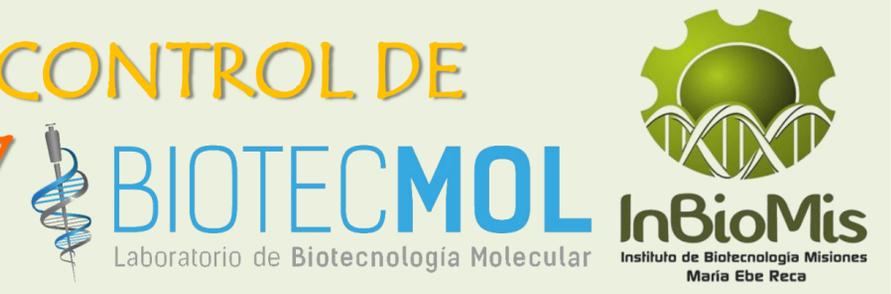




GENES INVOLUCRADOS EN MECANISMOS DE BIOCONTROL DE

TRICHODERMA KONINGIOPSIS POS7

CASTRILLO, M. L. ^{a,b}; AMERIO N. S. ^{a,b}; BARENGO, M. P. ^{a,b}; BICH, G. A. ^{a,b}; VILLALBA, L. L. ^a; SAPARRAT, C. M. N. ^{b,c,d,e}; ZAPATA, P. D. ^{a,b}



1ras Jornadas Institucionales

- a) Laboratorio de Biotecnología Molecular. Instituto de Biotecnología Misiones. Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales. Universidad Nacional de Misiones.
- b) CONICET
- c) Instituto de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina.
- d) Instituto de Botánica Carlos Spegazzini, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina.
- e) Cátedra de Microbiología Agrícola, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

→ INTRODUCCIÓN

La capacidad de producir antibióticos y enzimas, inducir resistencia sistémica en plantas y parasitar hongos fitopatógenos, junto con una gran versatilidad metabólica y la fuerte capacidad de competencia, hacen que diversos aislados de *Trichoderma* spp. puedan resultar interesantes, promisorios, efectivos e innovadores en su uso como biofertilizantes y bioplaguicidas. El advenimiento de la visión -ómica en conjunción con otras herramientas moleculares ha acelerado la capacidad de descubrir, identificar, localizar y caracterizar genes de importancia biológica y tecnológica y a su vez conocer los promotores génicos con potencial aplicación en el control de la activación de la síntesis de enzimas blanco. En trabajos previos nuestro grupo de trabajo ha seleccionado un aislamiento de *Trichoderma koningiopsis* POS7, nativo de Misiones, por presentar amplia capacidad biocontroladora *in vitro* y ha secuenciado su genoma mediante la tecnología Illumina. El análisis de los datos aportados por la secuenciación del genoma de este hongo, mejorará nuestra comprensión sobre las bases genéticas y moleculares del proceso implicado en el control de la activación de la síntesis de enzimas involucradas en el biocontrol de plagas que atacan plantaciones de interés agronómico y forestal, lo que impactará en el ámbito económico y ambiental en respuesta a que incitará a reducir el uso de agroquímicos.

→ MATERIALES, MÉTODOS Y RESULTADOS

Se generó una base de datos interna de genes y potenciales inductores implicados en la regulación de la síntesis de enzimas involucradas en el ataque a plagas de impacto agro-forestal. Este procedimiento permitió determinar que la cepa *T. koningiopsis* POS7 es portadora en su genoma de genes que codifican enzimas quitinasas, β -1.3-glucanasas y proteasas, implicadas en procesos de biocontrol. A partir de la anotación y caracterización estructural y funcional de estos genes, se realizó un exhaustivo análisis a fin de localizar las regiones reguladoras de los mismos y determinar la existencia de elementos de respuesta implicados en el control de activación de la síntesis de las enzimas de interés (Figura 1). Este procedimiento permitió determinar que en la región reguladora de todos los genes de interés se localizaban secuencias reguladoras como ser cajas TATA, cajas CAAT y CAAT invertidas, además de varios elementos de respuesta como ser elemento de respuesta al estrés fisiológico (STRE), relacionados a la represión catabólica por carbono (CreI, CreA), relacionados a la represión catabólica por nitrógeno (AreA), sitios de unión para el factor de la conidiación (AbaA) y sitios de unión putativos para proteínas con funciones reguladoras durante el micoparasitismo (MYC1, MYC2, MYC3 y MYC4) (Figura 2).

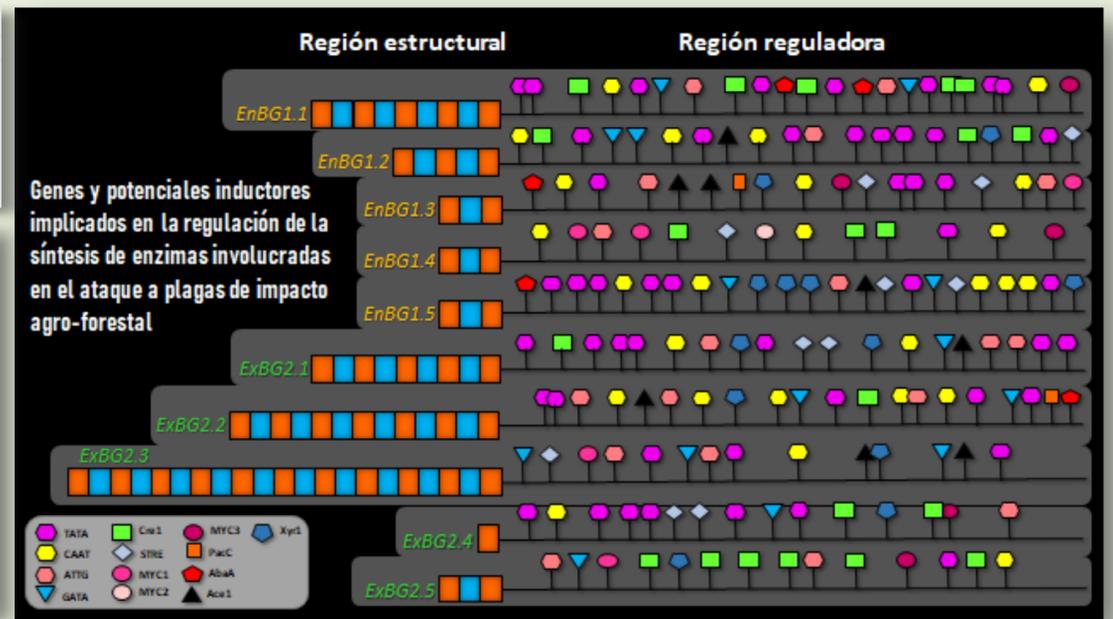
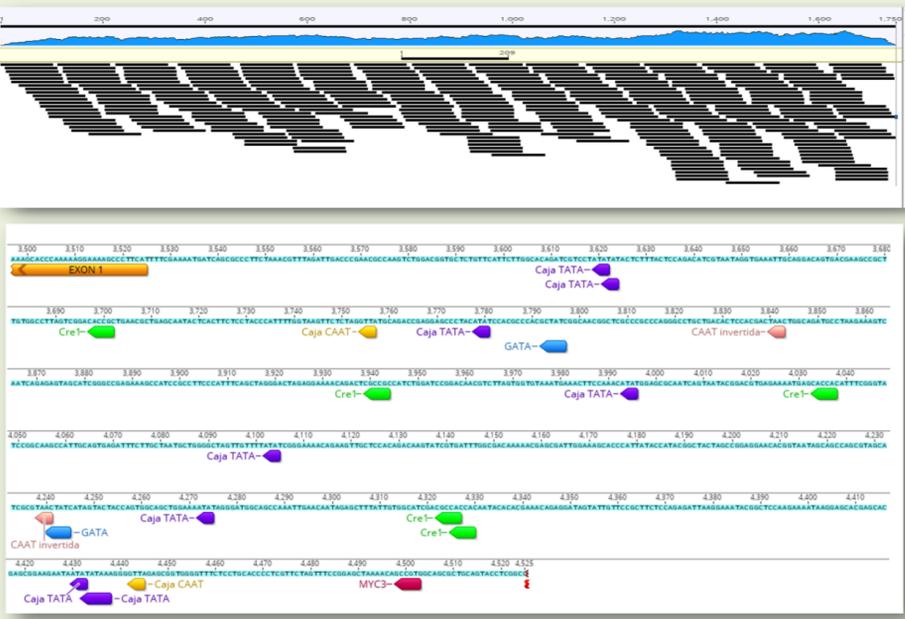


Figura 1: Procedimiento de mapeo por homología y localización de elementos de respuesta. Figura 2: Elementos de respuesta implicados en la regulación de la síntesis de enzimas involucradas en biocontrol.

→ CONCLUSIONES

Todo este procedimiento permitió determinar que evaluar diferentes concentraciones de determinadas fuentes de carbono y nitrógeno permitirán optimizar la secreción de las enzimas implicadas en el proceso de control biológico (proteasas, quitinasas y β -1.3-glucanasas) por el aislamiento de *T. koningiopsis* POS7 en condiciones de laboratorio.