

NUEVAS ESTRATEGIAS PARA LA INTRODUCCIÓN DE RESISTENCIA A *RALSTONIA SOLANACEARUM* EN PAPA – INTRODUCCIÓN DEL RECEPTOR EFR DE *ARABIDOPSIS THALIANA*

Fort S.^{1,2*}; Ferreira V.¹; Murchio S.²; Schwartzman C.²; Vilaró F.²; Galván G.³; Siri M.I.¹; Dalla Rizza M.²

La papa comercial (*Solanum tuberosum* L.) representa el tercer cultivo alimenticio a nivel mundial. Su producción se ve comprometida por la marchitez bacteriana (BW) causada por *Ralstonia solanacearum* (Rs). Si bien se han identificado especies Solanaceas silvestres con resistencia, no se cuenta con cultivares resistentes de interés agronómico. Para avanzar en la introducción de resistencia a esta enfermedad, nuestro grupo incorporó en papa el receptor EFR de *Arabidopsis thaliana* (AtEFR), el cual reconoce el factor de elongación Tu conservado en bacterias. Este reconocimiento desencadena la respuesta de defensa PTI (*Patron-Triggered Immunity*). AtEFR fue transformado en un cultivar comercial susceptible (INIA Iporá) y en un clon avanzado del programa de mejoramiento con resistencia parcial por introgresión de genes de la especie silvestre *S. commersonii*, constituyendo un enfoque innovador donde se combinan estrategias de mejoramiento convencional con ingeniería genética.

El objetivo de este trabajo es caracterizar el efecto de AtEFR en la respuesta de defensa frente a BW. Se evaluó el progreso de la enfermedad mediante ensayos de inoculación en cámara de crecimiento y en macrotunel, verificando por ambos métodos, un retraso y disminución de la severidad de los síntomas de marchitamiento en los genotipos transformados. También se observaron patrones de colonización diferencial en los distintos genotipos, obtenidos mediante inoculación con cepas de Rs reporteras luminiscentes y fluorescentes. Por último, se presentarán los resultados más recientes, donde se evaluó, mediante cuantificación relativa por qPCR, la expresión de genes marcadores de la respuesta PTI, observándose una mayor inducción en las plantas transgénicas EFR. Finalmente, se presentará como perspectiva la realización de un análisis transcriptómico masivo (RNA-Seq), para identificar genes asociados a la respuesta mediada por el reconocimiento EFR/EF-Tu, así como el efecto de genes de resistencia menores introgresados por mejoramiento convencional.

¹ Laboratorio de Microbiología Molecular, DEPPIO, Facultad de Química, UDELAR

² Unidad de Biotecnología, INIA Las Brujas Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay

³ Centro Regional Sur, Facultad de Agronomía, UDELAR

*sofiifort@gmail.com