

## FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS

### EL ROL DE LA REGULACIÓN TRANSCRIPCIONAL EN LA EFICIENCIA DE LA SIMBIOSIS FIJADORA DE NITRÓGENO

Roda, Carla

Blanco, Flavio (Dir.)

Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM). Facultad de Ciencias Exactas, UNLP.

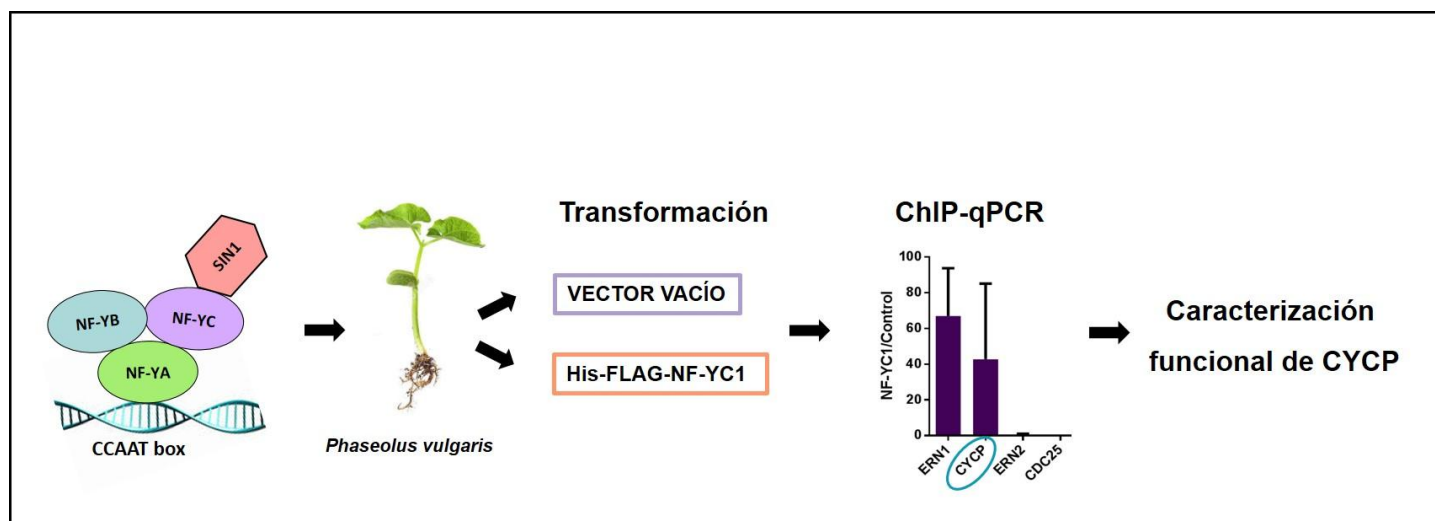
[carlaroda.cr@gmail.com](mailto:carlaroda.cr@gmail.com)

**PALABRAS CLAVE:** Simbiosis, Nitrógeno, Transcripción, Ciclina, Leguminosas.

#### ROLE OF TRANSCRIPTIONAL REGULATION IN THE EFFICIENCY OF NITROGEN-FIXING SYMBIOSIS

**KEYWORDS:** Symbiosis, Nitrogen, Transcription, Cyclin, Legumes.

### Resumen gráfico



## Resumen

El nitrógeno es un macronutriente esencial para todos los seres vivos. A pesar de su abundancia en la atmósfera, sólo un limitado número de microorganismos es capaz de asimilarlo el nitrógeno de manera directa. En los sistemas agrícolas, el nitrógeno es provisto en la forma de fertilizantes químicos. Sin embargo, la utilización indiscriminada de fertilizantes trae aparejado graves problemas ambientales y socio-económicos. La fijación biológica de nitrógeno (FBN) constituye una alternativa promisoriosa, debido a su bajo costo de implementación y la sustentabilidad del proceso. Las leguminosas de grano, utilizadas para el consumo humano y de ganado, incluyen las especies de mayor interés comercial, tanto a nivel global como local. El poroto es la leguminosa de grano más importante para el consumo humano. En los últimos años en nuestro grupo de investigación hemos avanzado en el estudio de los genes de poroto (*Phaseolus vulgaris*) vinculados a la nodulación. Estos estudios han permitido identificar nuevos genes vinculados a la simbiosis. En particular, nos hemos enfocado en la caracterización de los mecanismos moleculares de la planta que le permiten discriminar y seleccionar aquellas cepas de *Rhizobium etli* más eficientes en la nodulación, y consecuentemente en la producción de formas de nitrógeno asimilables para la planta. Estudios transcriptómicos nos han permitido identificar transcriptos que se acumulan diferencialmente en respuesta a

cepas de rizobio que son seleccionados por la planta y que presentan una mayor eficiencia simbiótica (Dalla Via et al., 2015). A partir de esta información se identificaron RNAs no codificantes pequeños (miRNAs y siRNAs), RNAs no codificantes largos (lncRNAs) y mRNAs que codifican proteínas que participan del silenciamiento transcripcional. Teniendo en cuenta que estudios previos en nuestro laboratorio llevaron a la identificación y caracterización de factores de transcripción y de RNAs no codificantes (ncRNAs) asociados a la nodulación eficiente en poroto, el objetivo general de este trabajo es profundizar la caracterización de la regulación y función de los genes NF-Y y SIN1 y explorar la red transcripcional controlada por los productos de dichos genes. Por otro lado, se pretende además explorar la función de un grupo de proteínas involucradas en los mecanismos de acción de ncRNAs, en el proceso de selección de los partners simbióticos, infección bacteriana y organogénesis de nódulos fijadores de nitrógeno en *P. vulgaris*. Los objetivos particulares son:

- 1-Estudiar de la función de los genes Phvul.003G281400 y Phvul.004G006200 en el contexto de la nodulación eficiente.
- 2-Caracterizar la función del gen PvCYCP que codifica la ciclina de tipo P.
- 3-Identificar los genes controlados, directa o indirectamente, por los factores de transcripción NF-Y y SIN1 en respuesta a la simbiosis.

## Multimedia

<http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/113960>