METAANÁLISIS DE TRANSCRIPTOMAS DE MAÍZ (*Zea mays L.*) EN RESPUESTA A *Fusarium verticillioides*, *F. graminearum* Y *Ustilago maydis*

Peñas Ballesteros A[1,2]; Baricalla AA[1,3]; Iglesias, J [2,3*]
1 Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la provincia de Buenos Aires CITNOBA (UNNOBA - UNSAdA - CONICET)
2 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-Estación Experimental Pergamino (INTA-EEA Pergamino)
3 Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA)
* iglesias.juliana@inta.gob.ar

INTRODUCCIÓN

Las espigas de maíz (*Zea mays* L.) se ven afectadas por diversos patógenos que impactan negativamente sobre el rendimiento y la calidad de los granos, planteando un riesgo para la seguridad y soberanía alimentaria. Entre los patógenos más importantes, se destacan *Fusarium verticillioides* (necrótrofo), *F. graminearum* (hemibiótrofo) y *Ustilago maydis* (biótrofo).

OBJETIVO

Identificar los genes y las vías metabólicas comunes implicados en las respuestas de resistencia o susceptibilidad de líneas de maíz frente a *Fusarium verticillioides*, *Fusarium graminearum* y *Ustilago maydis* a partir del análisis integral y comparativo de datos transcriptómicos disponibles en bases de datos públicas.

RESULTADOS

- Los genotipos resistentes mostraron una sobreexpresión de 1539 genes en común en respuesta a los tres patógenos, mientras que los genotipos susceptibles sobreexpresaron 1356 genes en común (Figura 1).
- La vía de fenilpropanoides (Figura 2) se encontró principalmente asociada a los genes sobreexpresados en los genotipos resistentes, presentando una mayor cantidad de genes involucrados en esta vía.
- La vía de fotosíntesis (Figura 3) se encontró fuertemente asociada a los genes sobreexpresados en los genotipos susceptibles.

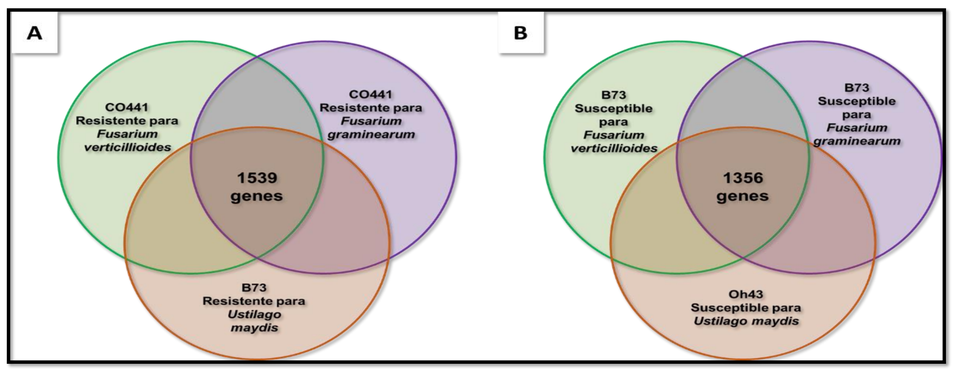


Figura 1. Diagrama de Venn de los genes diferencialmente sobreexpresados en común para los genotipos resistentes (A) y genotipos susceptibles (B) en respuesta a *Fusarium verticillioides*, *F. graminearum* y *Ustilago maydis*.

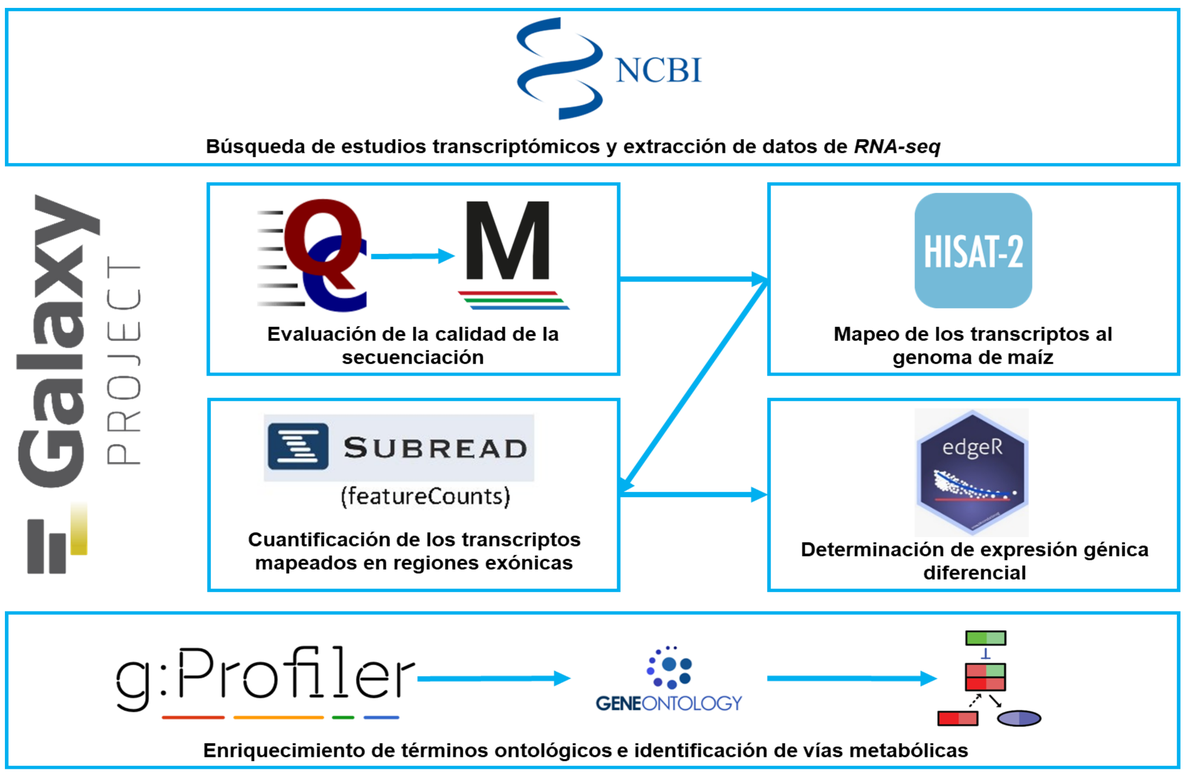
CONCLUSIONES

En etapas tempranas de la infección, entre 48 y 72 horas después de la inoculación, la vía de biosíntesis de fenilpropanoides tendría un rol fundamental en los mecanismos de defensa que confieren resistencia a los patógenos evaluados. En cambio, la vía metabólica de la fotosíntesis estaría involucrada en los mecanismos que confieren susceptibilidad a dichos patógenos.

Estos resultados contribuyen a una mayor comprensión de la arquitectura genética que controla la resistencia a múltiples enfermedades, siendo sumamente importantes para el desarrollo de germoplasma resistente.

El presente análisis forma parte de la tesis de Maestría en Bioinformática y Biología de Sistemas de Andrea Peñas Ballesteros.
Este trabajo esta financiado por INTA 2019-PE-E6-I114-001 y INTA 2019-PE-E6-I128-001

MATERIALES Y MÉTODOS



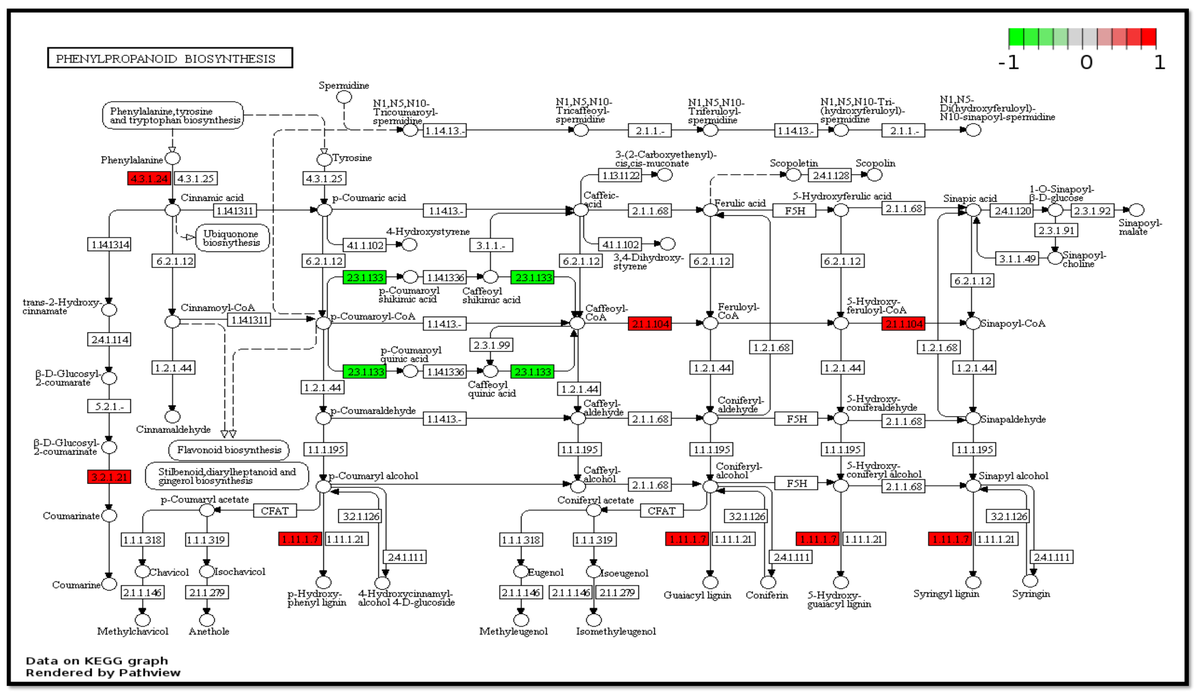


Figura 2. Vía de biosíntesis de fenilpropanoides. En rojo, se observan los genes sobreexpresados en genotipos resistentes, mientras que los genes sobreexpresados en genotipos susceptibles se observan en verde.

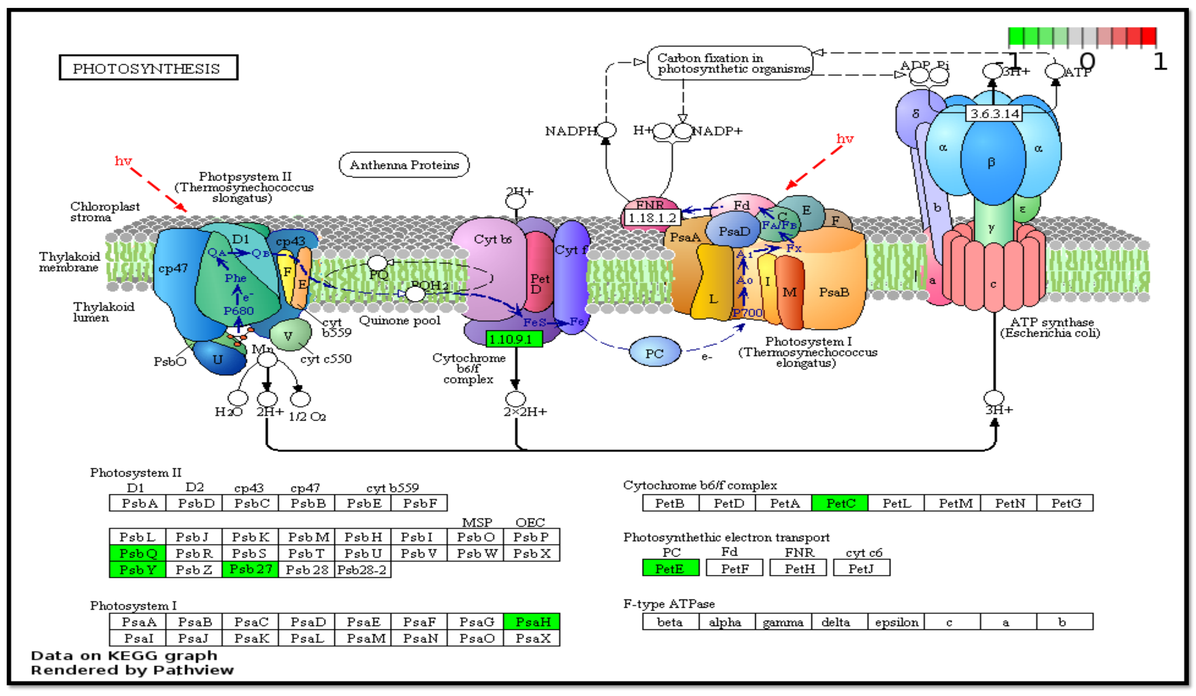


Figura 3. Vía metabólica de la fotosíntesis. En verde, se observan los genes sobreexpresados en plantas susceptibles.

CONICET UNNOBA UNSAdA CITNOBA BIO

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria INTA
Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca
Ministerio de Economía Argentina