

Identificación de genes candidatos para resistencia al hongo patógeno de lenteja *Ascochyta lentis*

Objetivo del proyecto

El objetivo del proyecto es realizar el ensamblado de 8 transcriptomas de lenteja, 7 variedades silvestres y 1 variedad comercial. Se busca ensamblar transcriptomas de varias especies de lenteja para ver las diferencias entre ellos, es decir, ver las diferencias que existen entre los genes de esas 8 variedades de lenteja a nivel de estructura y expresión, y así poder identificar los genes que influyen en la resistencia al hongo *Ascochyta lentis*.

Periodo de ejecución

Del año **2020** al **2021**.

Financiación del proyecto

Sin Financiación.

Participantes del proyecto

Universidad de León, www.unileon.es

SCAYLE, Supercomputación Castilla y León,
www.scayle.es



La variedad *Alpo* es bastante sensible al ataque por *Ascochyta lentis*.

Justificación del proyecto

El hongo *Ascochyta lentis* es el causante de importantes reducciones de cosechas de lentejas en muchos países. Descubrir genes involucrados en resistencia ayudara a crear variedades mas resistentes.

Funciones de SCAYLE

El ensamblado de transcriptomas necesita grandes cantidades de memoria RAM, en algunos casos entre 500-1000 Gb, para lo cual se requiere una infraestructura como la de SCAYLE.

Líder del proyecto

JUANCHO GUTIERREZ-GONZÁLEZ, después de 16 años en EEUU trabajando como genetista-bioinformático, se ha incorporado al área de Genética de la Universidad de León. El investigador cuenta con una amplia experiencia en genómica y transcriptómica de plantas, con algunos de sus trabajos publicados en revistas tan prestigiosas como Science o Nature. Su investigación en la Universidad de León se centra en el estudio genómico de leguminosas.



Detalle de la flor de la variedad Alpo.