

Expresión diferencial de genes involucrados en la resistencia de maíz (*Zea mays L.*) a *Fusarium verticillioides*, *F. graminearum* y *Ustilago maydis*.

Peñas Ballesteros, Andrea^{1,2}; Baricalla, Agustín Ariel^{1,3}; Iglesias, Juliana^{2,3}

¹Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA-CONICET-UNNOBA-UNSADA), ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-Estación Experimental Pergamino (INTA-EEA Pergamino), ³Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA). Correo electrónico: apenasballesteros@comunidad.unnoba.edu.ar

INTRODUCCIÓN

Las espigas de maíz (*Zea mays L.*) son afectadas por diversos patógenos que impactan negativamente sobre el rendimiento y la calidad de los granos. Entre los patógenos más relevantes que infectan este órgano, se destacan *Fusarium verticillioides* (FV; necrótrofo) *F. graminearum* (FG; hemibiótrofo) y *Ustilago maydis* (UM; biótrofo).

MATERIALES Y MÉTODOS



Búsqueda de estudios transcriptómicos y extracción de datos de RNA-seq



OBJETIVO

Determinar genes diferencialmente expresados en genotipos resistentes y susceptibles a FV, FG y UM entre 48 y 72 horas después de la infección.

RESULTADOS

Para los genotipos resistentes, se encontró sobreexpresión de 13 genes asociados a la biosíntesis de fenilpropanoides y de 3 genes involucrados en la biosíntesis de monoterpenoides (A). Para los genotipos susceptibles, se detectó la sobreexpresión de 7 genes vinculados a la fotosíntesis (B).

CONCLUSIÓN

Los genes y vías metabólicas encontrados estarían involucrados en los mecanismos de resistencia o susceptibilidad de genotipos de maíz en respuesta a FV, FG y UM. El estudio de estos genes y vías metabólicas podría contribuir a una mayor comprensión de los mecanismos de defensa involucrados en la resistencia del maíz a múltiples patógenos.

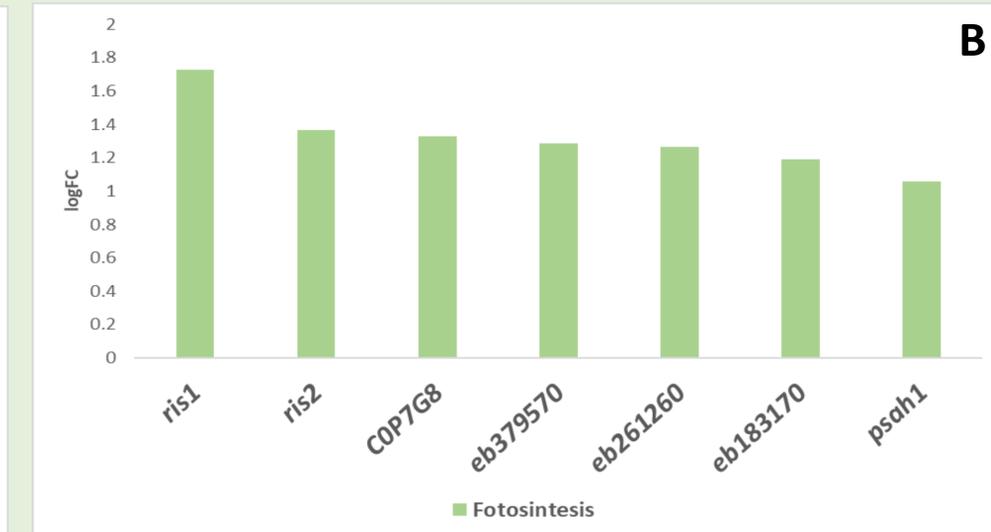
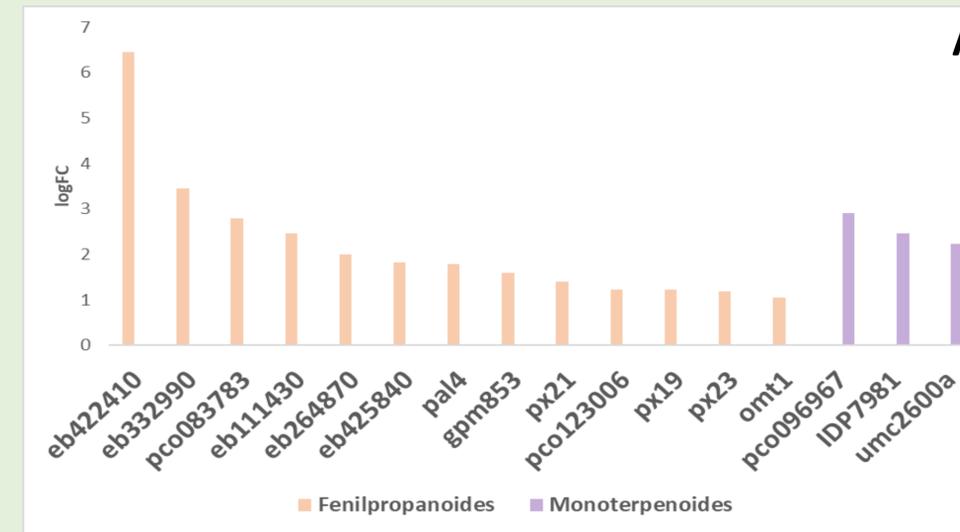


Figura 1. En el eje x, se pueden observar los genes diferencialmente sobreexpresados para los genotipos resistentes (A) y para los susceptibles (B). En el eje y, se observa el logaritmo en base 2 de la tasa de cambio entre ambos grupos (logFC).

Gen	Proteína
Zm00001eb422410	Proteína tipo Peroxidas 72
Zm00001eb332990	Peroxidasa 24
pco083783	Proteína tipo Peroxidas 16
Zm00001eb111430	Peroxidasa 52
Zm00001eb264870	Peroxidasa 43
Zm00001eb425840	Proteína de la superfamilia de las peroxidasas
pal4	Fenilalanina amonio liasa 4
gpm853	Proteína tipo Peroxidas 70
px21	Peroxidasa 21
pco123006	Peroxidase 17
px19	Peroxidase 19
px23	Peroxidasa 23
omt1	Cafeoil-CoA O-metiltransferasa 1
pco096967	Salutaradina reductasa
IDP7981	(+) - Neomentol deshidrogenasa
umc2600a	Proteína tipo Salutaradina reductasa

Gen	Proteína
ris1	Subunidad de hierro-azufre del complejo citocromo b6-f
ris2	Subunidad de hierro-azufre del complejo citocromo b6-f
COP7G8	Proteína del fotosistema II de 11 kD
Zm00001eb379570	Proteína no caracterizada
Zm00001eb261260	Proteínas psbY del complejo central del fotosistema II
Zm00001eb183170	Subunidad fotosintética NDH de ubicación luminal 2
psah1	Subunidad 1 del fotosistema I

