

## RESPUESTA TRANSCRIPCIONAL DE RAÍCES DE MAÍZ (*Zea mays* L.) A LA INFECCIÓN CON *Fusarium verticillioides*

Itzel G. López Soto<sup>1</sup>, Paúl A. Báez-Astorga<sup>1</sup>, Cynthia G. Soto-Cardinault<sup>2</sup>, Melina López-Meyer<sup>1</sup>, Francisco R. Quiroz-Figueroa<sup>1</sup>, Ignacio E. Maldonado Mendoza<sup>1</sup>, Abraham Cruz Mendivil<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Unidad Sinaloa, Guasave 81101, México. <sup>2</sup>Lieber Institute for Brain Development, Baltimore 21205, MD. [ilopezs2100@alumno.ipn.mx](mailto:ilopezs2100@alumno.ipn.mx)

*Palabras clave:* RNA-Seq, GED, fusariosis.

**Introducción.** El cultivo de maíz es sumamente importante a nivel nacional, constituyendo la base de nuestra alimentación. Desafortunadamente, esta planta se encuentra expuesta a una gran cantidad de patógenos dentro de los cuales se encuentra la especie fúngica *Fusarium verticillioides* (*Fv*). Diversos grupos de trabajo han estudiado la respuesta transcripcional de los tejidos del maíz a la infección por *Fv*, destacando estudios en mazorca y grano (1,2). Hasta el momento solo existe un estudio que analizó la respuesta transcripcional de raíces de maíz a *Fv*, pero se enfocó en genes relacionados con pared celular (3); por tanto, aún se desconocen los genes y rutas implicadas en la respuesta global de este tejido.

El objetivo del presente trabajo es caracterizar la respuesta transcripcional de raíces de maíz a la infección con *Fv*.

**Metodología.** Se partió de lecturas crudas de tejido de raíces de maíz en dos condiciones, control e infectadas con *Fv* (7 dpi). Se realizó un filtrado de calidad con trimmomatic v0.39 (Q>20) conservando lecturas de longitud mínima >50pb. Las lecturas filtradas se mapearon al genoma de referencia B73v5 utilizando STAR v2.7.0. Posteriormente, se cuantificaron los niveles de expresión con HTSeq-Count v0.11.2. Para analizar los cambios en la expresión de los transcritos se utilizó el programa R/DESeq2 v1.32, considerando como genes expresados diferencialmente (GED) a aquellos con un valor de p-ajustado <0.01 y un fold change (FC)  $\pm$  2. Los términos gene ontology (GO) del genoma del maíz B73 se obtuvieron de la base de datos de BioMart. Las categorías funcionales sobrerrepresentadas fueron identificadas a partir de los GED mediante el programa R/goseq v1.44.0.

**Resultados.** Las bibliotecas de RNA-Seq tenían en promedio 21.3 millones de lecturas crudas; después del filtrado de calidad se conservaron en promedio el 89.3% de las lecturas. Del total de lecturas filtradas, un promedio del 82.62% se mapeo de manera única al genoma de referencia. El análisis bioinformático arrojó un total de 5,502 GED en las raíces de maíz después de 7 días de la inoculación con *Fv*. De estos GED,

1,422 se encontraron regulados a la baja y 4,080 se encontraron regulados a la alza. El enriquecimiento de categorías GO permitió identificar 64 categorías sobrerrepresentadas, de las cuales resultaron de interés (Tabla 1) las siguientes: respuesta a estrés oxidativo, actividad peroxidasa, actividad de glutatión transferasa, actividad de UDP-glucosiltransferasa, procesos biosintéticos de fenilpropanoides, procesos biosintéticos de oxilipinas, unión a ácido abscísico, respuesta de defensa a otros organismos, resistencia sistémica adquirida y procesos biosintéticos de lignina.

**Tabla 1.** Categorías sobrerrepresentadas en la interacción maíz-*Fv*.

Categoría	GED	Término	Ontología	P-adj
GO:0006979	83	RESPUESTA A ESTRÉS OXIDATIVO	BP	1.10E-11
GO:0004601	79	ACTIVIDAD DE PEROXIDASA	MF	1.28E-10
GO:0004364	31	ACTIVIDAD DE GLUTATION TRANSFERASA	MF	3.65E-05
GO:0035251	56	ACTIVIDAD DE UDP-GLUCOSILTRANSFERASA	MF	9.41E-05
GO:0009699	18	PROCESOS BIOSINTÉTICOS DE FENILPROPANOIDEOS	BP	0.000192327
GO:0031608	13	PROCESOS BIOSINTÉTICOS DE OXILIPINAS	BP	0.00179857
GO:0010427	12	UNIÓN A ÁCIDO ABSCÍSCICO	MF	0.001910674
GO:0098542	22	RESPUESTA DE DEFENSA A OTROS ORGANISMOS	BP	0.015399909
GO:0009627	9	RESPUESTA SISTÉMICA ADQUIRIDA	BP	0.029279526
GO:0009809	9	PROCESOS BIOSINTÉTICOS DE LIGNINA	BP	0.031207072

**Conclusiones.** Tras la inoculación con *Fv*, las raíces de maíz expresaron 5,502 genes de manera diferencial, dentro de estos se encontraron algunos genes que pertenecen a categorías con términos que pudieran estar involucrados en la respuesta de la planta a fitopatógenos.

**Agradecimientos.** Proyecto SIP-IPN-20232027.

### Bibliografía.

- Lambarey, H., Moola, N., Veenstra, A., Murray, S. & Suhail M. 2020. *Plants*, 28(9):1112
- Wang, Y., Zhou, Z., Gao, J., Wu, Y., Xia, Z., Zhang, H., Wu, J. 2016. *Front Plant Sci.*4(7):1654
- Arcos, U. 2018. Caracterización transcriptómica de los genes involucrados en pared celular de raíz de maíces tolerantes y susceptibles durante la infección por *Fusarium verticillioides*. [Tesis de Maestría]. Instituto Politécnico Nacional.