

## **Análisis del transcriptoma de dos cultivares de soja en respuesta a la infección con *Diaporthe caulivora***

Mena, E.<sup>1</sup>; Reboledo, G.<sup>1</sup>; Stewart, S.<sup>2</sup>; Montesano, M.<sup>1,3</sup>; Ponce de León, I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Biología Molecular, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Montevideo, Uruguay

<sup>2</sup> Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Programa Nacional de Cultivos de Secano, La Estanzuela, Colonia, Uruguay

<sup>3</sup> Laboratorio de Fisiología Vegetal, Centro de Investigaciones Nucleares, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay

Email: eilyn.mena@gmail.com

En Uruguay la soja constituye el principal producto de exportación. Una de las enfermedades que afecta este cultivo es el cancro del tallo, causado por *Diaporthe caulivora*. En este estudio se compararon dos cultivares de soja contrastantes, Williams (susceptible) y Génesis 5601 (resistente), en respuesta a la infección con *D. caulivora*. La enfermedad se desarrolla en ambos cultivares, observándose mayor largo de las lesiones y biomasa del patógeno en el cultivar Williams. Mediante análisis transcriptómicos, se observaron diferentes patrones de expresión de genes entre plantas inoculadas respecto a sus controles y también entre cultivares. En condiciones basales Genesis 5601 presenta mayor expresión de genes que codifican receptores involucrados en detectar a los patógenos y genes relacionados con la defensa vegetal. Además, se observó una activación de la respuesta de defensa más rápida en el cultivar resistente, detectándose a tiempos tempranos 1028 genes sobreexpresados en Genesis 5601 y solo 434 genes en Williams. Los patrones de expresión de genes regulados positivamente y el análisis de enriquecimiento de ontología mostraron que en la activación de defensa vegetal juegan un rol importante la percepción del patógeno, la señalización, las vías hormonales, la ruta de los fenilpropanoides y las proteínas relacionadas con la patogenicidad. Los resultados obtenidos constituyen aportes originales sobre este patosistema y brindan información relevante sobre las bases moleculares y la activación de mecanismos de defensa en la interacción soja-*D. caulivora*, los cuales pueden ser utilizados en los programas de mejoramiento de la soja.

Palabras clave: cancro del tallo de la soja, expresión diferencial de genes, genes de defensa vegetal.

Financiamiento: Proyecto CSIC: "Receptores involucrados en la defensa vegetal frente a patógenos: Un abordaje evolutivo funcional y biotecnológico". Proyecto Fondo Clemente Estable FCE\_3\_2022\_1\_172688: "Estudio de los mecanismos de patogenicidad en especies del complejo *Diaporthe/Phomopsis* causantes del cancro del tallo de *Glycine max* en Uruguay"

Preferencia: Oral o póster (indiferente)