

**ANALISI TRASCRITTOMICA DELL'APOFOTOBIONTE *TREBOUXIA GELATINOSA*
SOTTOPOSTO A PROCESSI DI DISIDRATAZIONE E REIDRATAZIONE**

Alice MONTAGNER, Fabio CANDOTTO CARNIEL, Gianluca DE MORO, Marco GERDOL,
Chiara MANFRIN, Lucia MUGGIA, Alberto PALLAVICINI, Mauro TRETIACH

Dipartimento di Scienze della Vita, Università degli Studi di Trieste

Gli organismi peciloidrici sono sottoposti a cicli di disidratazione, disseccamento e reidratazione, in cui le cellule subiscono modificazioni anatomiche, fisiologiche e biochimiche, tra cui il parziale collassamento della parete cellulare, la vitrificazione del citoplasma e la sintesi di sostanze antiossidanti.

Lo scopo di questo lavoro è di approfondire le conoscenze riguardanti i processi molecolari, e quelli di espressione genica in particolare, durante le fasi di disidratazione e reidratazione in un fotobionte del genere *Trebouxia* Puymary, anche a fronte di una scarsissima diffusione degli studi di trascrittomica in ambito lichenologico.

Culture axeniche ottenute da talli di *Flavoparmelia caperata* (L.) Hale e identificate molecularmente e ultrastrutturalmente come *T. gelatinosa* Archibald sono state coltivate su terreno solido (*Trebouxia* Medium) a 20°C e 20 $\mu\text{mol photons m}^{-2} \text{s}^{-1}$ con un ciclo di luce/buio di 14/10 ore. È stato estratto l'RNA da singole colonie idratate, 30 giorni dopo il loro inoculo, da altre sottoposte ad una lenta disidratazione, che è stata protratta per 10 ore, e infine da colonie reidratate e mantenute alla luce per 12 ore.

I 3 campioni, provenienti dalle diverse colonie, sono stati sottoposti a sequenziamento massivo illumina 2X100pb dell'RNA messaggero, producendo un totale di circa 250 milioni di frammenti. Da questi è stato costruito l'assemblaggio *de novo* del trascrittoma e 19601 putativi trascritti sono stati utilizzati per la successiva analisi di espressione genica. Un'analisi statistica sui valori di espressione ha permesso di individuare gruppi di geni differenzialmente espressi in funzione della disidratazione o della successiva reidratazione, fornendo informazioni importanti per la comprensione di questi processi. Ad esempio, a seguito della reidratazione vengono sovraespressi geni responsabili per la produzione di "Heat Shock Proteins"; allo stesso tempo vengono sottoespressi molti geni responsabili per vari processi fotosintetici.