

BV37. Caracterización molecular mediante genotipificación por secuenciación de las razas VArg1 y VArg2 de *Verticillium dahliae* patogénicas de girasol

Aguilera, P.N. (1)*; Montecchia, J.F. (1); Ben Guerrero, E. (1); Quiroz F. (2); Heinz R. (1); Filippi C. (1); Troglia C. (2); Lía, V. (1); Martínez, M.C. (1); Paniego, N. (1).

(1) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, UEDD INTA-CONICET, Argentina. (2) EEA Balcarce, INTA, Argentina. *aguilerapn@gmail.com

El abigarrado de la hoja y la marchitez anticipada (MV) causada por *Verticillium dahliae* es una de las principales enfermedades del cultivo de girasol en la Argentina. El área endémica de la enfermedad se ubica en el sur de la Región Pampeana, afectando a más del 50% de la superficie total destinada al cultivo. Las pérdidas de rendimiento rondan el 30% en campos altamente infestados, alcanzándose el 73% en germoplasma muy susceptible. La resistencia genética es el recurso más efectivo para el control de la MV. La primera fuente de resistencia descrita, el locus V1, es monogenética y dominante. Este locus fue incorporado masivamente en programas de mejoramiento como fuente de resistencia a MV. Más tarde se encontraron nuevas razas que vulneran V1. Entre estas se describieron dos razas fitopatológicas locales, VArg1 y VArg2. Estas razas, junto con la raza-1 del hemisferio Norte (NA-1), carecen de un efector (Ave1) que define razas moleculares en los patosistemas de tomate y lechuga. Estos resultados señalan la necesidad de detectar nuevas marcas moleculares diferenciales para razas de *V. dahliae*. El objetivo de este trabajo es caracterizar los aislamientos VArg1, VArg2 y NA-1 mediante la técnica de genotipificación por secuenciación, ddRAD-seq. Para ello, se realizaron simulaciones de digestión in silico del genoma de referencia del hongo y se seleccionaron las enzimas de restricción Mbol y PstI. Se obtuvieron entre 200 - 250 mil lecturas de tecnología Illumina por muestra que se mapearon contra la referencia mediante el algoritmo BWA-MEM. Se incorporaron al análisis los datos genómicos públicos de cuatro aislamientos provenientes de girasol: 85S (Francia), Vd39 (Alemania), S011 y S023 (China). Se determinaron las posiciones variantes en relación al genoma de referencia utilizando los programas Mummer4 y FreeBayes. Se detectaron ~ 6000 variantes SNP para VArg1 y VArg2, de las cuales más de 100 son únicas para cada aislamiento. Las variantes de los siete aislamientos analizados se integraron a una matriz de SNP de 126 aislamientos internacionales a partir de 1194 SNP en común. Esto permitió reproducir la filogenia propuesta previamente por diversos autores, y ubicar los aislamientos locales en el árbol filogenético. VArg1 y VArg2 se agruparon con el aislamiento 85S como un subgrupo del subclado II-1, mientras que el aislamiento NA-1 se ubicó junto con Vd39 y S011 como subgrupo del clado I. El análisis de las secuencias nucleotídicas reveló que los aislamientos VArg1 y VArg2 comparten con 85S una región genómica de aproximadamente 10Kb asociada a la patogenicidad específica contra

girasol, la cual no está presente en NA-1. Los resultados generados fortalecen la caracterización de las razas de *V. dahliae* que afectan girasol, y favorecen el desarrollo de métodos de diagnóstico molecular, estudios epidemiológicos y de vigilancia, así como el diseño de futuras estrategias de mejoramiento genético de girasol para el control de la enfermedad.