

BV77. Búsqueda y caracterización de los genes de resistencia (genes R) en girasol

Tolentino, M.A. (1); Contreras Moreira, B. (2); Rivarola, M. (1,3); Lia, V.V. (3); Paniego, N.B. (3); Filippi, C.V. (1,3)*.

(1). Programa Académico para la Investigación e Innovación en Biotecnología, Universidad Nacional de Moreno–UNM, Moreno 1744, Argentina. (2). European Molecular Biology Laboratory, European Bioinformatics Institute, Wellcome Genome Campus, Hinxton, Cambridge CB10 1SD, UK. (3). Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular–IABiMo–INTA-CONICET, Instituto de Biotecnología, Centro de Investigaciones en Ciencias Veterinarias y Agronómicas, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Hurlingham 1686, Argentina. * cfilippi@unm.edu.ar

Los genes de resistencia codifican para proteínas que reconocen patógenos, permitiendo a la planta defenderse de enfermedades. Aquí presentamos la búsqueda y caracterización del repertorio completo de genes de resistencia en girasol, una de las principales oleaginosas en Argentina.

A partir del proteoma de la especie (XRQ-V1.0, 52191 proteínas) y usando tres herramientas públicas (DRAGO2, RRGPredictor y RGAugury), se identificaron 4184 potenciales proteínas codificadas por genes de resistencia, de las cuales 1150 fueron consideradas para estudios posteriores por haber sido identificadas por las tres estrategias. Se estableció una clasificación de 26 categorías para las mismas, basada en combinaciones de dominios proteicos, siendo TM_LRR_STTK (receptor transmembrana tirosina-quinasa, con repeticiones ricas en leucina) la categoría más abundante (n=317 proteínas codificadas por genes R en esta categoría). En paralelo, se exploraron distintas métricas para la caracterización de estos genes, entre ellas longitud de las secuencias codificantes, frecuencias de di y trinucleótidos, su distribución por cromosoma (CHR), agrupamiento en clústeres y, usando datos previos del grupo, la frecuencia de polimorfismos (SNP) entre genes de resistencia y no-R.

Se observó que los genes de resistencia son significativamente más largos que los no-R ($p < 0.001$); no se observaron diferencias en número de SNP/pb (pares de bases) entre ellos. Respecto de su distribución, los CHR13 y CHR06 son los que más y menos genes de resistencia acumulan, respectivamente (145 genes R en CHR13 vs. 33 genes R en CHR06). De los 1150 genes de resistencia putativos, 622 se agrupan en clústeres (2-7 genes/clúster, distancia $< 200\text{Kb}$. entre ellos). Finalmente, la combinación de estos resultados con datos disponibles en bibliografía y generados por nuestro grupo de trabajo, permitió la identificación de 29 genes con potencial interés para su uso en mejoramiento, por encontrarse próximos a regiones asociadas con resistencia a enfermedades. De este modo, este constituye el primer trabajo de identificación y

caracterización del repertorio completo de genes de resistencia en girasol, como potencial insumo para asistir el mejoramiento del cultivo basado en estrategias biotecnológicas.