

## **IDENTIFICACIÓN DE GENES ASOCIADOS A LA TOLERANCIA A SEQUÍA EN SOJA**

Sabina Vidal<sup>1</sup>, Juan Pablo Gallino<sup>1</sup>, Esteban Casaretto<sup>2</sup>, Victoria Bonnacarrere<sup>3</sup>, Omar Borsani<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Laboratorio de Biología Molecular Vegetal, Facultad de Ciencias (UdelaR)

<sup>2</sup> Laboratorio de Bioquímica, Facultad de Agronomía (UdelaR)

<sup>3</sup> Unidad de Biotecnología, INIA

La sequía es el principal factor ambiental limitante de la producción de muchos cultivos. La soja en particular, al igual que otros cultivos de verano, está frecuentemente sometida a los regímenes de déficit hídrico que se generan durante esa estación. La identificación de genes asociados a la tolerancia al estrés es clave para la generación de cultivares con mayor grado de tolerancia, ya sea para el desarrollo de marcadores moleculares que permitan seleccionar genotipos tolerantes, como para su introducción mediante transgénesis. En el marco de un proyecto de colaboración entre varios laboratorios del MERCOSUR (Biotecsur), se analizó el perfil de expresión génica en dos genotipos de soja contrastantes con respecto a su respuesta a condiciones de sequía. Se identificaron una serie de genes con expresión inducible por sequía, y diferencial entre los genotipos analizados. Se profundizó en la evaluación funcional de dos genes del cultivar de soja tolerante a la sequía. Ambos genes se indujeron en condiciones de estrés hídrico, únicamente en las plantas tolerantes. Se generaron plantas de *Arabidopsis thaliana* que expresan estos genes de forma condicional, utilizando un sistema de expresión inducible por estradiol. La expresión heteróloga de los genes candidatos en *Arabidopsis* resultó en un aumento significativo de la tolerancia al estrés hídrico, osmótico y salino en condiciones de expresión de los transgenes, posicionando a estos genes como buenos candidatos para mejorar la respuesta al estrés por déficit hídrico en soja. En la actualidad, se está llevando a cabo la búsqueda de polimorfismos en las secuencias genómicas de estos genes, con el objetivo de desarrollar marcadores moleculares para facilitar la introgresión de los mismos en cultivares de soja. Paralelamente, se generarán plantas de soja con expresión modulada de los genes candidatos mediante ingeniería genética.