

Identificación de determinantes genéticos para la resistencia a la podredumbre húmeda del capítulo mediante aproximaciones de genómica funcional

Rivarola M.^a, Fass M.^a, Ribone A.^a, Filippi C.^a, Ehrenbolger G.^a, Maringolo C.^c, Quiroz F.^c, Hopp E.^{a,b}, Heinz R.^a, Lia V.^{a,b}, Paniego N.^a

^a Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), INTA, CONICET, Buenos Aires, Argentina; ^b Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina ; ^c Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, INTA, Buenos Aires, Argentina

En este trabajo se presentan avances en el estudio de la interacción planta-patógeno a nivel transcripcional focalizando en las etapas tempranas de la invasión de *Sclerotinia sclerotiorum* en el capítulo de girasol. Esta aproximación, planteada en paralelo a los estudios de mapeo de QTLs para identificar las regiones de la resistencia, tiene como objetivo profundizar el estudio de los determinantes genéticos específicos involucrados en la respuesta de defensa del girasol a *S. sclerotiorum*. Se plantearon dos enfoques, uno orientado a caracterizar a nivel transcripcional la respuesta de resistencia en materiales que presentan comportamiento diferencial y otro, dirigido al reconocimiento de redes de interacción génica involucradas en la expresión de la resistencia usando los niveles de expresión de líneas en los extremos de la distribución fenotípica de la población de asociación.

Para la primera aproximación se estudiaron las líneas HA89 (susceptible, S) y HA853 y RK416 (moderadamente resistentes, MR) en etapas tempranas de la infección (0, 4 y 8 dpi). Los resultados obtenidos indican que las líneas se diferencian en sus perfiles de expresión génica, principalmente al día 8 post-inoculación. Se identificaron 323 genes diferencialmente expresados, mostrando poco solapamiento entre líneas y observándose un perfil funcional particular para cada una. Estos resultados sugieren la activación de vías independientes durante la respuesta de defensa.

La información generada permitió plantear un ensayo sobre 80 líneas de la población de asociación de INTA. Usando los niveles de expresión como variantes fenotípicas se espera identificar los factores regulatorios involucrados en la expresión del carácter por mapeo de QTLs de expresión (eQTL) complementando los conocimientos alcanzados usando mapeo de asociación. Los mecanismos de resistencia identificados favorecerían el control de la enfermedad en ambientes predisponentes, situación cada vez más frecuente en el contexto del cambio climático.