



## **XXVII Comunicaciones Científicas y Tecnológicas**

Orden Poster: CA-032 (ID: 2386)

**Autor: Veller, Francisco Mariano**

**Título: Clonado y caracterización del gen Rafinosa Sintasa (RafS) en yerba mate, y análisis de su expresión en respuesta a sequía**

Director: Acevedo, Raúl Maximiliano

Co-Director: Sansberro, Pedro Alfonso

Palabras clave: Ilex paraguariensis, expresión génica, estrés hídrico, oligosacáridos

Área de Beca: Cs. Agropecuarias

Tipo Beca: Cyt - Pregrado

Periodo: 01/03/2021 al 28/02/2022

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 la región NE del país debido a que sus hojas y tallos jóvenes son empleados en la elaboración de infusiones. Actualmente resulta necesario indagar los mecanismos de tolerancia a sequía, con el propósito de forjar su eventual aplicación en los planes de mejoramiento de la especie. En las plantas, el estrés abiótico induce la expresión diferencial de genes responsables de la síntesis de los "oligosacáridos de la familia de la rafinosa" (OFR). Dentro de la vía biosintética de los OFR, una de las principales enzimas es la Rafinosa Sintasa (RafS, EC 2.4.1.82) que transfiere un resto galactosilo de galactinol a sacarosa y sintetiza rafinosa (Raf). En general, el aumento de OFR durante los episodios de sequía, aumentan la tolerancia de la planta al estrés. Debido a eso, en este trabajo se propuso secuenciar el gen que sintetiza la enzima RafS en *Ilex paraguariensis*, y analizar su cambio de expresión en respuesta al déficit hídrico.

Como resultado, se logró amplificar un transcripto de 2.802 bases cuyo marco de lectura abierto codifica una proteína de 780 aminoácidos, esta secuencia presentó una elevada similitud con la enzima Rafinosa Sintetasa (RafS) de numerosas especies vegetales. Por comparación entre la secuencia del transcripto y la obtenida desde el ADN genómico, se determinó que este gen de RafS está constituido por 4 exones y 3 intrones. Su región promotora presenta seis elementos cis involucrados particularmente en la regulación del gen en respuesta a déficit hídrico. Finalmente, mediante transcripción reversa del ARN mensajero y PCR en tiempo real, se cuantificaron los niveles de expresión del gen RafS, en plantas con estrés por déficit hídrico (potencial agua del suelo= -2 MPa) y en plantas con riego adecuado (control sin estrés). Se determinó que, durante un episodio de sequía, la RafS aumenta 2,47 ( $\pm 0.21$  DE) veces su expresión basal.