



XIII SIMPOSIO REDBIO ARGENTINA 2021

“La Biotecnología como Solución a
Desafíos Pasados, Presentes y Futuros”

7 AL 11 DE JUNIO DE 2021

MODALIDAD VIRTUAL



Comisión Directiva de REDBIO Argentina AC

Presidente: Marisa López Bilbao –INTA

Secretaria: Eleonora Campos –INTA

Tesorero: Alejandro Escandón –INTA

Vocal 1ero: Patricia Marconi –CONICET

Vocal 2do: Sandra Sharry –UNLP

Vocal 3ero: María Patricia Benavides –CONICET

Vocal Suplente 1: Sebastián Moschen –INTA

Vocal Suplente 2: Patricia Boeri –CONICET

Fiscal 1ero: Ezequiel Bossio –INTA

Fiscal 2do: Laura Radonic –INTA

Fiscal 3ero: Pamela Villalba –INTA

Comisión Organizadora REDBIO 2021

Marisa López Bilbao (Presidente)

Sandra Sharry (Vicepresidente)

Eleonora Campos

Laura Radonic

María Carolina Martínez

María Patricia Benavides

Patricia Marconi

Ezequiel Bossio

Sebastián Moschen

Alejandro Escandón

Pamela Villalba

Comisión Científica REDBIO 2021

Atilio Castagnaro
Viviana Echenique
Eduardo Blumwald
Adrián Vojnov
Esteban Hopp
Graciela Salerno
María Rosa Marano
Elizabeth Agostini
Ruth Heinz
Alejandro Mentaberry
Gabriela Levitus
María de la Paz Santángelo
Clara Rubinstein

Diseño web y editorial: María Belén Monini
mbmonini@gmail.com

Además, interviene en la maduración de varios pri-miARNs, etapa indispensable para su exportación al citoplasma y posterior procesamiento. El objetivo de nuestro trabajo fue determinar si TGS1 influye en el procesamiento de ARNs en óvulos de *Paspalum notatum* e identificar blancos de acción del gen. Teniendo en cuenta que las plantas sexuales de *P. notatum* expresan concentraciones significativamente más altas de TGS1 que las apospóricas, seleccionamos 316 transcriptos diferencialmente representados en espiguillas de plantas apomícticas y sexuales, con valores FDR (False Discovery Rate) $< 6,74E-10$, y determinamos cuáles de ellos correspondían a posibles variantes de clivado y empalme. Por análisis de qPCR confirmamos que una variante no procesada de uno de los transcriptos seleccionados (CHLOROPHYLL A-B BINDING PROTEIN 1B-21, CAB1) estaba menos representada en espiguillas de plantas apomícticas respecto a las sexuales y de líneas sexuales antisentido *tgs1* respecto a los controles sexuales silvestres. Por otra parte, identificamos siete miARNs con mayor representación en bibliotecas florales de ARN pequeños (sARN) sexuales respecto a apomícticas. Haciendo experimentos de qPCR determinamos que uno de ellos (miARN2275) está menos representado en las líneas en antisentido *tgs1* en el estadio de premeiosis-meiosis, cuando se inicia el fenómeno de aposporía. Nuestros resultados indican que TGS1 influye en el clivado y empalme de al menos un ARNm (CAB1) y en el procesamiento de un miARN (miARN2275) en *Paspalum notatum*. CAB1, un componente del complejo fotosintético de captación de luz LHCII, fue recientemente incluido en el grupo de RBP (*RNA binding proteins*), que juegan un rol crucial en la regulación de la función y el destino de los ARNs. Por otra parte, el blanco predicho de miR2275 en *Paspalum* es AGO1, una de las moléculas involucradas en el control de la identidad celular en el óvulo, lo que puede relacionarse con el fenotipo reproductivo alterado (similar a la aposporía) que presentan las plantas antisentido *tgs1*.

BV43. Regulación del crecimiento del brote y la translocación de azúcares en tubérculos de plantas de papa que sobreexpresan la bomba de protones PHA1 de *Solanum tuberosum*.

Grobly, I.M. (1)*; Muñiz García, M.N. (1); Cortelezzi, J.I. (1); Capiati, D.A. (1,2)

(1) Instituto de Investigaciones en Ingeniería Genética y Biología Molecular “Dr. Héctor Torres”, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). (2) Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires. *iaragrobly@yahoo.com.ar

Luego de concluido el período de dormición de los tubérculos de papa, comienza el desarrollo de los brotes que darán comienzo al nuevo ciclo de crecimiento de la planta. Durante este proceso se produce un reacomodamiento del metabolismo de azúcares. De un metabolismo centrado en la síntesis de compuesto de reserva en el tubérculo que originalmente funcionaba como sumidero, se pasa a un metabolismo de degradación, donde ahora el tubérculo funciona como fuente de azúcares que sostendrán el desarrollo de los brotes. En una primera etapa, son las hexosas libres presentes en el tubérculo las que son utilizadas para sintetizar sacarosa que se transporta al brote para iniciar el proceso de ruptura de la dormición. Una vez iniciado, la fuerte demanda de azúcares del brote en crecimiento provoca una disminución en los niveles de azúcares solubles y sacarosa en el tubérculo que dispara la degradación de almidón. Es ahora la degradación del almidón del tubérculo convertido en fuente de azúcares, quien provee la energía al brote en desarrollo. Esta sacarosa tras ser transportada e hidrolizada será utilizada para sostener el crecimiento del brote.

Las bombas de protones de membrana plasmática (PM H⁺-ATPasa) son proteínas de membrana que bombean protones fuera de la célula, generando el gradiente electroquímico que dirige el transporte de iones y metabolitos en las células a través de canales y transportadores. Este proceso es necesario para la mayoría de las respuestas fisiológicas como el crecimiento celular, carga/descarga del floema, etc. En papa, recientemente, se ha descrito un rol central de la PHA1 (PM H⁺-ATPasa 1 de *Solanum tuberosum*) en la regulación del crecimiento de la planta y el desarrollo del tubérculo. Promueve la elongación del estolón y el crecimiento del tubérculo, regulando el metabolismo de sacarosa-almidón y su transporte.

En este trabajo se estudió el rol de *StPHA1* en la brotación de los tubérculos de papa, utilizando plantas de papa (*Solanum tuberosum* Spunta) que sobreexpresan de manera constitutiva y ubicua este gen (plantas denominadas PHA1-OE). Se