

VARIABILIDAD GENÉTICA Y GENÓMICA FUNCIONAL DE YERBA MATE NATIVA Y CULTIVADA: VALORACIÓN DEL PATRIMONIO GENÉTICO.

Carina F. Argüelles¹²; Liliana N. Talavera-Stéfani¹²; Jéssica V. Fay¹²; Cecilia B. Percuoco¹²;
Sergio Litviñuk¹²; Luis A. Brumovsky¹³; Julián Ferreras¹²; Marcos M. Miretti¹²

El cultivo de la Yerba Mate (YM), *Ilex paraguariensis*, A. St.-Hil 1999 (Aquifoliaceae) es la principal actividad agrícola y comercial de Misiones, cuantificada en hectáreas cultivadas, en producto bruto, generación de empleo y actividades económicas asociadas; tiene además un marcado alcance social y un impacto definitivo en la historia demográfica del NEA. En Misiones se encuentra el 90% de la superficie cultivada de YM. Las investigaciones relacionadas con el contenido de principios activos y sus propiedades en salud humana son muy recientes, incipientes y promisorias. La YM representa el patrimonio económico, histórico y cultural de la provincia de Misiones, sin embargo, conocemos muy poco sobre el acervo genético y el genoma funcional de este patrimonio. Los datos genómicos actualmente disponibles en YM son negligibles, pero serán fundamentales para caracterizar el patrimonio genético, para el diseño de programas de conservación, para mapear la diversidad y conocer la base genética asociada a características de interés económico (contenido de polifenoles y metilxantinas, mejoramiento genético relacionado con aumento de la producción y resistencia a factores bióticos y abióticos), para desarrollar nuevas aplicaciones biotecnológicas que expandan el potencial de la YM como materia prima para la elaboración de productos comerciales, tanto alimentarios como medicinales y cosméticos. Para el presente trabajo se definieron tres objetivos específicos (a) realizar una caracterización exhaustiva del patrimonio genético de la YM nativa y cultivada (b) investigar el perfil genético de grupos de plantas YM con contenido de polifenoles contrastantes (altos y bajos) y (c) investigar la diversidad en la porción codificante (transcriptoma) del genoma de individuos representativos de distintos grupos genéticos y verificar diferencias en perfiles de expresión génica potencialmente asociadas a grupos, cultivares y contenido polifenoles totales y metilxantinas. Los resultados de esta iniciativa tendrán un impacto sin precedentes en la exploración y explotación de la YM como fuente natural de compuestos bioactivos. Los datos genéticos tendrán aplicaciones a muy corto plazo permitiendo la determinación del origen del material biológico en el paquete de YM (fraude, trazabilidad), en el reconocimiento precoz del potencial de producción/contenido de antioxidantes en plántulas para el mejoramiento genético. Los datos genómicos (actividad de transcripción global) posibilitarán la anotación e identificación global de genes abriendo las puertas para la exploración y manipulación del genoma de YM y su uso en las aplicaciones biotecnológicas, principalmente en relación a contenido y producción de polifenoles y metilxantinas.

Palabras clave: *I. paraguariensis*, microsátélites, polifenoles, metilxantinas, recursos naturales.

¹² Laboratorio GIGA, Dpto. de Genética (FCEQyN). Instituto de Biología Subtropical, UNaM-CONICET.

¹³ Cátedra de Bromatología y Nutrición, Dpto. de Ciencia y Tecnología de los Alimentos. Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales. UNaM cfarguelles@gigalab.com.ar.