

CAMBIOS TRANSCRIPCIONALES IMPLICADOS EN LA INTERACCIÓN MOLECULAR ENTRE *Fortunella spp* y *Xanthomonas citri* pv. *citri* EN ETAPAS TEMPRANAS DEL DESARROLLO DEL CANCRO CÍTRICO

Giraldo-González, Jhon Jairo¹, Rodas Mendoza, Elkin Fernand, Chaves-Bedoya Giovanni¹, Jesus Aparecido Ferro²

¹Grupo de Investigación “Fitobiomol”. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Francisco de Paula Santander, 540003, Cúcuta, Colombia. ²Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Departamento de Tecnologia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), 14.884-900 Jaboticabal, SP, Brazil.

El cancro, una enfermedad causada por la bacteria *Xanthomonas citri* pv. *citri* que afecta a todos los cítricos de importancia agronómica, representa actualmente una amenaza para los cultivos en países productores. Sin embargo, en este patosistema se ha encontrado que algunas especies del género *Fortunella* (kumquat) son altamente tolerantes a la enfermedad. Por consiguiente, para investigar las bases que median esta resistencia, en este trabajo se realizó un análisis de transcriptómica comparativa (RNA-seq) para identificar los cambios en la expresión de genes implicados en la interacción de la planta a 24 horas del inicio de la infección. Se encontraron 939 Genes Diferencialmente Expresados (GDE), de los cuales 273 fueron inducidos, mientras que los restantes 666 fueron reprimidos. Los primeros estuvieron implicados en el reconocimiento de patógenos, como receptores PRR y de lectina tipo G y L, inmunidad PTI y biosíntesis de metabolitos secundarios como fenilpropanoides, diterpenoides, flavonoides y alcaloides. Asimismo, se encontró fuerte inducción de genes que participan en remodelación de la pared celular, producción de radicales libres de oxígeno, proteínas asociadas a patogénesis (PR) y la síntesis y señalización dependientes de etileno y ácido salicílico. A su vez, los genes reprimidos estuvieron relacionados con la fotosíntesis, fotorrespiración, metabolismo de clorofilas, transporte y señalización de auxinas, ciclo celular y crecimiento. Estos resultados indican que la planta limita el desarrollo bacteriano en las primeras horas de la infección a través de una respuesta en la que, una vez el reconocimiento patogénico, genera un fuerte estallido oxidativo e inicia una reprogramación metabólica donde su propio crecimiento es detenido mientras que los compuestos de carbono, nitrógeno y azufre son movilizados hacia la síntesis de proteínas y metabolitos secundarios de defensa. Estos resultados aportan al conocimiento del patosistema, lo que permitirá diseñar métodos efectivos para el control de la enfermedad.

Palabras clave: Genes Diferencialmente Expresados (GDE), Interacción planta-patógeno, RNA-seq, Inmunidad PTI