OM2

**Variación del perfil transcriptómico y metabolómico de la yerba mate en respuesta a sequía**

Acevedo Raúl M.1, Avico Edgardo H.1, González Sergio3, Rodrigues Salvador Acácio2, Rivarola Máximo3, Paniego Norma3, Nunes Nesi Adriano2, Ruiz Oscar4, Sansberro Pedro1\*

1Laboratorio de Biotecnología Aplicada y Genómica Funcional. Instituto de Botánica del Nordeste (UNNE-CONICET). Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE). Sgto. Cabral 2131, W3402BKG, Corrientes, Argentina. 2Departamento de Biologia Vegetal. Universidade Federal de Viçosa. 36570-900 Viçosa, MG, Brazil. 3Instituto de Biotecnología. CICVyA (INTA). CP 1686 Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. 4Unidad de Biotecnología 1. IIB**-**INTECH (UNSAM-CONICET), B7130IWA Chascomús, Argentina.

\*sansber@agr.unne.edu.ar

La sequía es el factor principal que restringe el rendimiento potencial de los cultivos de yerba mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil.), debido a que las plantas frecuentemente están expuestas a situaciones de déficit hídrico durante la primavera o el verano, coincidente con las fases de mayor crecimiento vegetativo y demanda hídrica. Dependiendo de la severidad con que se manifieste el estrés, éste desencadenará el proceso de abscisión foliar y retraso del crecimiento de hojas y tallos (productos cosechables). Por tal motivo, el desarrollo de genotipos que presenten una mayor eficiencia en el uso del recurso y una mayor tolerancia al déficit hídrico constituye uno de los objetivos primordiales del programa de mejoramiento genético. A tal fin, en una primera etapa, se seleccionaron cultivares que presentaban patrones contrastantes de intercambio gaseoso (fotosíntesis y transpiración) en condiciones de campo y posteriormente, se procedió a su caracterización morfo-fisiológica en respuesta a la disminución del contenido de agua del suelo, bajo condiciones ambientales controladas. Finalmente, con el propósito de identificar los mecanismos moleculares que participan en este proceso, utilizamos RNA-seq y bioinformática para estudiar los cambios de expresión que se suscitan en el ámbito de hojas y raíces de un genotipo tolerante; los que, a su vez, fueron relacionados con los productos de las principales vías metabólicas mediante el empleo de cromatografía de gases-espectrometría de masas y actividad enzimática. Discutiremos la respuesta de la planta a sequía mediante el análisis integral de la modulación de sus rutas metabólicas por deducción de la expresión génica diferencial, la variación en el contenido de los metabolitos y la alteración de los procesos morfo-fisiológicos involucrados.