

ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE RAÍCES DE MAÍZ INOCULADAS CON LA RIZOBACTERIA *BACILLUS CEREUS* CEPA B25

Juan L. Figueroa-Castro¹, Paúl A. Báez-Astorga¹, Alejandro M. Figueroa-López², Carlos L. Calderón-Vázquez¹, Melina López-Meyer¹, Ignacio E. Maldonado-Mendoza¹, Abraham Cruz-Mendivil¹

¹Instituto Politécnico Nacional, CIIDIR Unidad Sinaloa, Guasave 81101, México. ²Instituto Tecnológico de Sonora, Cd. Obregón 85860, México. Email: jfigueroac2103@alumno.ipn.mx

Palabras clave: Transcriptómica, Maíz, Bacillus cereus, Endofítica

Introducción. El maíz es el principal cultivo producido en México, además forma parte integral de la cultura y dieta de la población, sin embargo, presenta una alta incidencia por hongos fitopatógenos, causando importantes pérdidas económicas y daños a la salud tanto de animales como humanos [1]. Actualmente destacan el uso de las bacterias promotoras del crecimiento vegetal (PGPR) como *Bacillus cereus* cepa B25, una bacteria endofítica capaz de promover el crecimiento de la planta de maíz y otorgarle resistencia a la infección por *Fusarium verticillioides* [2]. Sin embargo, aún se desconocen los genes y mecanismos moleculares implicados en este proceso, por lo que el uso de la transcriptómica permitirá mejorar nuestro entendimiento de esta interacción planta-bacteria. El objetivo fue describir la respuesta transcripcional de raíces de maíz inoculadas con *Bacillus cereus* B25.

Metodología. Los datos de RNA-Seq se obtuvieron de raíces de maíz control e inoculadas con *Bacillus cereus* cepa B25, después de 7 días de germinación e inoculación. Las lecturas crudas (2x150 pb) fueron filtradas con Trimmomatic (v0.39), conservando aquellas con Q>20 y longitud>50 pb. Las lecturas filtradas fueron mapeadas al genoma de referencia de maíz B73 v5, empleando STAR (v2.7.0), y la cuantificación de niveles de expresión se realizó con HTSeq-Count (v0.11.2). El análisis de expresión diferencial se realizó con R/DESeq2 (v1.32), definiendo como genes expresados diferencialmente (GED) aquellos con p-ajustado <0.01 y log2 Fold Change \pm 1. A partir de los GED se identificaron categorías funcionales sobrerrepresentadas (p-ajustado<0.05) con R/Goseq (v1.44.0).

Resultados. Se obtuvo un rendimiento total de 21.1 Gb, con un promedio de 23.4 millones de lecturas por biblioteca (Tabla 1). En el filtrado se conservaron en promedio 21 millones de lecturas por biblioteca, correspondientes al 91% de las lecturas crudas. En promedio, un 84.86% de las lecturas se mapearon de forma única contra el genoma de referencia (Tabla 1).

Tabla 1. Resumen de filtrado y mapeo de lecturas al genoma de referencia. M= Maíz control, MB= Maíz + bacteria, mill= millones.

Muestra	Lecturas crudas	Lecturas filtradas		Lecturas con mapeo único	
M-1	22.07 mill.	21.29 mill.	96.46%	19.33 mill.	90.7%
M-2	19.49 mill.	13.95 mill.	71.58%	12.71 mill.	91.1%
M-3	22.75 mill.	21.65 mill.	95.16%	17.32 mill.	80.0%
MB-1	24.09 mill.	23.19 mill.	96.25%	19.98 mill.	86.1%
MB-2	28.78 mill.	27.77 mill.	96.50%	24.75 mill.	89.1%
MB-3	23.21 mill.	22.01 mill.	94.86%	15.84 mill.	71.9%

Se encontraron un total de 4353 GED en raíces de maíz inoculadas con B25, predominando los genes inducidos con 3903 y solo 450 genes reprimidos. El análisis de enriquecimiento a partir de los GED mostró 83 categorías funcionales sobrerrepresentadas, destacando 10 categorías implicadas directamente en el crecimiento vegetal y resistencia a enfermedades (Tabla 2).

Tabla 2. Categorías funcionales sobre-representadas en la interacción maíz-B25.

Category	Deg	term	Ontology	p_adjust
GO:0000272	30	Polysaccharide catabolic process	BP	0.001046408
GO:0009699	15	Phenylpropanoid biosynthetic process	BP	0.001216638
GO:0019438	12	Aromatic compound biosynthetic process	BP	0.013226151
GO:0009627	8	Systemic acquired resistance	BP	0.019807404
GO:0005576	205	Extracellular region	CC	2.81E-47
GO:0005618	48	Cell wall	CC	7.30E-07
GO:0004601	83	Peroxidase activity	MF	2.95E-18
GO:0005506	93	Iron ion binding	MF	0.000626996
GO:0010427	9	Abscisic acid binding	MF	0.033280076

Conclusiones. Se identificaron 4353 GED tras la inoculación con B25, implicados principalmente en la producción de hormonas, metabolitos secundarios, pared celular, polisacáridos y enzimas antioxidantes.

Agradecimientos. Proyecto SIP-IPN-20232027.

Bibliografía.

- Lambarey, H., Moola, N., et al. (2020). *Plants*, 9(9), 1112.
- Figueroa, A.M., Cordero, J.D., et al. (2016) *SpringerPlus* 5, 330.