

# COMPARACIÓN DEL PERFIL METABOLÓMICO POR RMN DE PLANTAS SANAS E INFECTADAS CON DISTINTOS FITOPATÓGENOS



Denis N<sup>1</sup>., Ferreira V. <sup>1</sup>, López A.<sup>2</sup>, Croce V. <sup>1</sup>, Perez M.<sup>1</sup>, Pianzola M.J.<sup>1</sup>, Moyna G.<sup>2</sup>, Siri M.I.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Área de Microbiología, Departamento de Biociencias, Facultad de Química, UdelaR<sup>1</sup>

<sup>2</sup>Centro Universitario Región Litoral Norte, UdelaR<sup>2</sup>

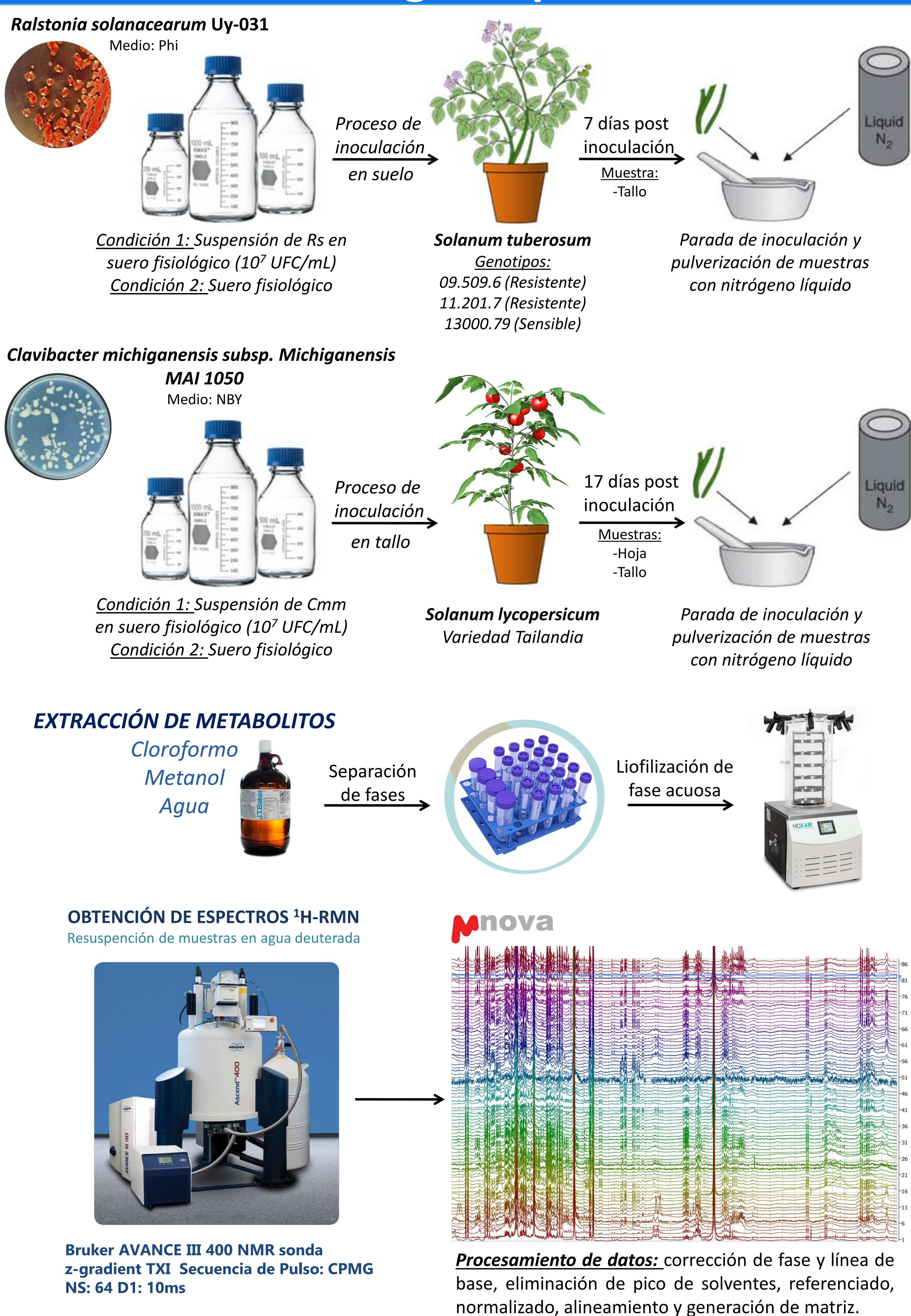
nicoldenis9@gmail.com



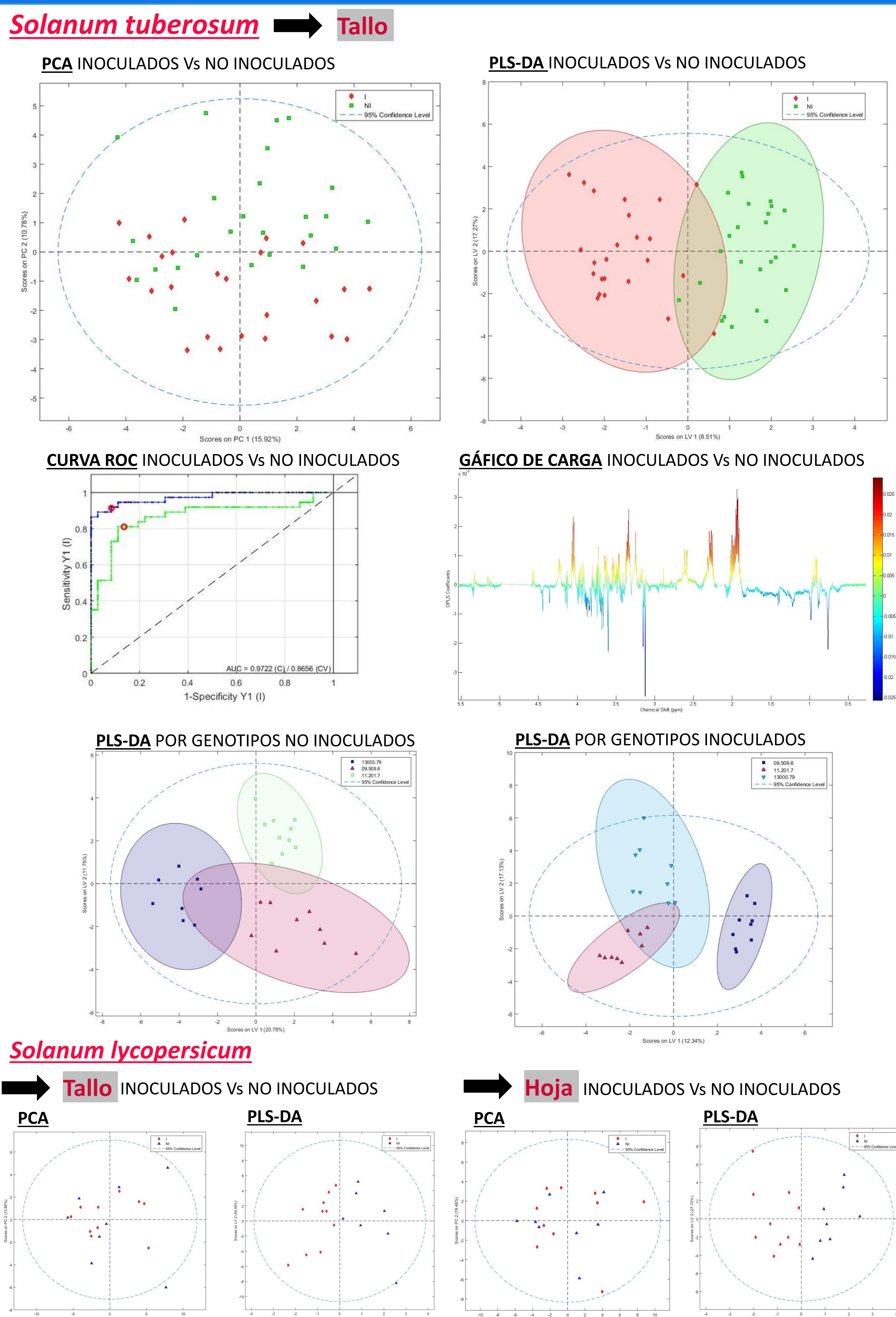
## Introducción

Este trabajo apunta a evaluar nuevas herramientas de estudio en el campo de las interacciones de plantas con patógenos bacterianos. Se utilizaron como modelo dos bacterias patógenas de relevancia para los cultivos de papa y tomate, principales cultivos hortícolas de nuestro país. La marchitez bacteriana causada por *Ralstonia solanacearum* (Rs) constituye la principal enfermedad de origen bacteriano para el cultivo de papa; *Clavibacter michiganensis subsp. michiganensis* (Cmm) es el patógeno responsable del cancro bacteriano del tomate, uno de los principales problemas fitosanitarios que afecta dicho cultivo a nivel mundial. El objetivo del presente trabajo es realizar un estudio comparativo de los perfiles metabólicos en plantas sanas e infectadas y evaluar si existe una correlación con los niveles de resistencia de las plantas evaluadas. Para ello, se utilizó un abordaje metabolómico basado en el análisis por espectrometría de resonancia magnética nuclear (<sup>1</sup>H-RMN). Se analizaron diferentes tejidos, se extrajeron los metabolitos y se obtuvieron los espectros de RMN. Los resultados obtenidos muestran una clara diferenciación de los perfiles metabólicos de plantas sanas e infectadas en ambos patosistemas evaluados. En el caso de papa, adicionalmente se lograron diferenciar los perfiles metabólicos en función de los niveles de resistencia observados frente a la infección con Rs. Estos resultados son promisorios y muestran el potencial del abordaje metabolómico como herramienta para mejorar la selección de genotipos con resistencia a estas enfermedades.

## Metodología Experimental



## Resultados



**Análisis Estadístico (PLS ToolBox –Matlab): PCA, OPLS-DA**

## Conclusiones y Perspectivas

- El enfoque metabolómico basado en RMN de tallo de *Solanum tuberosum* fue capaz de diferenciar los perfiles metabólicos de plantas infectadas frente a las no infectadas con *Ralstonia solanacearum*.
- Se observó la separación de grupos según su genotipo tanto en plantas infectadas como no infectadas. La elucidación de metabolitos relevantes inducidos después de la infección con RS y los metabolitos responsables de la resistencia a la marchitez bacteriana en clones avanzados de papa están actualmente en progreso.
- Se pudo validar el modelo metabolómico con estas condiciones de trabajo. El modelo se validó por: random subsets (20 iteraciones), curvas ROC, y test de permutaciones.
- En *Solanum lycopersicum* no se pudo validar el modelo metabolómico, esto se atribuye a la cantidad de réplicas. Por lo tanto, se planea repetir el ensayo aumentando el número de muestras y utilizando mas variedades de esta planta.

## Referencias

- [1] Siri M.I., Sanabria A., Pianzola M.J. (2011) Genetic and aggressiveness evaluation of *Ralstonia solanacearum* strains causing bacterial wilt of potato in Uruguay. Plant Disease, 95(10): 1292-1301
- [2] Fatmi, M., & Schaad, N. W. (2002). Survival of *Clavibacter michiganensis ssp. michiganensis* in infected tomato stems under natural field conditions in California, Ohio and Morocco. Plant Pathology, 51(2), 149–154.
- [3] Kim H. K., Choi Y. H., Verpoorte R. (2010). NMR-based metabolomic analysis of plants. Nature Protocols, 5(3), 536–549

**Agradecimientos  
y  
Financiación**



**BIOCIENCIAS**  
II Congreso Nacional 2019  
Proyecto  
CSIC I+D 1514

