

CHARLA MAGISTRAL:

Mapeo de genes de la cebada asociados con la microbiota de la rizosfera

Carmen María Escudero Martínez Ph.D.

Investigadora Postdoctoral

Plant Sciences, School of Life Sciences, University of Dundee, Scotland, United Kingdom

Aprovechar las funciones beneficiosas de las comunidades microbianas que prosperan en la interfaz raíz-suelo, la llamada microbiota rizósfera, es una estrategia prometedora para mejorar la producción agrícola sostenible. Anteriormente demostramos que los genotipos de cebada silvestre y domesticada albergan una microbiota diferente y que estas diferencias están moduladas, al menos en parte, por el genoma de la planta. Para determinar los mecanismos genéticos que sustentan el reclutamiento de la microbiota en la cebada, utilizamos la información metagenómica como un "fenotipo cuantitativo" en el mapeo de QTL usando una población segregante entre el cultivar de élite Barke y un progenitor silvestre. El mapeo genético, realizado a una profundidad de miles de SNP en el genoma de la cebada, resultó en la identificación de un locus, entre otros, en el cromosoma 3H asociado con el reclutamiento de bacterias taxonómicamente diversas, posiblemente representando un importante regulador de las interacciones planta-microbiota. Al extraer la información del recientemente publicado pangenoma, descubrimos que en Barke, el locus 3H abarca ~ 60 genes que codifican funciones implicadas en interacciones planta-microbiota, como por ejemplo, la remodelación de la pared celular y el reconocimiento inmunológico. A continuación, seleccionamos líneas de introgresión con alelos contrastantes, es decir, élite o salvaje, en el locus 3H. Sorprendentemente, el perfil metagenómico reveló que la introgresión en el locus 3H es suficiente para dar forma, al menos en parte, a la composición microbiana que valida el papel del locus 3H como regulador de la microbiota de la rizosfera. Actualmente estamos explorando la información transcriptómica obtenida de las raíces de nuestras líneas de introgresión para identificar genes expresados diferencialmente en la región de interés.

CHARLA MAGISTRAL:

Mapeo de genes de la cebada asociados con la microbiota de la rizosfera

Carmen María Escudero Martínez Ph.D.

Investigadora Postdoctoral

Plant Sciences, School of Life Sciences, University of Dundee, Scotland, United Kingdom

BREVE BIOGRAFÍA PROFESIONAL:

Investigadora postdoctoral en la Universidad de Dundee, donde estudia cómo la genética vegetal influye en el reclutamiento del microbioma asociado a los cultivos y las posibles consecuencias para el rendimiento. Estudió Ciencias Ambientales en la UCLM (España), incluido un año de Ciencias Agronómicas en la Universidad de Marche (Italia). Posteriormente obtuve una beca Leonardo da Vinci, gracias a este programa trabajé como asistente de investigación en el INRA (Francia). Después, obtuvo una beca Erasmus Mundus en la Universidad de Gante (Bélgica) donde estudió una Maestría en Nematología. Tuvo la oportunidad de desarrollar su Tesis de Maestría en el campo de las estrigolactonas y su papel en los nematodos parásitos de las plantas en la Universidad de Wageningen (Holanda). Mientras continuaba su pasión por las ciencias, completo su doctorado investigando interacciones moleculares de áfidos y plantas en la Universidad de Dundee en el Instituto James Hutton (Reino Unido).

ESTUDIOS

MSc. Nematología por la Universidad de Gante, Wageningen and Jaen (Belgica, Holanda y España)

PhD en interacciones moleculares de insectos y plantas por la Universidad de Dundee (Reino Unido)

TEMAS DE INVESTIGACIÓN & INTERESES

Sus intereses radican en diferentes aspectos moleculares de las plantas y su interacción con otros organismos, en particular, la microbiota asociada a los cultivos. Estas interacciones son importantes porque conducirán a formas nuevas y sostenibles de resistencia de las plantas, adquisición de nutrientes o tolerancia al estrés abiótico.