

Genómica funcional del proceso de senescencia foliar en girasol: identificación de vías metabólicas y genes candidatos mediante la integración de datos transcriptómicos, metabolómicos y fenotípicos

Moschen Sebastián^{a,b}, Nicosia Salvador^{a,b}, Marino Johanna^c, Rivarola Maximo^{a,b}, Alvarez Daniel^d, Dosio Guillermo^{b,e}, Nicolas Langlade^d, Paniego Norma^{a,b}, Heinz Ruth^{a,b}, Fernandez Paula^{a,b,c}

a- Instituto de Biotecnología, CICVyA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

b- Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Buenos Aires, Argentina.

c- Escuela de Ciencia y Tecnología, Universidad Nacional de San Martín. San Martín. Buenos Aires, Argentina.

d- EEA, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Manfredi Córdoba, Argentina.

e- Unidad Integrada EEA Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria Balcarce-Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina.

d- Laboratoire Interactions Plantes Microorganismes. INRA-CNRS. Toulouse, France

La senescencia foliar es un mecanismo complejo controlado por múltiples variables genéticas y ambientales, con un efecto directo sobre el rendimiento del cultivo. Es la última etapa en el desarrollo de la hoja, caracterizado por la disminución en la actividad fotosintética, reciclaje de nutrientes y muerte celular.

El objetivo de este trabajo fue caracterizar fisiológica y molecularmente genotipos de girasol contrastantes para el proceso de senescencia foliar, pertenecientes al Banco de Germoplasma de INTA, mediante distintas estrategias ómicas de alta procesividad.

Los genotipos R453 y B481-6, con fenotipos de senescencia temprana y tardía respectivamente, fueron seleccionados de un total de 150 genotipos mediante técnicas fisiológicas, citológicas y moleculares. Asimismo, estos genotipos fueron luego empleados para evaluar el proceso de senescencia foliar post-antesis a través de una aproximación de biología de sistemas realizando nuevas mediciones ecofisiológicas, transcriptómicas (*RNAseq*) y metabolómicas.

La integración de perfiles de expresión génicos y metabólicos evidenció una activación temprana del proceso en el genotipo de senescencia temprana (R453), asociado a una activación de las vías de degradación de proteínas, lípidos y componente de pared celular y en asociación con el reciclaje de nutrientes. Además, este genotipo mostró altos niveles de expresión de factores de transcripción de las familias NAC, MYB y WRKY, algunos de ellos reportados como asociados a la senescencia en especies modelo.

Factores de transcripción seleccionados como posibles activadores del proceso, fueron clonados y sobreexpresados en *Arabidopsis* a fin de caracterizarlos funcionalmente. Estas plantas de *Arabidopsis* transgénicas fueron evaluadas, adicionalmente, en la plataforma de fenotipado Phenopsis (INRA – Montpellier).

Los resultados de este trabajo comprenden una visión global de la senescencia foliar post-antesis a niveles fisiológicos, transcriptómicos y metabólicos que permitirán ayudar a comprender los mecanismos moleculares asociados con este proceso. Los cuales resultan claves para el mejoramiento genético del cultivo.