OM4

**Análisis genómicos en trigo candeal y girasol para tolerancia a frío e infecciones fúngicas**

Carrera A1,2, Diaz M3, Soresi D2,3, Basualdo J2, Garayalde A4, Armando L2, Zappacosta D1,2, Cuppari S2, Martínez L2.

1 Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur UNS). 2 CERZOS, Universidad Nacional del Sur (UNS)-CONICET. 3 Dpto. Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS). 4 Dpto. Matemática, Universidad Nacional del Sur (UNS).

Se combinan datos de polimorfismos en las secuencias de los genes y variaciones en sus niveles de expresión con variables fisiológicas o de crecimiento relacionadas con la respuesta a estreses bióticos y abióticos. Analizamos las secuencias del locus VRN1 y sus niveles de transcriptos en una colección de materiales de trigo candeal *Triticum turgidum* spp *durum*, lo que permitió interpretar en términos moleculares las diferencias fenotípicas en la variable días a floración frente a tratamiento de vernalización. Cuando se combinó con datos de susceptibilidad a heladas a campo, fue posible identificar genotipos de trigo de hábito primaveral con buen comportamiento frente al daño por frío.

Dos genotecas de expresión se secuenciaron mediante ARN-Seq en Illumina. Una genoteca analiza el transcriptoma de plantas de trigo candeal en espiga, simulando las condiciones previas a una “helada tardía”. El ARN se extrajo de hoja bandera del genotipo tolerante CBW0101 con tratamiento de frío en comparación con plantas en condiciones normales. Se detectaron 876 unigenes con expresión diferencial (FDR≤0,001; |FC|≥2.0); 562 presentaron mayor expresión en las muestras tratadas, de los cuales el 40% se caracterizó funcionalmente (SwissProt, PFAM, Gene Onthology) y se asociaron a vías metabólicas (KEGG) como Síntesis de Aác, transducción de señales hormonales, etc.

La segunda genoteca se obtuvo de espigas infectadas con *Fusarium graminearum* pertenecientes a las líneas de trigo candeal resistente Langdon(Dic3A)10 que porta el QTL *Qfhs.ndsu-3AS* y la susceptible Langdon. Este QTL ha demostrado incremento significativo de la resistencia en germoplasma cultivado de candeal. Las muestras para extraer ARN se tomaron a las 72 hs post-inoculación. Mostraron expresión diferencial 695 unigenes (FDR≤0,001; |FC|≥2.0) siendo 361 inducidos en LDN(Dic-3A)10. De ellos, el 34,4% presentaron anotación funcional (SwissProt, PFAM, Gene Onthology). Las isoformas diferenciales se mapearon en el genoma de *T. aestivum* utilizando la base URGI. Se definió un subset de 33 isoformas diferenciales que localizaron en el brazo 3AS delimitada por marcadores ya descriptos. Se encontraron genes previamente asociados a vías de resistencia y otros de función aún desconocida, que conforman una lista de candidatos para *Qfhs.ndsu-3AS*. Nuestro grupo ha desarrollado un test de evaluación de tolerancia a *F.graminearum* que consiste en la inoculación de semillas y medición de variables de crecimiento de plántula. El método ha demostrado capacidad para identificar materiales de trigo candeal portadores de genes de resistencia a fusariosis de la espiga, en estadios tempranos. El siguiente paso comprende el uso de este sistema para el estudio de la expresión génica en genes candidatos.

Hemos obtenido muestras de tejido foliar de girasol infectado con *Plasmopara halstedii*, el oomycetes causante de mildiu que sostenidamente ha incrementado su incidencia en las últimas cuatro temporadas de cultivo, en varias zonas girasoleras de la Argentina. Mediante extracción de ADN, PCR y secuenciado de fragmentos amplificados se analizó la variabilidad genética del patógeno. Se encontraron diferencias tipo SNPs e InDels entre los aislamientos. Cuando se integraron estos datos con la tipificación de razas, se encontró que los aislamientos analizados corresponden al comportamiento de la raza 710, aunque la secuencia obtenida presenta diferencias con la raza 710 descripta en Francia. Se trata de la primera caracterización molecular del causante de mildiu en nuestro país.