BV24

**Análisis transcriptómico para identificar genes candidatos del *Qfhs.ndsu-3AS* asociado a la resistencia a la fusariosis de la espiga de trigo**

Soresi, D.1,2; Díaz, M.2 y Carrera, A.1,3

1. CERZOS-CONICET, CCT-Bahía Blanca - Argentina. 2) Dpto. Biol. Bioqca y Farm, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca - Argentina. 3) Dpto. Agronomía,Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca - Argentina.

La fusariosis de la espiga de trigo (FET), causada por *Fusarium* *graminearum* genera pérdidas en el rendimiento y disminución de la calidad de los granos por acumulación de micotoxinas. El germoplasma cultivado de trigo candeal *T.* *turgidum* L. ssp. *durum* presenta bajos niveles de tolerancia a FET y esto ha direccionado la búsqueda hacia materiales silvestres*.* Se dispone de la línea recombinante cromosómica LDN(Dic-3A)10, que porta el QTL de resistencia *Qfhs.ndsu-3AS* de *T.* *dicoccoides.* Se evaluó la severidad en espigas inoculadas de Langdon y LDN(Dic-3A)10 a los 7, 14 y 21 días post-inoculación y se observó la capacidad de LDN(Dic-3A)10 de impedir el avance de la enfermedad (resistencia Tipo II) conferida por el *Qfhs.ndsu-3AS.* Sin embargo, los mecanismos genéticos que constituyen la base de la resistencia no han sido dilucidados. Con el fin de identificar posibles genes candidatos para el *Qfhs.ndsu-3AS*  se llevó a cabo un análisis global de la expresión génica y el mapeo *in silico* de los transcriptos diferenciales. Se inocularon espigas de Langdon y LDN(Dic-3A)10, se extrajo ARN a las 72 hs post-inoculación y se secuenció mediante Illumina. Se obtuvieron 126,4 Mi de lecturas de calidad, ensambladas en 240.741 isoformas, de las cuales 2.732 mostraron expresión diferencial (FDR ≤ 0.05, FC ≥ |1|). El mapeo *in silico* de las secuencias de marcadores moleculares ligados al QTL de resistencia (Otto et al. 2002; Chen et al. 2007; Zhu et al. 2015) sobre la secuencia del cromosoma 3A de *T. aestivum* (URGI, IWGSC RefSeq v1.0) permitió delimitar la región del QTL a 25 Mb flaqueada por los marcadores *Xwgc501* y *Xwgc510.* Dichos marcadores permitieron delimitar la región ortóloga en el cromosoma 3B que en este caso comprendió 55 Mb*.* Posteriormente, fue posible mapear 33 isoformas diferenciales (agrupadas en 23 Unigenes) en el segmento de interés del cromosoma 3A y del 3B: 10 isoformas mostraron expresión nula en Langdon, otras 10 mostraron expresión nula en LDN(Dic-3A)10, 7 mostraron mayor expresión en LDN(Dic-3A)10 y 6 mostraron mayor expresión en Langdon. Las mismas fueron caracterizadas funcionalmente utilizandolas bases de datos de proteínas (SwissProt y TrEMBL), de dominios proteicos (Pfam), de señales peptídicas (signalP/TMHMM), de genes ortólogos (eggNOG) y su anotación funcional en Gene Ontology (GO). Entre las isoformas diferenciales se identificaron dos proteínas con mayor expresión en LDN(Dic-3A)10 que se sabe forman parte del mecanismo de resistencia: un receptor quinasa (CRK2) que desencadena una respuesta de hipersensibilidad y un inhibidor de la subtilisina y quimotripsina de *F. graminearum* (CI-2A) que actúa como fungicida. Además, se identificaron dos isoformas de expresión nula en Langdon con homología a ARNs largos no-codificantes (GreeNC) que actúan en los mecanismos de regulación de la expresión génica.Los 23 genes mapeados en esta región y caracterizados funcionalmente representan genes candidatos para el QTL *Qfhs.ndsu-3AS*, que ha demostrado conferir resistencia estable en fondos genéticos de variedades comerciales de trigo candeal.