

Defensa de Tesis de Maestría en Biotecnología del Lic. Alfonso Alvarez.

"Identificación, aislamiento y caracterización de genes vegetales expresados diferencialmente en una variedad de soja resistente, en respuesta al agente causal de la Roya Asiática, *Phakopsora pachyrhizi*".

Orientador : Marcos Montesano

Co-orientador: Inés Ponce De León

Tribunal: Dr. Omar Borsani, Dr. Federico Battistoni y Dra. Carina Gaggero.

La defensa se llevará a cabo el viernes 23 de marzo a las 11:00 hrs. en el salón de actos del CIN.

RESUMEN

"La soja (*Glycine max*) es una especie perteneciente a la familia de las leguminosas (*Fabaceae*), que debido al alto contenido proteico y de aceites en sus semillas es ampliamente utilizada tanto a nivel alimenticio como industrial. En relación a nuestro país, el cultivo de soja aumentó de forma considerable durante los últimos años. En el año 2000/2001 el área cultivada fue de aproximadamente 12.000 hectáreas (ha), mientras que en el año 2009/2010 alcanzó las 863.000 ha, constituyéndose en el principal cultivo del Uruguay. La enfermedad conocida como Roya de la Soja es causada por el hongo *Phakopsora pachyrhizi* (*P. pachyrhizi*) y está considerada como una de las enfermedades foliares más destructivas de la soja, llegando a provocar pérdidas de hasta un 75% en su rendimiento. Si bien la aplicación de pesticidas puede reducir las pérdidas en los cultivos, la utilización de cultivares resistentes a *P. pachyrhizi* parece la mejor alternativa para el control de la enfermedad, disminuyendo así la aplicación de estos productos químicos, los cuales son perjudiciales para los humanos y el medio ambiente.

En el presente trabajo se identificaron genes vegetales expresados diferencialmente en respuesta a la infección por

P. pachyrhizi. Mediante la técnica "Supressive Subtractive Hybridization" (SSH) construimos 2 bibliotecas de expresión diferencial a partir de ARNs totales obtenidos de plantas resistentes (cultivar PI594754) inoculadas con esporas de este patógeno y plantas control tratadas con agua. Se obtuvieron más de 700 clones los cuales fueron secuenciados y analizados en bancos de datos. Por último se caracterizó la expresión de algunos genes identificados en respuesta a la infección por *P. pachyrhizi*. "