

ESTRATEGIAS POST GENÓMICAS PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS Y RUTAS METABÓLICAS INVOLUCRADAS EN LA RESISTENCIA A LA ROYA ASIÁTICA DE LA SOJA

Ruth Heinz^{1,2}, Lucila Peluffo^{1,2}, Alfonso Alvarez³, Verónica Lia^{1,2}, Mauricio Calviño⁴, Marcos Montesano³, Inés Ponce de León⁴

¹Instituto de Biotecnología CICVyA, INTA Castelar, Nicolas Repetto y Los Reseros, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.

³Facultad de Ciencias Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

⁴Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay.

La integración de capacidades de los países participantes del proyecto Biotecsojasur, permitió la implementación de estrategias de análisis postgenómico aplicados a la identificación de genes candidatos y rutas metabólicas involucradas en la resistencia al patógeno *Phakopsora pachyrhizi*, agente causal de la roya asiática del soja. El objetivo de este trabajo fue identificar nuevos genes asociados a la resistencia a este patógeno así como caracterizar las rutas metabólicas involucradas en los mecanismos de respuesta a esta enfermedad, mediante la caracterización de cambios transcripcionales y metabólicos en genotipos resistentes y susceptibles ocurridos durante el proceso de infección. Se realizaron experimentos con plantas resistentes (PI594754) y susceptibles (BRS154), cultivadas en condiciones controladas de invernáculo, desafiadas con el patógeno y en condición control. A través de la construcción de colecciones de ADNc específicas se identificaron 120 genes diferencialmente expresados entre ellos aquellos involucrados en defensa como glucanasas, quitinasas, lipoxigenasas, catalasas, superóxido dismutasas (SOD), O-metiltransferasa, chalcona sintasa, PR-1, proteínas ricas en glicina, proteína Heat Shock, proteína con repetidos ricos en leucina (LRR); genes que codifican para proteínas involucradas en la transcripción (proteína con dominio AP2), proteína con dominio Hélice-loop-Hélice, así como también proteínas involucradas en la señalización como proteínas con dedos de zinc y varias quinasas. Mediante el análisis de perfiles metabólicos por GC-MS, se identificaron 175 metabolitos, 101 con composición química definida de los cuales 86 fueron mapeados en rutas metabólicas. Se identificaron metabolitos como shikimato, ácidos glutámico, benzoico, salicílico-glucopiranosido, cumarina, vanillato y 4-hidroxibenzoato, con niveles significativamente mayores en el genotipo resistente respecto al susceptible, metabolitos que están involucrados en vías claves de respuesta al patógeno como síntesis y señalización del ácido salicílico y síntesis de compuestos fenilpropanoicos. El análisis del contenido de perfiles hormonales de JA y SA realizado por LC-MS, permitió determinar que el contenido de estas hormonas es significativamente mayor en la línea resistente con respecto a la susceptible. Tanto los análisis del complemento metabólico como de los perfiles hormonales sugieren que existen diferencias preexistentes entre líneas que podrían ser las responsables de la respuesta diferencial frente al patógeno.