



XXVI Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CA-053 (ID: 2127)

Autor: Veller, Francisco Mariano

Título: Respuesta genética de los mecanismos antioxidantes presentes en hojas de Yerba Mate durante sequía.

Director: Acevedo, Raúl Maximiliano

Palabras clave: Ilex paraguariensis, expresión génica, estrés oxidativo, ascorbato/glutación.

Área de Beca: Cs. Agropecuarias

Tipo Beca: Cyt - Pregrado

Periodo: 01/03/2020 al 28/02/2021

Lugar de trabajo: Facultad De Cs. Agrarias

Proyecto: (18A002) Análisis transcriptómicos y metabolómicos en respuesta a estreses y desarrollo de biotécnicas que permitan la clonación masiva de genotipos tolerantes.

Resumen:

La yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.) es un cultivo económicamente importante en nuestra región del NEA. Las altas temperaturas y periodos con escasas de lluvias en verano provocan estrés por sequía en los cultivos. Como una consecuencia de esto, las especies reactivas de oxígeno (ROS) puede incrementarse causando estrés oxidativo con daños importantes a nivel subcelular. Es por ello, que las plantas han desarrollado diversos mecanismos para contrarrestar la sobreproducción de ROS durante condiciones adversas. Frente a la complejidad de la respuesta de la planta a esta situación, resulta imprescindible conocer las bases genéticas que la determinan. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue analizar los cambios en la expresión de genes involucrados en mecanismos de defensa al incremento de ROS durante la sequía.

Para ello se compararon los transcriptomas de hojas de Yerba Mate de plantas con un riego adecuado (control), y plantas en condiciones de sequía. Utilizando diversas herramientas bioinformáticas, se procesaron los datos obtenidos del repositorio "Mateando" (<http://ibone.unne.edu.ar/mateando/>). En particular, se analizó el comportamiento de genes involucrados en sistemas de defensa frente a estrés oxidativo, los cuales fueron agrupados en base a los procesos en los cuales se conoce que intervienen. Los cambios en los niveles de transcripción de estos genes, fueron visualizados y analizados mediante diagramas de vías y procesos metabólicos. En especial, los relacionados al ciclo de ascorbato/glutación, las peroxirredoxinas, las tioredoxinas, las glutarredoxinas, y el sistema dismutasas/catalasas.

En general se observó una activa alteración en la transcripción de los genes que participan los mecanismos de mitigación del estrés oxidativo. Los genes que codifican las enzimas superóxido dismutasas (SODs) y catalasas, se encuentran reprimidas. Esto indica que no estarían cumpliendo un rol principal durante la sequía en la Yerba Mate. Por otra parte, el ciclo de ascorbato/glutación manifiesta la sobreexpresión de una buena parte de sus genes. Este ciclo opera en el citosol, mitocondrias, plástidos y peroxisomas; y juega un papel clave para la detoxificación del peróxido de hidrógeno (H₂O₂). Llamativamente, los niveles de transcripción de otras enzimas peroxidadas, como las peroxirredoxinas y las peroxidadas de glutación, se presentan disminuidos en comparación a sus niveles en la condición control.

Este trabajo representa un estudio preliminar, que nos permite observar a nivel transcripcional, el comportamiento de los diferentes mecanismos que utiliza la planta para contrarrestar el aumento de ROS causados por la sequía.