

ROSARIO 2017

Simposio de Genómica Funcional de Plantas

Bolsa de Comercio

Mayo 17-19



Libro de Resúmenes

CONICET



Instituto de Biología Molecular y
Celular de Rosario



PROGRAMA DE
CIENCIAS ÓMICAS
CENTRO DE
CEI ESTUDIOS
INTERDISCIPLINARIOS
U N R



BOLSA
DE COMERCIO
DE ROSARIO



Comité Organizador

Javier Palatnik

IBR, CONICET-UNR; Centro de Estudios Interdisciplinarios, UNR.

Sebastián Asurmendi

Instituto de Biotecnología CICVyA, INTA-CONICET.

Paula Casati

CEFOBI, CONICET-UNR; FBioyF, UNR.

Carla Schommer

IBR, CONICET-UNR y Centro de Estudios Interdisciplinarios, UNR.

Ramiro Rodríguez

IBR, CONICET-UNR, FBioyF y Centro de Estudios Interdisciplinarios, UNR.

Secretaría y Comunicación

Jimena Zoni

IBR, CONICET-UNR

ANÁLISIS FUNCIONAL DE GENES DE RESPUESTA A LA INOCULACIÓN CON FUSARIUM EN ESPIGA DE TRIGO CANDEAL

Soresi D^{1,2}, Díaz M², Zappacosta D^{1,3}, Cuppari S¹, Carrera A³.

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

e-mail: dsoresi@criba.edu.ar

La fusariosis de la espiga de trigo, causada por *Fusarium graminearum* genera pérdidas en el rendimiento y contaminación con micotoxinas. La resistencia de las variedades cultivadas de trigo candeal es limitada. La línea resistente LDN(Dic-3A)10 deriva de la var. Langdon de *T. turgidum* spp. *durum* por introgresión con *T. turgidum* ssp *dicoccoides* (*Qfhs.ndsu-3AS*). Se busca caracterizar funcionalmente los genes inducidos en LDN(Dic-3A)10 obtenidos del análisis transcriptómico. Se inocularon espigas de Langdon y LDN(Dic-3A)10, se extrajo ARN 72 hs post-inoculación y se secuenció mediante Illumina. Se obtuvieron 126,4 Mi de lecturas de calidad, ensambladas en 178.078 unigenes. Mostraron expresión diferencial 717 unigenes ($FDR \leq 0,001$; $|FC| \geq 2.0$) siendo 361 inducidos en LDN(Dic-3A)10. De los mismos, el 36,3% presentaron anotación funcional con SwissProt, PFAM o Gene Ontology y fueron mapeados en vías metabólicas utilizando la base Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG). Entre los unigenes con mayor expresión significativa en LDN(Dic-3A)10 encontramos tirosina/DOPA decarboxilasa (asociada a la biosíntesis de metabolitos secundarios), 1-aminociclopropano-1-carboxilato oxidasa (biosíntesis de etileno) y heat shock 70kDa (protección frente a estrés). También se encuentran inducidos unigenes de resistencia (genes *R*) con dominios NBS-LRR (reconocimiento del patógeno e inicio de la respuesta de defensa), UDP-glucosiltransferasa (degradación de toxina) y ascorbato peroxidasa (degradación de especies reactivas de oxígeno). Además, se identificaron los factores de transcripción FRS (asociados a la transducción de señales luminosas), ARF (crecimiento celular) y NAC (respuesta a condiciones de estrés). Los genes identificados se asocian a la generación de resistencia que confiere el segmento *Qfhs.ndsu-3AS.bss*