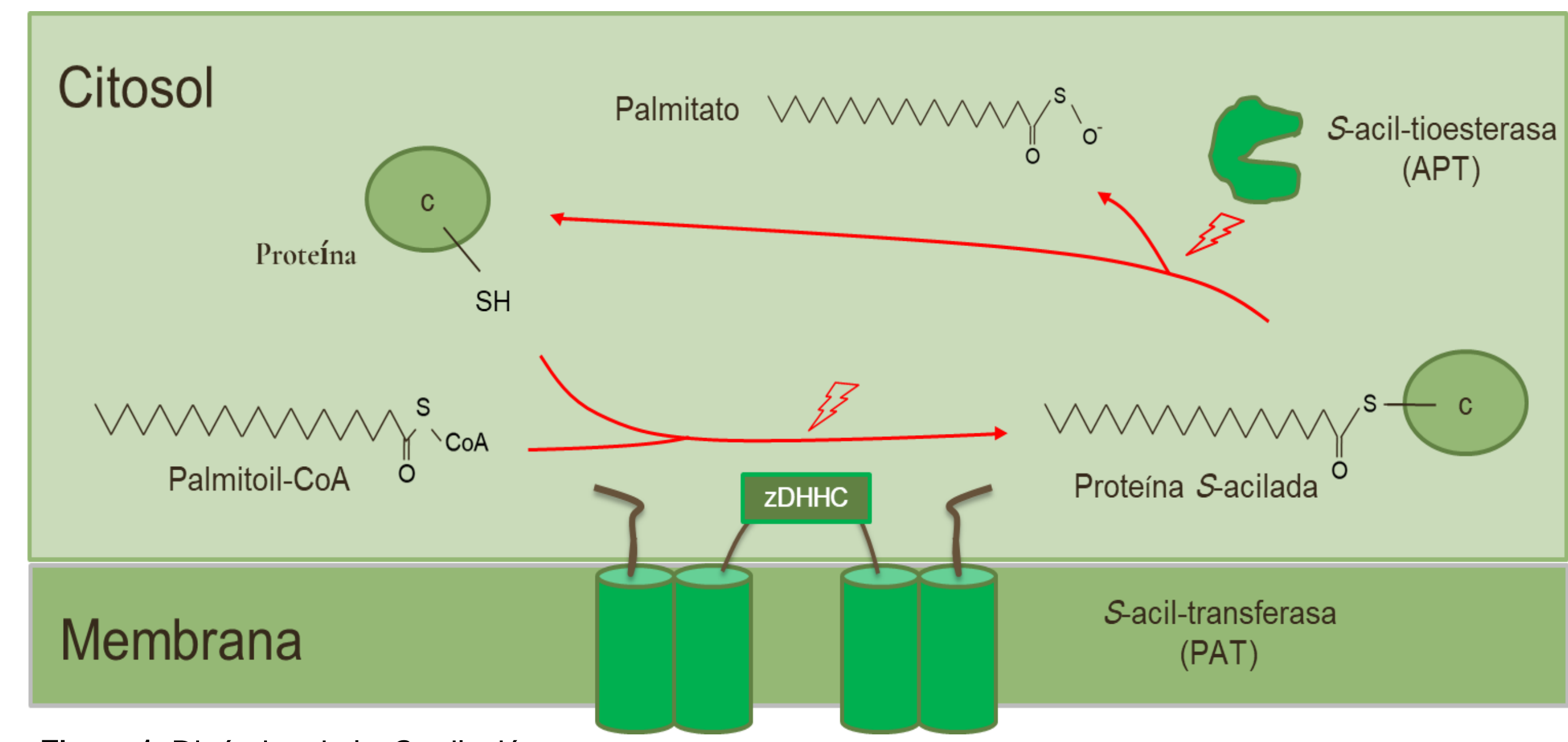
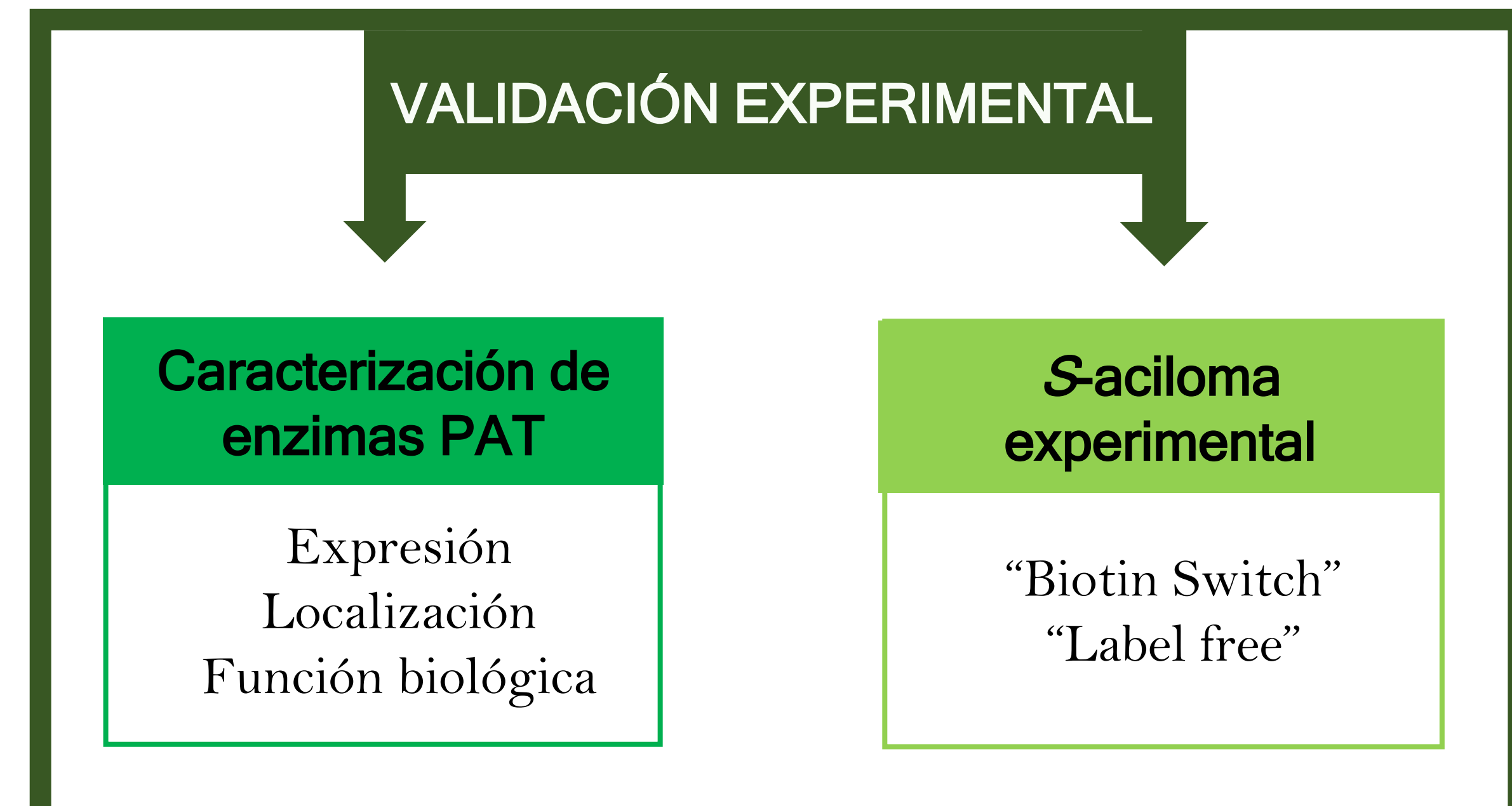
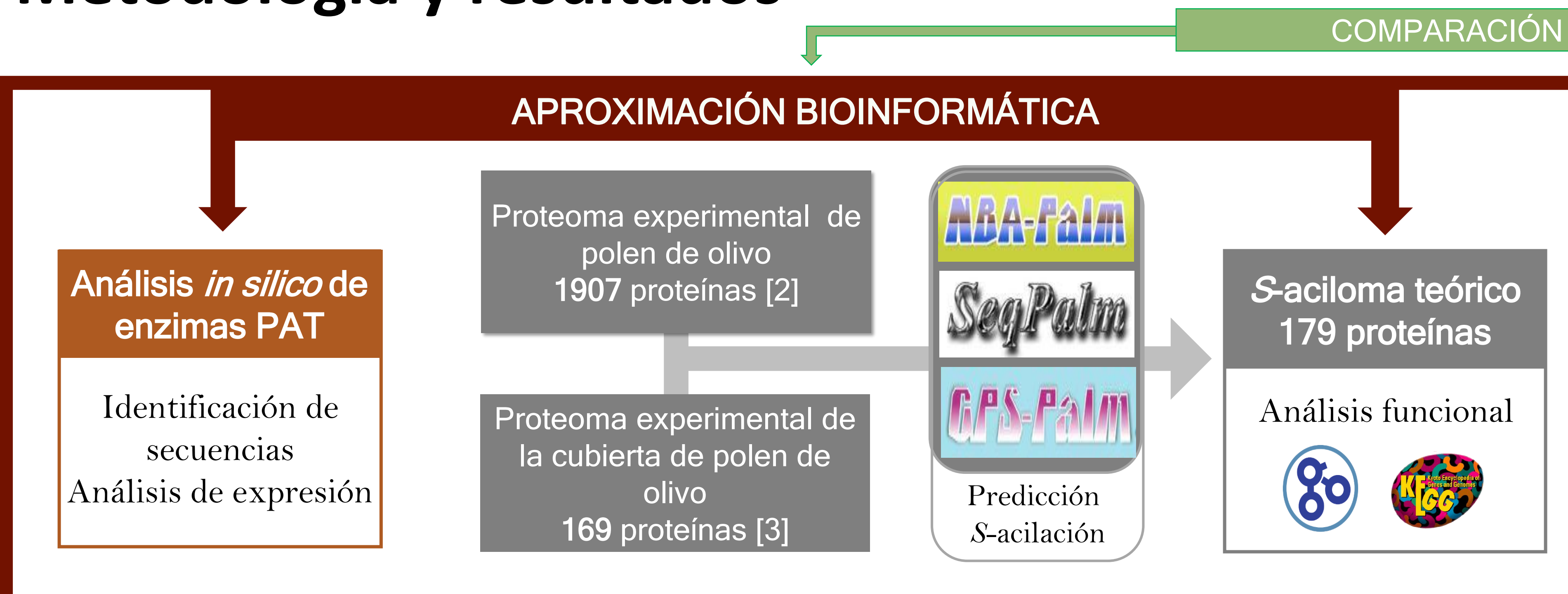


Figura 1. Dinámica de la S-acilación.

## Metodología y resultados



### Análisis funcional del S-aciloma teórico

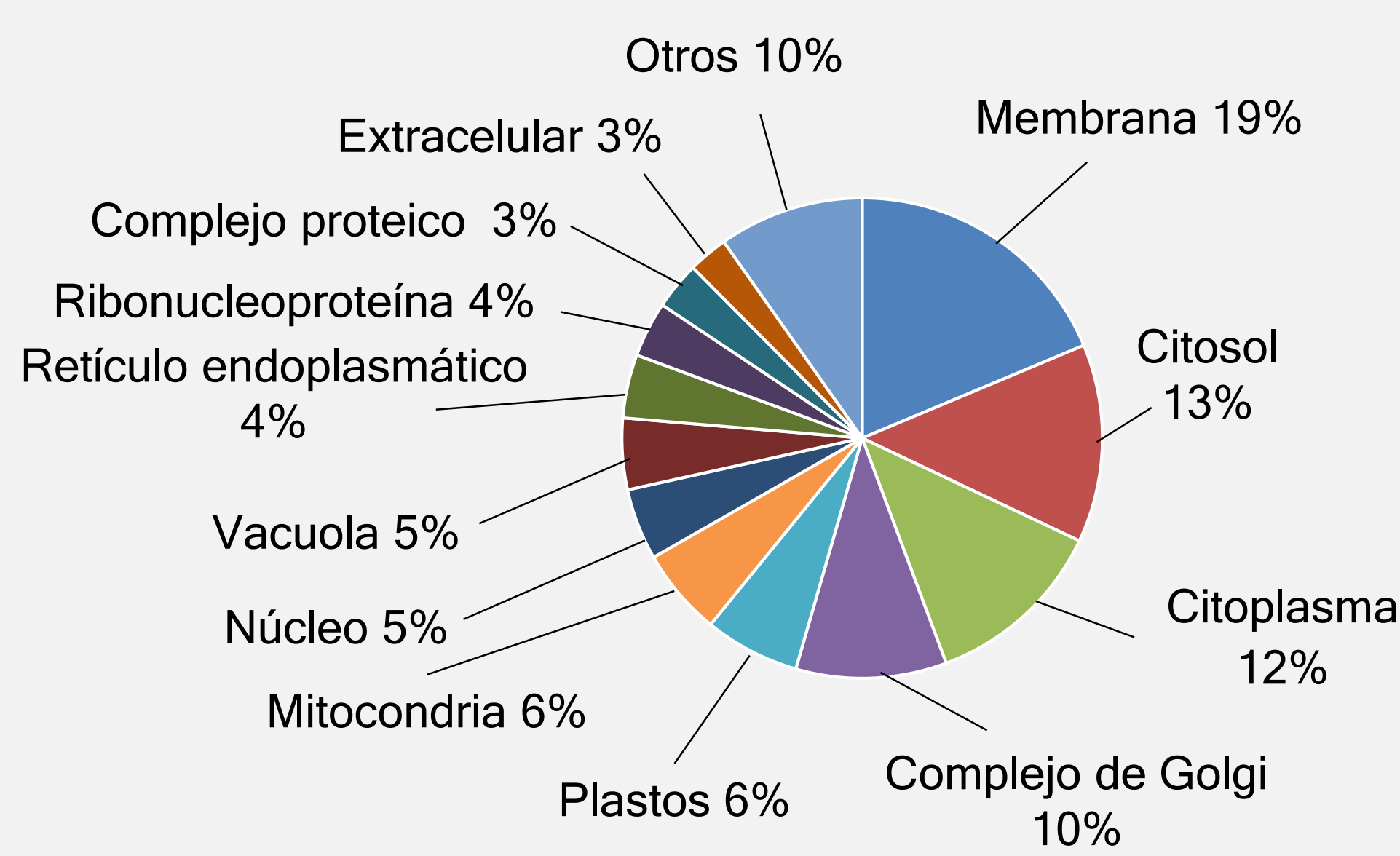


Figura 4. Componentes celulares.

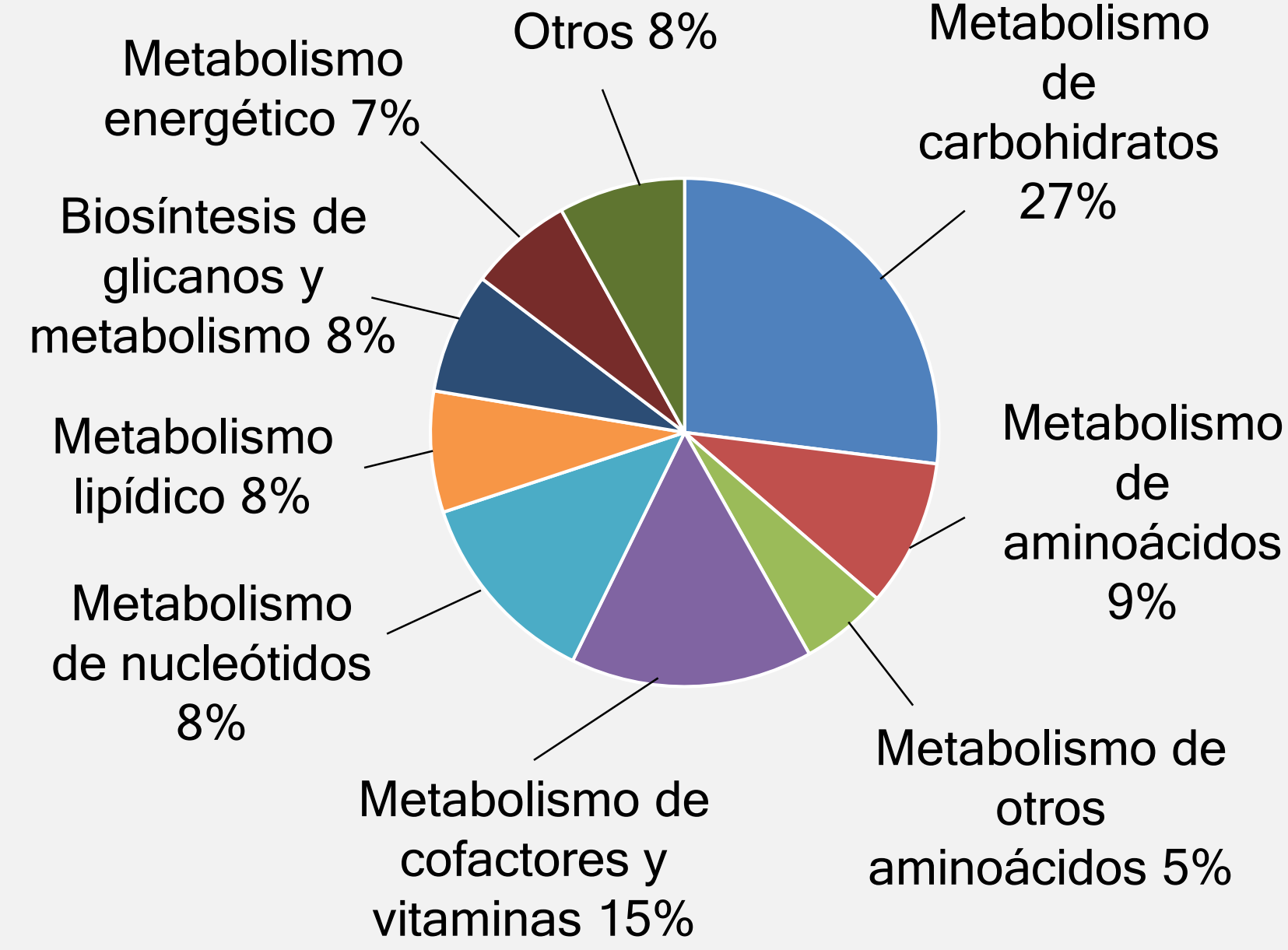


Figura 5. Análisis KEGG.

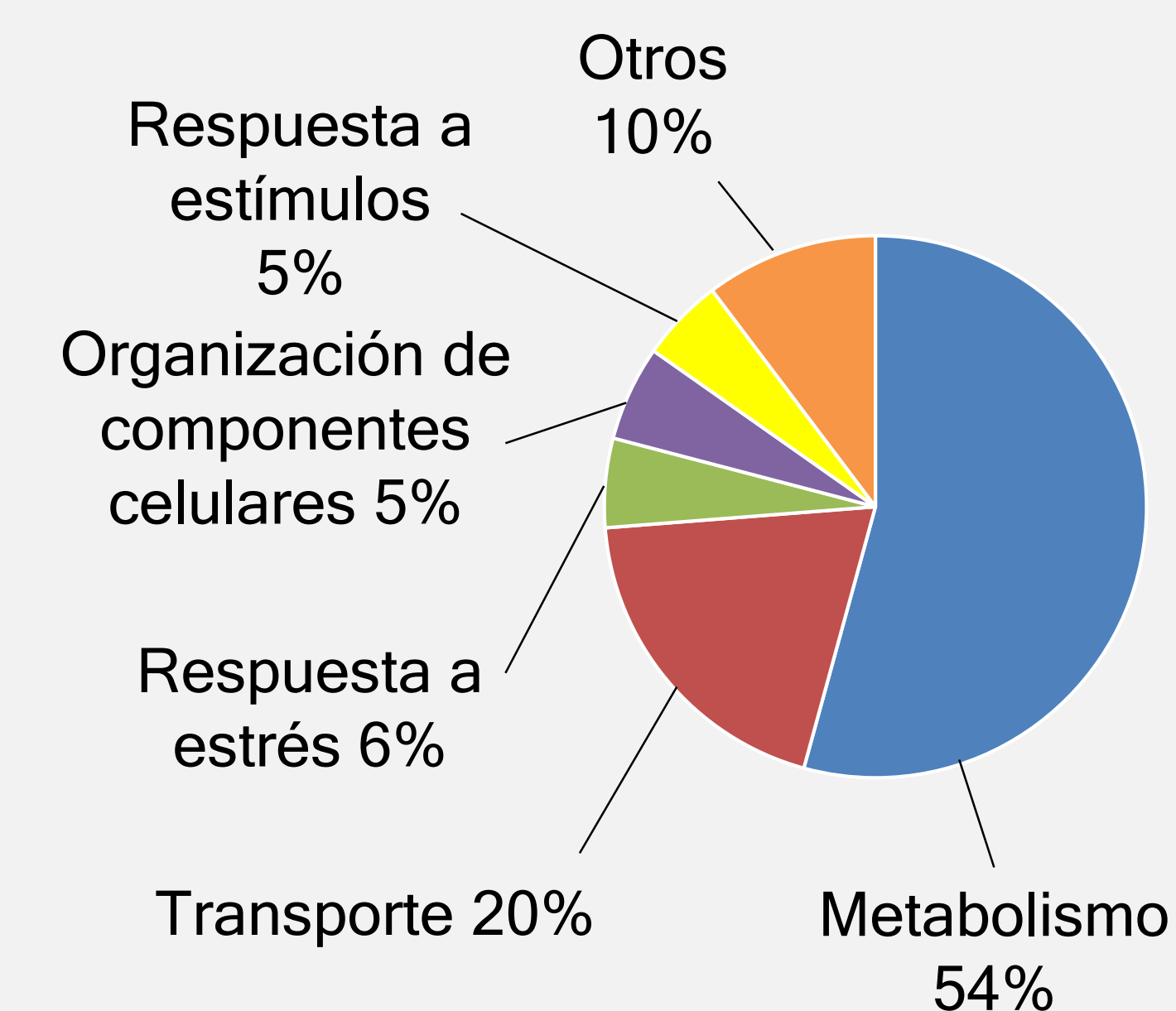


Figura 6. Procesos biológicos.

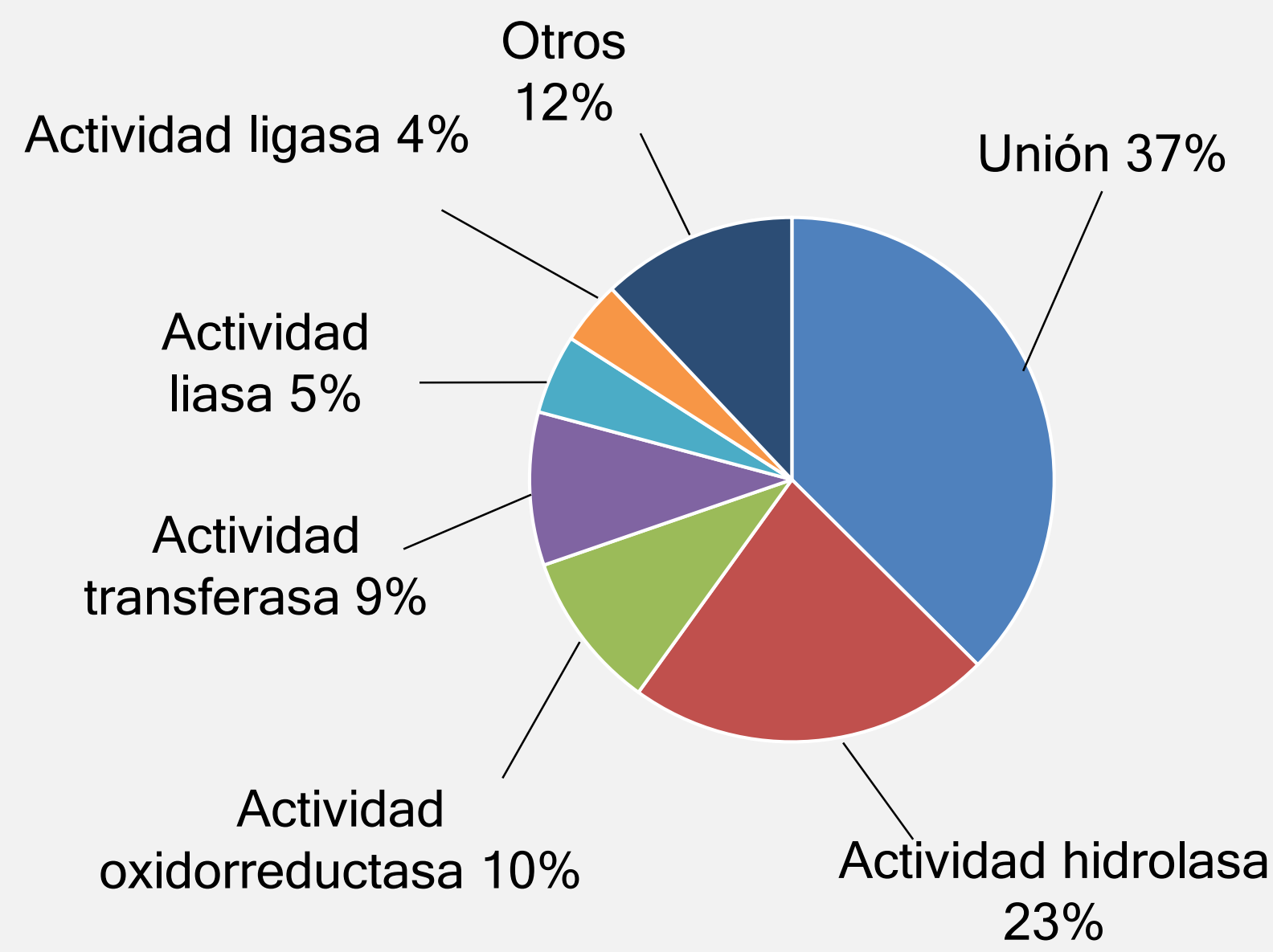


Figura 5. Función molecular.

### Análisis in silico de enzimas PAT

Gene	Pical ID	ReprOlive ID	Farga ID	Oleaster ID	TAIR
OepPAT1	Oleu061Scf7804g02017	po11_olive_026869	CAA2983889	XP_022853887	AT5G05070 (PAT3)
		po11_olive_011498			
		po11_olive_013227			
		po11_olive_021771			
OepPAT3	Oleu061Scf4420g03001	po11_olive_017626	CAA2986070	XP_022888012	AT3G56930 (PAT4)
		po11_olive_001725			
		po11_olive_016036			
		po11_olive_012243			
OepPAT4	Oleu061Scf4630g01016	po11_olive_012143	CAA2961248	XP_022899636	AT3G56930 (PAT4)
		po11_olive_012143			
OepPAT7	Oleu061Scf1580g13006	po11_olive_017743	CAA2960356	XP_022894349	AT3G26935 (PAT7)
		po11_olive_017743			
OepPAT10	Oleu061Scf0012g03008	po11_olive_013103	CAA2966920	XP_022879750	AT3G51390 (PAT10)
		po11_olive_013103			
OepPAT11	Oleu061Scf1918g00037	po11_olive_01055g00037	CAA2938522	XP_022882100	AT3G18620 (PAT11)
		po11_olive_01055g00037			
OepPAT14	Oleu061Scf8652g02012	po11_olive_020901	CAA2964308	XP_022852904	AT3G09320 (PAT14)
		po11_olive_020901			
OepPAT16	Oleu061Scf1055g00037	po11_olive_015292	CAA2989962	XP_022893242	AT3G04970 (PAT16)
		po11_olive_015292			
OepPAT17	Oleu061Scf8574g01021	po11_olive_018041	CAA2952314	XP_022856484	AT1G69420 (PAT22)
		po11_olive_018041			
OepPAT22	Oleu061Scf1331g00015	po11_olive_016916	CAA2952314	XP_022856484	AT1G69420 (PAT22)
		po11_olive_016916			
OepPAT24.1	Oleu061Scf1042g05064	po11_olive_008895	CAA3010801	XP_022861168	AT5G20350 (PAT24)
		po11_olive_008895			
OepPAT24.2	Oleu061Scf0318g06003	po11_olive_014113	CAA3010801	XP_022893467	AT5G20350 (PAT24)
		po11_olive_014113			

Figura 6. Identificación de enzimas PAT.

Gene	Raíz	Tallo	Meristemo	Hojas	Flor	Polen
OepPAT 1	0,08	0,07	0,21	0,04	0,83	215,55
OepPAT 3	0,55	0,13	0,58	0,36	3,01	61,48
OepPAT 4	0,03	0,25	1,11	0,13	0,52	58,02
OepPAT 7	13,72	13,83	6,49	2,29	18,1	3,79
OepPAT 10	4,84	6,13	7,2	3,29	2,24	2,52
OepPAT 11	14,43	16,62	14,21	12,05	8,41	3,47
OepPAT 14	19,5	13,44	18,25	13,37	8,59	2,33
OepPAT 16	2,16	2,43	9,01	0,79	6,57	3,78
OepPAT 17	14,69	17,71	17,97	1,15	25,99	7,93
OepPAT 22	37,14	22,47	46,37	9,47	22,33	5,71
OepPAT 24.1	21,09	19,15	20,16	14,69	12,06	12,66
OepPAT 24.2	12,97	9,82	14,59	9,27	6,79	3,95

Figura 7. Análisis de expresión in silico, Olive Atlas [4].

### Label free LC-MS/MS

Olivo -10LgP >30	IDs de proteínas distintos	Descripción	Péptidos modificados identificados diferentes
Palmitoilación de cisteínas (S-acilación)	6	Mayor pollen allergen Ole e 1-like	FHIQGVY(+238.23)DT(+238.23)RAGFINELSEFIPGASVR
			FHIQGVY(+238.23)DT(+28.99)RAGFITELSEFIPGASVR
			IQGVY(+238.23)DT(+57.02)RAGFITELSEFIPGASVR
Palmitoilación de serinas	4	Pectinesterase 1 Carboxypeptidase Mayor pollen allergen Ole e 1-like	PS(+238.23)NSAQLNSW(+44.99)FDGIQPVAVR
			PSNSAQLNS(+238.23)W(+44.99)FDGIQPVAVR
			YS(+238.23)GDHDM(+15.99)C(+57.02)VPPTGSEAWTK
Palmitoilación de treoninas	4	Mayor pollen allergen Ole e 1-like Acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	IQGVY(+44.99)C(+57.02)DT(+238.23)C(+57.02)RSRFFITELSEFIPGASVR
			IQGVY(+44.99)C(+57.02)DT(+238.23)C(+57.02)RARFITELSEFIPGASVR
			RAATAAAGLDY(+44.99)T(+238.23)DIPHSQ

Figura 8. Péptidos identificados modificados por palmitoilación (+238.23).

## Conclusiones

- El **S-aciloma** teórico de olivo consiste en 179 proteínas (un 9% del proteoma analizado). Este hecho sugiere que esta MPT es importante en la función del polen.
- Las proteínas identificadas como potencialmente **S-aciladas** sometidas al análisis funcional se encontraron mayoritariamente asociadas a membrana, y participan en procesos clave para la función del polen como la regulación metabólica, transporte y organización de componentes celulares, y respuesta a estrés (Figuras 2, 3, 4, 5).
- Se han identificado 12 posibles genes PAT con expresión en polen de olivo (Figura 6). Los genes OepPAT1, OepPAT3 y OepPAT4 son genes específicos de polen con altos niveles de expresión, sugiriendo que juegan un papel clave en la **S-acilación** de proteínas (Figura 7).
- Varios miembros de la familia Ole e 1, una proteína relevante en la función del polen e importante alérgeno, se encuentran modificados por **S-acilación** (Figura 8).