

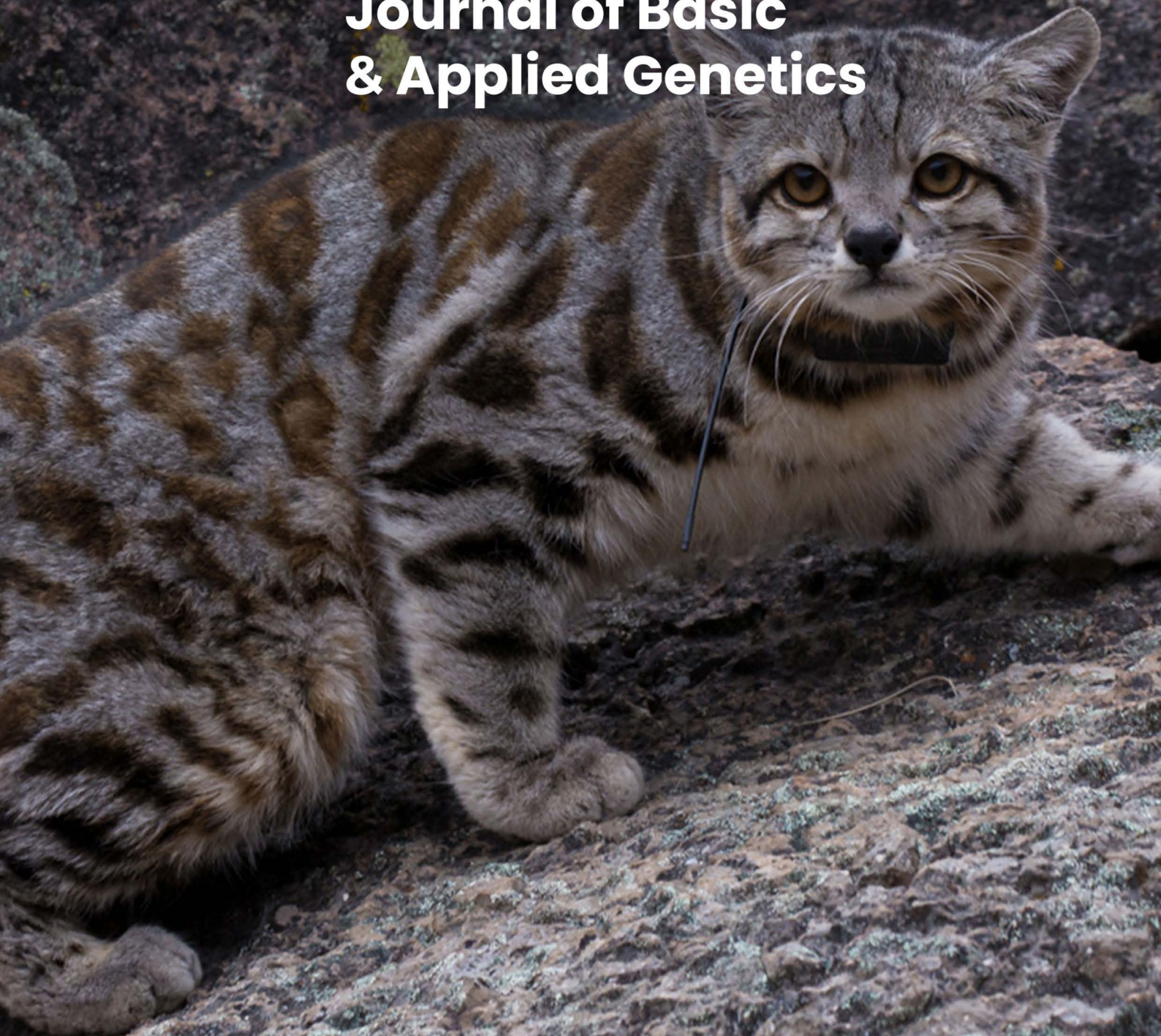
(Formerly MENDELIANA)



July 2019
Volumen XXX
No. 1 (suppl.)
E-ISSN: 1852-6322

BAG

**Journal of Basic
& Applied Genetics**



Journal of the Argentine Society of Genetics
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

www.sag.org.ar/jbag
Buenos Aires, Argentina

GGM 25

GENETIC CODE CHANGE IN AT-RICH PLASTID GENOMES OF TWO HOLOPARASITIC PLANTS (BALANOPHORACEAE)

Ceriotti L.F.^{1,2}, M.E. Roulet^{1,3}, L.E. García^{1,2,3}, M.V. Sánchez Puerta^{1,2,3}.
¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Argentina;
²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
 ceriotti.fede@gmail.com

The family Balanophoraceae (order Santalales) encompasses 14 genera of obligate root holoparasites (i.e. completely nonphotosynthetic and host-dependent plants). As in other nonphotosynthetic angiosperms, plastid genomes (ptDNA) in *Balanophora* spp. are characterized by a high degree of reduction in size and gene content and low levels of GC content. In addition, a novel type of genetic-code change was discovered, in which the TAG codon codes for tryptophan instead of being a stop-codon. In this study, we sequenced and analyzed ptDNA regions of *Lophophytum mirabile* and *Ombrophytum subterraneum* (Balanophoraceae). Total DNA from both species was sequenced with Illumina technology. Also, RNAseq was performed for *L. mirabile*. The ptDNA assembly was carried out based on genomic and transcriptomic paired-end reads. Plastid contigs of *L. mirabile* and *O. subterraneum* had an average AT content of 79.55% and 81.75%, respectively. Ribosomal and protein coding genes showed high substitution rates, as in other members of the family. We identified a different change in the genetic code of both ptDNAs; in this case TGA (typically a stop codon) codes for tryptophan. It represents the second case of a genetic-code change in land-plant ptDNAs. RNA editing was not found in the sequenced plastid genes.

GGM 26

ANÁLISE DA EXPRESSÃO GÊNICA EM GENÓTIPOS BRASILEIROS DE TRIGO EM RESPOSTA AO PULGÃO *Rhopalosiphum padi*

Corrêa L.D.J.¹, A.M. Morozini¹, L. Bucker Neto¹, P.R. Da Silva¹.
¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil.
 leiacorra91@hotmail.com

O trigo é o terceiro cereal mais produzido no mundo e a principal fonte de calorias da humanidade. Dentre os afídeos que afetam a cultura do trigo, o *Rhopalosiphum padi* se destaca por ser vetor de importantes doenças virais que comprometem a produtividade. No âmbito da resistência genética, a compreensão das vias moleculares de respostas do trigo ao *R. padi* pode auxiliar no desenvolvimento de novas estratégias de manejo da cultura. Dessa forma, este trabalho teve por objetivo avaliar o perfil de expressão de genes envolvidos na resposta do trigo ao *R. padi*. Plantas das cultivares de trigo Embrapa 16 (suscetível) e BRS Timbaúva (resistente) foram inoculadas com pulgão em condições controladas. A expressão de oito genes previamente identificados como de resposta a pragas em trigo foi determinada por PCR quantitativo nos tempos de 24 e 48 horas após a inoculação (hpi). No tempo de 24 hpi quatro destes genes foram diferencialmente expressos na presença do pulgão. O gene codificante de um fator de transcrição (*wrky21*) foi induzido em ambas cultivares. Por outro lado, o gene codificante da enzima lipoxigenase foi suprimido na cultivar suscetível e manteve níveis normais na cultivar resistente. Já, os genes codificantes de proteínas patogênicas (thionin-like e jacalin-like) foram induzidos na cultivar resistente. Esses mecanismos moleculares se mantiveram 48 hpi evidenciando que a resistência ao *R. padia* apresentada pela cultivar BRS Timbaúva pode ser conferida pela não inibição do gene codificante da lipoxigenase resultando na síntese de proteínas de defesa na planta.