

Análisis por qPCR de la respuesta a *P. cinnamomi* en clones de castaño *in vitro* con diferente nivel de resistencia

S. Rico¹, JM, Vielba¹, N. Vidal¹, C. Sánchez¹ y B. Cuenca²

- 1.- Departamento de Fisiología Vegetal. Instituto de Investigaciones Agrobiológicas de Galicia (IIAG-CSIC). Av. de Vigo s/n 15705 Santiago de Compostela (A Coruña).
- 2.- TRAGSA. Vivero de Ourense. Ctra Maceda-Valdrey Km 2. 32700 Maceda. Orense

El hongo *Phytophthora cinnamomi* es responsable de infectar a diferentes especies leñosas, y en particular de causar la enfermedad de la tinta del castaño. Esta enfermedad provoca serios daños a las poblaciones de esta especie, sobre todo a aquellos individuos que crecen en suelos saturados de agua y poco aireados. Es también una enfermedad habitual en plántulas, generando serias pérdidas en viveros.

Las poblaciones de castaño muestran diferentes niveles de susceptibilidad a la infección, sugiriendo la existencia de un componente genético determinante de esa resistencia. Con el propósito de identificar genes relacionados con la respuesta al ataque por *P. cinnamomi*, se utilizaron 4 clones de castaño con diferente grado de resistencia al hongo. Las plántulas enraizadas se inocularon *in vitro* con el hongo y se recogieron las hojas a las 24, 48 y 72 horas tras la infección. Mediante qPCR se evaluó la variación de la expresión de diferentes genes, incluyendo factores de transcripción y genes de señalización, entre otros.

Los patrones de expresión detectados para los 9 genes analizados mostraron diferencias según el nivel de resistencia del clon analizado. El nivel de expresión de *CsGH3-1* a las 72 horas guarda una relación directa con dicho nivel de resistencia, al igual que *CsGH3-2*, aunque este último con menor variación. La actividad de *CsCPE* se relaciona también directamente con una mejor defensa. En el caso de los factores de transcripción analizados, su respuesta es más variable si bien sus mayores niveles de expresión se encuentran en el clon con mayor resistencia.

Los resultados indican que la inoculación provoca un cambio en el patrón general de expresión génica de los brotes, en los que una mayor y más rápida respuesta en forma de actividad transcripcional guarda relación con una mejor resistencia a la infección. Dicha resistencia parece sustentarse sobre una base multigénica.

Este trabajo fue financiado por el CDTI a través del programa FEDER-INTERCONECTA 2013/2014 (proyecto INTEGRACASTANEA EXP00064828/ITC-20133040)

