

Area de Beca: CA - Cs. Agropecuarias
Título del Trabajo: VARIACIONES TRANSCRIPCIONALES EN HOJAS DE YERBA MATE DURANTE SU ACLIMATACIÓN A SEQUÍA.

Autores: ACEVEDO, RAÚL M. - AVICO, EDGARDO H. - SANSBERRO, PEDRO A.

E-mail de Contacto: rm.acevedo@agr.unne.edu.ar **Teléfono:** 03794427589 ext 156

Tipo de Beca: CONICET Tipo II **Resolución Nº:** 000 **Período:** 01/04/2013 - 31/03/2015

Proyecto Acreditado: A014 Resol. 921/10 (C.S. UNNE). Desarrollo de herramientas biotecnológicas aplicables a estudios de estrés osmótico y producción masiva de genotipos con caracteres superiores, SGCyT (UNNE). Periodo: 2011-2014..

Lugar de Trabajo: Facultad de Ciencias Agrarias - Universidad Nacional del Nordeste

Palabras Claves: *Ilex paraguariensis*. Expresión genética. Estrés hídrico.

Resumen:

En la actualidad gran parte de los yerbales en producción presentan una gran heterogeneidad y envejecimiento. A fin de conservar la sustentabilidad económica y social de la región productora es necesario renovar las plantaciones con cultivares superiores. En este contexto, el desarrollo de cultivares tolerantes a sequía constituye una prioridad en los programas de mejoramiento. A fin de analizar la variación del perfil transcriptómico en respuesta a deshidratación, en búsqueda de genes candidatos potencialmente útiles en el mejoramiento genético de la especie, previamente se seleccionó un cultivar con buen desempeño fisiológico y productivo en condiciones de estrés hídrico. A partir de hojas de plantas sometidas a distintas condiciones de humedad edáfica (Potencial agua suelo= ~ 0,04 a -3MPa), se aislaron y caracterizaron 54 fragmentos de transcritos (TDFs). El análisis del transcriptoma determinó que 40 TDFs fueron sobreexpresados, y 14 fueron reprimidos durante la aclimatación a sequía. Estos cambios fueron validados mediante la cuantificación del ARNm por RT-qPCR. A través del análisis de las secuencias obtenidas fue posible identificar 21 TDFs con homología a genes conocidos, constatándose que los genes activados estaban involucrados principalmente en la remodelación de la pared celular, transducción de señales, transcripción, fotosíntesis y respiración; mientras que los genes inhibidos estaban relacionados con el metabolismo, protección y defensa de las plantas ante microorganismos.