

## **Aproximaciones metabólica y transcriptómica a la gestión del metabolismo en las acículas de *Pinus pinaster* L. Aiton**

Rafael A. Cañas<sup>1</sup>, Javier Canales<sup>1</sup>, Carmen Muñoz<sup>2</sup>, Jose M. Granados<sup>1</sup>, M<sup>a</sup> Belén Pascual<sup>1</sup>, Concepción Ávila<sup>1</sup>, María L. García-Martín<sup>2</sup>, Francisco M. Cánovas<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>*Departamento de Biología Molecular y Bioquímica, Facultad de Ciencias, Instituto Andaluz de Biotecnología, Universidad de Málaga, Campus Universitario de Teatinos s/n, 29071, MÁLAGA. [racanas@uma.es](mailto:racanas@uma.es)*

<sup>2</sup>*Unidad de Nanoimagen, Centro Andaluz de Nanomedicina y Biotecnología (BIONAND), Parque Tecnológico de Andalucía, C/ Severo Ochoa 35, 29590 Campanillas (MÁLAGA)*

El pino marítimo (*Pinus pinaster* L. Aiton) es una conífera de hoja perenne con un ciclo de vida largo y cuyas acículas pueden permanecer activas en el árbol varios años. Las coníferas y, en concreto, *P. pinaster* son especies modelo en el contexto de la producción de madera o de la síntesis de los flavonoides y terpenoides, componentes de la resina. A pesar de ello, el metabolismo y la biología molecular de las hojas (acículas) de las coníferas han sido escasamente estudiados por lo que las relaciones entre los tejidos productores o fuentes y los tejidos consumidores o sumideros no son bien conocidas en este grupo de plantas. En este trabajo nos proponemos el estudio de las acículas desde dos aproximaciones distintas: la metabólica y la transcriptómica. Para ello se han obtenido muestras de acículas de *P. pinaster* en condiciones naturales a lo largo de un año completo separando las acículas por su edad. El estudio metabólico se ha desarrollado mediante H<sup>1</sup>-NMR para lo que se ha desarrollado una librería de espectros de referencia de 70 metabolitos diferentes. Para el estudio transcriptómico se ha empleado un microarray de cDNA con 8.000 puntos de hibridación (PINARRAY2) y que ha sido desarrollado por nuestro grupo de investigación. Para el estudio de los datos obtenidos se ha empleado un análisis de redes de co-expresión (WGCNA).