

## TRANSCRIPTOMA HAUSTORIAL DE *Podosphaera xanthii*. RETOS EN MUESTRAS DE DIFÍCIL AISLAMIENTO Y ARN DEGRADADO

Polonio, A., Martínez-Cruz, J., de Vicente, A., Pérez, A.

Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”-Universidad de Málaga-Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Universidad de Málaga, Bulevar Louis Pasteur 31, 29010, Málaga. E-mail: [polonio@uma.es](mailto:polonio@uma.es)

El cultivo de las cucurbitáceas en España se ve afectado, entre otros, por el biotrofo obligado *Podosphaera xanthii*, principal agente causal del oídio de las cucurbitáceas. Este **hongo**, que requiere células vegetales vivas para completar su ciclo de vida asexual, desarrolla unas estructuras especializadas de parasitismo denominadas haustorios. Los haustorios se desarrollan dentro de las células epidérmicas y son responsables de la relación directa entre el patógeno y el huésped a través de la absorción de los nutrientes de la planta y la liberación de efectores. La realización de un transcriptoma haustorial y la definición de su secretoma nos ayudará a conocer mejor los mecanismos de patogénesis de *P. xanthii*. Esto nos ha llevado a desarrollar un método **eficaz** de aislamiento de haustorios y un protocolo de creación de librerías de cDNA para muestras de ARN **degradado**, así como un análisis bioinformático **adaptado** para ensamblar de *novο* un transcriptoma con estas características. **Mediante citometría de flujo hemos conseguido aislar haustorios de *P. xanthii* sin apenas contaminantes. Además, a partir de RNA haustorial de baja calidad, hemos construido librerías de cDNA mediante la combinación de una amplificación por oligo dT y cebadores al azar, seguida de una eliminación parcial de las secuencias ribosomales. La secuenciación del transcriptoma se llevó a cabo mediante la plataforma NextSeq550 (Illumina), obteniéndose un alto número de lecturas. En estos momentos estamos realizando el ensamblaje de transcritos y la anotación de los mismos mediante un abordaje bioinformático que combina softwares de distinto tipo. Esperamos poder identificar un elevado número de efectores candidatos que nos permita la identificación de genes clave para la patogénesis de *P. xanthii* mediante estudios de genómica funcional.**

Este trabajo ha sido financiado por ayudas del Plan Nacional de I+D+I del Ministerio de Economía y Competitividad (AGL2013-41939-R), cofinanciado con fondos FEDER (UE).