

ROSARIO 2017

Simposio de Genómica Funcional de Plantas

Bolsa de Comercio

Mayo 17-19



Libro de Resúmenes

CONICET



Instituto de Biología Molecular y
Celular de Rosario



PROGRAMA DE
CIENCIAS ÓMICAS
CEI CENTRO DE
ESTUDIOS
INTERDISCIPLINARIOS
U N R

AGENCIA
NACIONAL DE PROMOCION
CIENTIFICA Y TECNOLOGICA



BOLSA
DE COMERCIO
DE ROSARIO



Libro de resúmenes

Simposio de Genómica Funcional de
Plantas 2017

Mayo 17-19|Rosario|Argentina

Índice

Comité Organizador.....	i
Programa.....	iii
Conferencias.....	2
Presentaciones Orales.....	29
Posters.....	35

Comité Organizador

Javier Palatnik

IBR, CONICET-UNR; Centro de Estudios Interdisciplinarios, UNR.

Sebastián Asurmendi

Instituto de Biotecnología CICVyA, INTA-CONICET.

Paula Casati

CEFOBI, CONICET-UNR; FBioyF, UNR.

Carla Schommer

IBR, CONICET-UNR y Centro de Estudios Interdisciplinarios, UNR.

Ramiro Rodríguez

IBR, CONICET-UNR, FBioyF y Centro de Estudios Interdisciplinarios, UNR.

Secretaría y Comunicación

Jimena Zoni

IBR, CONICET-UNR



Programa

Miércoles 17 de Mayo

9:00. Acreditaciones.

10:00 - 10:30. Bienvenida y Apertura.

10:30 - 11:20. CONFERENCIA: Martin Crespi (Institute of Plant Sciences Paris-Saclay) Non-coding RNA in environmental adaptation of root development.

11:20 - 11:45. Carlos Ballaré (IFEVA, CONICET-UBA e IIB, CONICET-UNSAM) Regulación por el fitocromo B DEL metabolismo y señalización del ácido jasmónico en *Arabidopsis*.

11:45 - 12:10. José Estevez (FIL-IBBAA, CONICET) Signals and root hair cell size control.

12:10 - 12:35. Ezequiel Petrillo (IFYBINE) Una señal retrógrada del cloroplasto regula el splicing alternativo nuclear... en las raíces!

12:35 - 14:30. Almuerzo

14:30 - 14:55. Paula Casati (CEFOBI, CONICET-UNR) Efecto de la radiación UV-B en el crecimiento de las plantas.

14:55 - 15:20. Maria Eugenia Zanetti (IBBM, UNLP-CONICET) The microRNA390/TAS3 pathway controls symbiotic nodulation and lateral root growth in *Medicago truncatula*.

15:20 - 15:45. Javier Botto (IFEVA, CONICET) Integración de señales térmicas y lumínicas en la germinación de semillas de *Arabidopsis thaliana*.

15:45 - 16:10. Sebastian Asurmendi (IB-CICVyA, INTA/Conicet) Rol del mecanismo de control de calidad del RNA y los sRNAs en la reprogramación transcriptómica producida durante la interacción planta-virus.

16:10 - 16:25. Comunicación Oral: Pamela Ribone (IAL, CONICET-UNL) The CPuORF33 present in the 5'UTR of the *Arabidopsis* AtHB1 gene regulates its translation in a tissue and illumination condition dependent way.

16:25 - 16:40. Comunicación Oral: Tadeo Fernandez Göbel (IFRGV, CIAP-INTA) Systemic microRNAs expression changes during soybean-*Bradyrhizobium japonicum* symbiotic interaction.

16:40 – 19:00. Café y Posters

Jueves 18 de Mayo

9:00 - 9:50. CONFERENCIA: Miguel Blázquez (Instituto de Biología Molecular y Celular de Plantas. Valencia, España) Coordinación de programas transcripcionales por proteínas DELLA en plantas.

9:50 - 10:15. Juan Carlos Díaz Ricci (INSIBIO, CONICET) Activación de la inmunidad innata de frutilla mediada por el inductor AsES.

10:15 - 10:30. Comunicación Oral: Magalí Diana Giménez (IICAR, CONICET-UNR) Análisis de Metilación del ADN en Híbridos Recíprocos de Tomate.

10:30 – 11:10 Café

11:10 - 11:35. Pablo Cerdán (FIL-IBBAA, CONICET) Integración de Señales en el Control del Desarrollo.

11:35 - 12:00. Daniel Gonzalez (IAL, UNL-CONICET) El Papel de los Factores de Transcripción de la Familia TCP en el Desarrollo Reproductivo de Arabidopsis.

12:00 - 12:25. Javier Palatnik (IBR, UNR-CONICET) Evolutionary Footprints Provide New Insights into microRNA biogenesis.

12:25 - 12:40. Comunicación Oral: Alejandro Edera (IBAM, UNC-CONICET) Contexto de Edición del ARN en mitocondrias de angiospermas.

12:40 – 14:30. Almuerzo

14:30 - 15:30. Mesa redonda: Norma Paniego (INTA, CONICET, CATG), **Mauricio Grisolia** (INTA, CATG, INDEAR) y **Máximo Rivarola** (CONICET, CATG) Tecnologías de secuenciación masiva.

15:30 - 16:20. CONFERENCIA: Rodrigo Gutiérrez (Millennium Nucleus Center for Plant Systems and Synthetic Biology, FONDAP Center for Genome Regulation, Departamento de Genética Molecular y Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Pontificia Universidad Católica de Chile). Systems Biology to Dissect Nitrogen Responses in *Arabidopsis thaliana*.

16:20 – 17:00 Café

17:00 - 17:25. Malena Alvarez (CIQUIBIC, UNC-CONICET) Chromatin alterations affecting defenses against *Pseudomonas syringae* in *Arabidopsis*.

17:25 - 17:50. Mariano Bulos (NIDERA) Mejoramiento molecular: uso de herramientas genómicas.

17:50 - 18:15. Antia Rodriguez-Villalon (ETH Zurich) Perturbing phosphoinositide homeostasis antagonistically affects vascular differentiation in *Arabidopsis thaliana* roots.

18:15 - 18:30. Comunicación Oral: Soledad Traubenik (IBBM, UNLP-CONICET) Translational Regulation of mRNAs and lncRNAs involved in chromatin remodeling and post-transcriptional gene silencing during root nodule symbiosis.

18:30 - 20:30. Café y Posters

Viernes 19 de Mayo

9:00 - 9:50. CONFERENCIA: Jorge Casal (IFEVA, CONICET-UBA y FIL-IIBBA, CONICET) Integration of light and temperature cues in the control of growth.

9:50 - 10:15. Ramiro Rodriguez (IBR, CONICET-UNR) Transcriptional Control of the Cell Cycle in Plants.

10:15 - 10:40. Pablo Manavella (Instituto de Agrobiotecnología del Litoral) Epigenetic regulation of the miRNA pathway.

10:40 - 11:20 . Café

11:20 - 11:45. Juan Pablo Ortiz (IICAR, CONICET) Functional genomics in the study of the reproductive systems of *Paspalum* spp.

11:45 - 12:10. Gabriela Pagnussat (IIB-CONICET) Ferredoxinas Mitocondriales: su rol en una nueva vía de síntesis de esteroides esencial para el desarrollo reproductivo.

12:10 – 12:35. Federico Ariel (IAL, CONICET-UNL) APOLO long noncoding RNA regulates local chromatin loops across the Arabidopsis genome.

12:35 - 13:00. Nicolas Bologna (ETH) Dynamic nucleo-cytoplasmic shuttling of Arabidopsis AGO1 is required for RNA silencing.

13:00 - 13:30. Entrega de Premios y Cierre

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN GEN RELACIONADO CON EL MODO REPRODUCTIVO EN *E. CURVULA*

Pasten MC¹, Selva JP^{1,2}, Echenique VC^{1,3}, Garbus J^{1,4}.

¹Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Universidad Nacional del Sur-CONICET, Bahía Blanca, Argentina. ²Dpto. de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. ³Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. ⁴Dpto. de Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina.

e-mail: echeniq@criba.edu.ar

El pasto llorón (*Eragrostis curvula*) es una gramínea perenne comúnmente utilizada como forrajera en Argentina dada su capacidad para crecer en ambientes semiáridos. Presenta un número básico de cromosomas de $x=10$, incluyendo citotipos con diferentes niveles de ploidía. Los escasos diploides existentes presentan reproducción sexual, mientras que los poliploides se reproducen por apomixis diplospórica, es decir que sus semillas son genéticamente idénticas a la planta madre. Nuestro grupo de trabajo generó un microarreglo basado en un transcriptoma floral de referencia de esta especie. La hibridación con ARN de inflorescencias de genotipos sexuales y apomícticos permitió identificar, mediante análisis bioinformático, genes candidato que regularían el modo reproductivo en *E. curvula*. Para este trabajo se comenzó a estudiar la implicancia de un gen que presenta identidad con un factor de splicing. Para esto se diseñaron pares de cebadores específicos basados en la secuencia del transcripto del gen, que fueron utilizados a través de la técnica de PCR para amplificar ADNs provenientes de genotipos con diferente modo reproductivo y ploidía. Se pudo determinar que esta secuencia se encuentra en los genotipos con reproducción apomíctica y está ausente en los sexuales, para todas las combinaciones de cebadores ensayadas. Es decir que la diferencia de expresión detectada a través del microarreglo se debería a la ausencia del gen en los genotipos sexuales. Mediante secuenciación de los amplicones se espera obtener la secuencia completa del gen y su caracterización y diseñar sondas para conocer, mediante hibridación in situ, la localización y el momento de expresión durante el desarrollo reproductivo.