

Ana María Bossa<sup>1\*</sup>, Andrea Vásquez<sup>1</sup>, Pablo Vanegas<sup>1</sup>, Nini Adriana Bernal<sup>1</sup>, Vivian Bernal<sup>1</sup>, Mariana Schuster<sup>1</sup>, Catalina Escovar<sup>1</sup>, Camilo López<sup>1</sup>

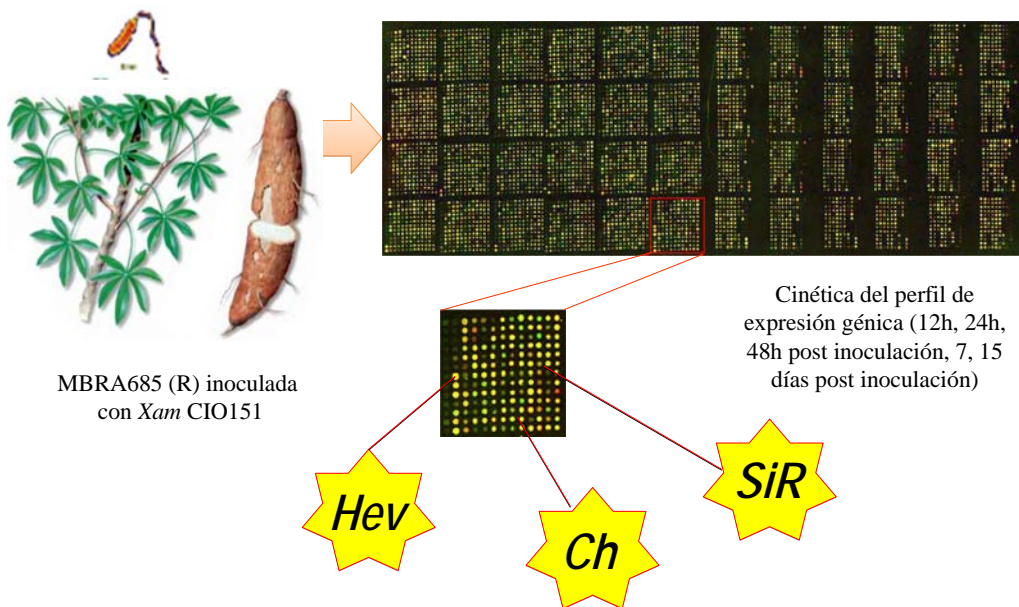
<sup>1</sup> Grupo de Investigación Manihot Biotec, Departamento de Biología, Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

\*Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Palmira, Colombia. celopezc@unal.edu.co

## Introducción

La yuca, *Manihot esculenta* Crantz, es la base alimentaria para más de mil millones de personas en el mundo. Una de las mayores limitantes en la producción del cultivo es la bacteriosis vascular causada por *Xanthomonas axonopodis* pv *manihotis* (*Xam*).

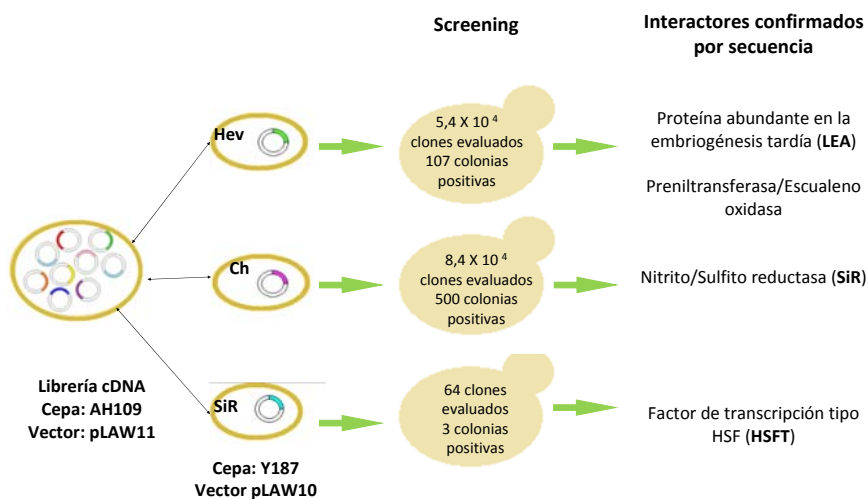
Mediante microarreglos conteniendo 5700 ESTs de yuca fue posible identificar 122 genes inducidos en respuesta a *Xam*, dentro de los cuales los más sobreexpresados fueron los genes *Hevamina* (*Hev*), *Quitinasa* (*Ch*) y *Sulfito reductasa* (*SiR*) (López et al, 2005).



## Caracterizar redes de interacciones entre las proteínas Hevamina, Quitinasa, Sulfito Reductasa y el proteoma de yuca, utilizando la técnica de doble híbrido en levaduras

## Metodología y Resultados

Los genes *Hev*, *Ch* y *SiR* fueron amplificados a partir de las variedades de yuca SG 107-35 y MBra685, se clonaron en vectores de expresión para doble híbrido y fueron transformados a *Saccharomyces cerevisiae*, para producir proteínas carnada. Con el fin de generar proteínas presa, se realizó la transformación de la librería de ADNc de plantas *in vitro* de la variedad SG 107-35 de yuca, previamente inoculadas con la cepa CIO151 (González & López, 2008). Se llevaron a cabo los *matings* respectivos para cada proteína y se obtuvieron los posibles interactores. Para su confirmación, se realizó un *mating* 1:1 y la secuenciación del fragmento ADNc que codifica para las proteínas presa.



## Conclusiones

Este trabajo se constituye en un primer paso al conocimiento de las vías de señalización inducidas por el ataque de *Xam* en variedades resistentes de yuca.

El descubrimiento de éstos interactores y las funciones en las que se encuentran involucrados, establecen un punto de partida para posteriores análisis que permitan plantear un modelo de las redes de interacciones presentes en la inmunidad de yuca. Esto con el fin último de utilizar este conocimiento en la aplicación de estrategias moleculares para la generación de plantas de yuca resistentes a la bacteriosis vascular.

## Agradecimientos

Al Dr. R. Michelmore (UC, Davis) por proveernos los vectores pLAW11, pLAW10 y las cepas AH109 y Y187. A Juliana Gil, por su apoyo metodológico.

