

## Introducción

El cultivo de garbanzo tiene una producción mundial de 15 millones de toneladas y es la tercera legumbre más producida luego de los porotos y las arvejas. Su producción en Argentina ha ubicado al país en el ranking de los principales exportadores. La provincia de Córdoba es una de las mayores productoras y ha adoptado al cultivo como alternativa invernal en las rotaciones agrícolas. La rabia del garbanzo, enfermedad foliar de origen fúngico causada por el hongo *Ascochyta rabiei*, es una de las limitantes sanitarias que más afectan al cultivo. En ataques severos de la enfermedad se han reportado pérdidas de hasta el 100% del lote. Hasta el momento no se cuenta con variedades resistentes para el manejo de la enfermedad y los mecanismos involucrados en la interacción planta microorganismo no se conocen con claridad. Sin embargo la existencia



Figura 1. “Rabia del garbanzo” a campo

## Objetivo

El objetivo de este trabajo fue estudiar la expresión de proteínas presentes en la interacción planta-patógeno en un cultivar enfermo y en la planta sana.

## Material vegetal:

Se cultivaron en invernadero plantas de garbanzo del cultivar susceptible a *A. rabiei* Chañaritos S-156. La mitad de las mismas fueron inoculadas, en estadio V3-V4, con una suspensión de esporas del hongo a concentración  $1 \times 10^5$ . Se aportó HR del 100% durante 48 horas post inoculación. Luego, y hasta manifestar síntomas típicos de la enfermedad, la humedad se mantuvo cercana al 60%.

## Extracción de proteínas totales y cuantificación:

A partir de 1g de hojas enfermas y sanas se extrajeron las proteínas totales, se concentraron con acetona y se re-suspendieron en buffer fosfato para su almacenamiento. La concentración proteica de los extractos se cuantificó mediante el método de Bradford.

## Electroforesis SDS-Page

Los extractos se analizaron mediante electroforesis en gel de poliacrilamida al 12,5%. Se sembraron  $20 \mu\text{g}$  de proteínas en cada calle, junto con buffer de siembra.

Luego de la corrida, el gel se sumergió toda la noche en solución de tinción con Coomassie Blue. Luego de desteñir el gel se analizó el patrón de bandas obtenido.



Figura 2. Esquema de extracción y análisis proteico.

# Resultados y conclusión

Como resultado se destaca la presencia de dos bandas distintivas, una de aproximadamente 45 kDa y otra de 10 kDa que se encuentran sobre expresadas en el tratamiento sano y que apenas se distinguen en el enfermo. También se observaron dos bandas en el rango de 25-37kDa y una de 18kDa que se ven claramente en el tratamiento enfermo, pero no en el sano. Los resultados obtenidos indican diferencias en la expresión proteica frente a la interacción planta-patógeno. Estas proteínas podrían estar relacionadas a mecanismos de defensa activados por la planta frente a la infección, por lo que su identificación resulta primordial para evaluar su rol en el pato-sistema. Esta información puede ser de utilidad para la selección de cultivares resistentes en un futuro.

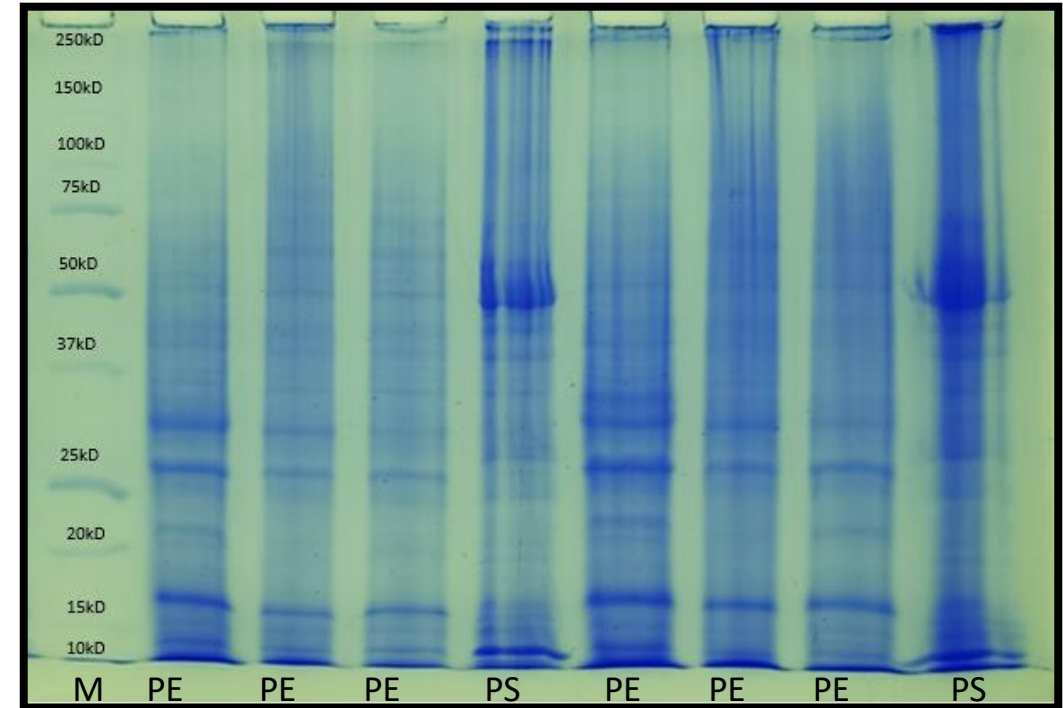


Figura 3. Gel de poliacrilamida teñido con Coomassie blue. PE: Planta enferma. PS: Planta sana. M: Marcador de peso molecular.

**Financiamiento:** Proyectos INTA: I090 y Proyecto I132; Fundación ArgenINTA.