

Programa de Genómica Funcional de Eucariotes

Responsable del Programa: Georgina Hernández D, Ph.D.

Este programa de investigación estudia a las PLANTAS, cómo modelo representativo de los sistemas eucariotes, analizando interacciones entre los vegetales y los microorganismos. Incluye cuatro grupos de investigación liderados por los investigadores: Dra. Georgina Hernández, Dr. Mario Serrano, Dr. Damien Formey y Dr. Jesús Montiel.

Tres líneas de investigación del programa estudian la simbiosis leguminosa-rhizobia. Plantas de la familia de las leguminosas han desarrollado la capacidad de crecer en suelos privados de nitrógeno mediante la interacción con bacterias del suelo conocidas como rhizobios. Los dos socios han co-evolucionado hacia una interacción muy compleja y positiva para ambos, en la que se lleva a cabo la fijación simbiótica del nitrógeno atmosférico y así mantener el crecimiento vegetal.

- 1. Grupo de Georgina Hernández.** Su línea de investigación se centra en el frijol (*Phaseolus vulgaris*), la leguminosa más importante para el consumo humano. Esta incluye la genómica funcional / genética del frijol para el análisis de la fijación biológica de nitrógeno en la simbiosis con rhizobia y la respuesta de la planta a estrés abiótico. El objetivo principal es descubrir nuevos reguladores globales de la simbiosis frijol-rhizobia, tanto reguladores transcripcionales (factores de transcripción) como post-transcripcionales (microRNAs). Además se explora la regulación post-transcripcional por el "Splicing Alternativo" en la simbiosis frijol-rhizobia.
- 2. Grupo de Damien Formey.** Su línea de investigación es la caracterización y el análisis de la evolución de los ARN pequeños involucrados en las interacciones planta-microorganismo. Utilizando el modelo de interacción *Phaseolus vulgaris* / rhizobios, el proyecto se enfoca en los microARB involucrados en la regulación de la fijación simbiótica de nitrógeno, desde el intercambio de factores difusibles hasta la senescencia de los órganos simbióticos llamados nódulos. Varios de estos ARN pequeños son específicos del frijol común y proveen nuevas percepciones de la co-evolución entre las bacterias y su hospedero.
- 3. Grupo de Jesús Montiel.** Su línea de investigación está enfocada en generar y caracterizar mutantes en la leguminosa modelo *Lotus japonicus*, las cuales estén afectadas en el proceso de colonización simbiótica por bacterias fijadoras de nitrógeno. Esto incluye mecanismos de infección intracelular (mediante hilos de infección en pelos radicales) o intercelular (crack entry y entre las células epidermales). La información recabada se utiliza para explorar el papel de las secuencias ortólogas en la simbiosis frijol-rhizobium. El objetivo primordial es la identificación de jugadores moleculares en las leguminosas que permiten el establecimiento de asociaciones mutualistas. "

Otra línea de investigación del programa estudia la inmunidad innata vegetal.

- 4. Grupo de Mario Serrano.** Su línea de investigación es la caracterización de la inmunidad innata al hongo necrótrofo *Botrytis cinerea* (moho gris), que se considera el segundo hongo fitopatógeno más dañino para la agricultura. Las primeras interacciones entre las plantas y los hongos tienen lugar en la epidermis, donde la planta no solo tiene la primera barrera física, que incluye la cutícula en los órganos aéreos, sino es donde los organismos se reconocen mutuamente y potencialmente la inmunidad innata vegetal es inducida. Nuestro objetivo es el identificar y caracterizar los elementos moleculares que vinculan cambios en la cutícula y la inducción de la inmunidad innata de las plantas, utilizamos el modelo de interacción *Arabidopsis thaliana*-*Botrytis cinerea* y las herramientas de genética tradicional y genómica química. Así mismo, estamos interesados en identificar y caracterizar molecularmente bioestimulantes provenientes del microbioma de animales y plantas, que ayuden a limitar el daño causado por este fitopatógeno.

