

EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE HEMICELULASAS EN PATOTIPOS DE *Colletotrichum lindemuthianum*

Ma. Irene Morelos Martínez, Horacio Cano Camacho, Karla Morelia Díaz Tapia, Everardo López-Romero, June Simpson, María Guadalupe Zavala Páramo

Centro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología, FMVZ, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, Km 9.5, Carr. Morelia-Zinapécuaro, Posta Veterinaria, Tarímbaro, Michoacán, C.P. 58893. [irene.morelos@umich.mx](mailto:irene.morelos@umich.mx).

Palabras clave: Patógenos, CWDEs, transcriptomas

**Introducción.** *Colletotrichum lindemuthianum* es el hongo filamentosamente causante de antracnosis en frijol común (*Phaseolus vulgaris*). A nivel mundial, se ha identificado una gran diversidad de patotipos de este fitopatógeno que muestran diferentes grados de virulencia frente a variedades del frijol que presentan diferente grado de resistencia<sup>1</sup>. Su estrategia de nutrición/infección incluye la inducción de la secreción de un grupo de enzimas que degradan los polisacáridos de la pared celular vegetal (CWDEs), entre las que se encuentran las hemicelulasas<sup>2,3</sup>. El objetivo de este estudio fue la evaluación de la expresión genética de hemicelulasas en los patotipos 0, 1088, 1472 y 2395 de *C. lindemuthianum*, en cultivo con glucosa o ejote (*P. vulgaris*).

**Metodología.** Se purificó el ARNm del micelio de cuatro patotipos crecidos en medios con ejote o con glucosa como fuente de carbono por 48h. Se realizó secuenciación NGS a través de la plataforma Illumina NovaSeq600, y el ensamblaje y anotación de los transcriptomas mediante los programas Trinity y Trinotate respectivamente.

**Resultados.** En los patotipos 0, 1088, 1472 y 2395 inducidos con ejote, el tamaño de los transcriptomas varió de 78-196 Mb, con 35,350 a 37,684 transcritos y 49,895 a 63,127 anotaciones. En los cuatro patotipos inducidos con glucosa el tamaño de los transcriptomas fue de 64-84 Mb con 43,103 a 51,963 transcritos y 34,062 a 44,172 anotaciones. Se identificaron 13 grupos de hemicelulasas con variación en número de genes entre los cuatro patotipos y entre los sustratos de inducción (Fig. 1). Las hemicelulasas con mayor número de genes en los cuatro patotipos son las galactosidasas. El número de transcritos de genes para hemicelulasas fue diferente entre los cuatro patotipos y con el sustrato de inducción. Los patotipos 0 y 2395 presentaron un número ligeramente mayor de transcritos en cultivo con glucosa, mientras que el patotipo 1088 presentó el mayor número de estos transcritos en cultivo con ejote. Por su parte, el patotipo 1472 presentó un menor número de transcritos sólo en algunas hemicelulasas en cultivo con glucosa (Fig. 2).

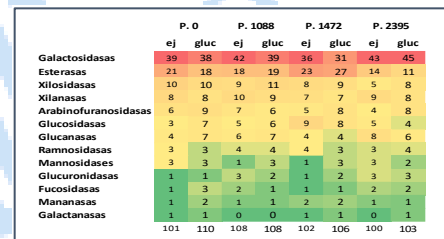


Fig. 1. Mapa de calor del número de genes diferentes que codifican para cada grupo de hemicelulasas comparando cuatro patotipos (0, 1088, 1472 y 2395) en cultivo con ejote (ej) o glucosa (gluc).

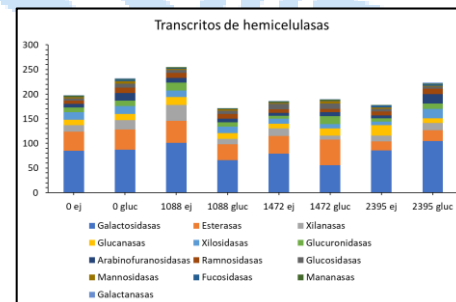


Fig. 2. Número de transcritos de los diferentes genes en cada grupo de hemicelulasas, comparado entre cuatro patotipos (0, 1088, 1472 y 2395) en cultivo con ejote (ej) o glucosa (gluc).

**Conclusiones.** Se detectó expresión diferencial en el número de genes y niveles de transcripción de hemicelulasas para cada patotipo, con diferente fuente de carbono y entre los cuatro patotipos. Destaca la diversidad y variación de la transcripción de galactosidasas, esterases, xilosidasas, xilanasas, arabinofuranosidasas, glucosidasas y glucanasas.

**Agradecimiento.** A la Coordinación de la Investigación Científica de la UMSNH (Proyectos 2020-2023 a HCC) y a CONACYT (Proyecto 2019-2022 a MGZP y becas a MIMM y KMDT).

**Bibliografía.**

- Nunes, M. P. B. A., Gonçalves-Vidigal, M. C., Martins, V. S., Xavier, L. F., Valentini, G., Vaz Bisneto, M., & Vidigal Filho, P. S. (2021). *Crop Science*, 61(6), 3877-3893.
- Mengiste, T. (2012). *Annual review of phytopathology*, 50, 267-294.
- Conejo-Saucedo, U., Cano-Camacho, H., López-Romero, E., Lara-Márquez, A., & Zavala-Páramo, M. G. (2011). *Current Trends in Microbiology*, 7, 1-13.