

	GESTIÓN DE SERVICIOS ACADÉMICOS Y BIBLIOTECARIOS		CÓDIGO	FO-GS-15	
			VERSIÓN	02	
	ESQUEMA HOJA DE RESUMEN			FECHA	03/04/2017
				PÁGINA	1 de 1
ELABORÓ		REVISÓ		APROBÓ	
Jefe División de Biblioteca		Equipo Operativo de Calidad		Líder de Calidad	

RESUMEN TRABAJO DE GRADO

AUTOR(ES): NOMBRES Y APELLIDOS COMPLETOS

NOMBRE(S): SARA COROMOTO APELLIDOS: SUÁREZ ACEVEDO

NOMBRE(S): _____ APELLIDOS: _____

NOMBRE(S): _____ APELLIDOS: _____

FACULTAD: CIENCIAS BÁSICAS

PLAN DE ESTUDIOS: MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

DIRECTOR:

NOMBRE(S): ELKIN FERNANDO APELLIDOS: RODAS MENDOZA

NOMBRE(S): _____ APELLIDOS: _____

TÍTULO DEL TRABAJO (TESIS): IDENTIFICACIÓN DE GENES DE PATOGENICIDAD EN *Xanthomonas citri* subsp. *citri* MEDIANTE ANÁLISIS TRANSCRIPCIONALES EN GENOTIPOS TOLERANTES Y SUSCEPTIBLES A LA CANCROSIS DE LOS CÍTRICOS.

Xanthomonas citri subsp. *citri* (*Xac*) es la causante de la cancrrosis de los cítricos, enfermedad que afecta a los cultivos del género *Citrus* de importancia económica. La naranja Pera Río (*Citrus sinensis*) es moderadamente tolerante a la enfermedad, mientras que el limón galego (*Citrus aurantifolia*) es altamente susceptible. Para comprender mejor los mecanismos moleculares que subyacen en las diferentes respuestas de *Xac*, su perfil transcriptómico infectando ambos genotipos fue comparado usando *RNA-Seq*. 839 y 982 genes diferencialmente expresados (GDE) fueron identificados en *Xac* durante su interacción con la naranja y el limón, respectivamente. De estos, 607 fueron comunes en ambos genotipos. La anotación de los GDE reveló que *Xac* induce genes del sistema de secreción tipo III y efectores, enzimas degradadoras de paredes celulares, respuesta a estrés oxidativo, síntesis de goma Xantano, entre otros, en ambos hospederos. Asimismo, análisis demostraron que mutantes de los genes inducidos *hrpX*, *mltB*, *ugd* y una proteína hipotética (XAC_RS01780), relacionada con un regulador transcripcional, presentaron una significativa reducción de los síntomas de la enfermedad, sugiriendo su relevancia en el proceso infeccioso de *Xac*. Este estudio brindó información sobre el ambiente intercelular de *Xac* y las posibles estrategias utilizadas por la bacteria para desarrollar la enfermedad.

PALABRAS CLAVES: Cancrosis de los cítricos; Interacción planta-patógeno; Transcriptoma; Genes diferencialmente expresados.

CARACTERÍSTICAS:

PÁGINAS: 138 PLANOS: ____ ILUSTRACIONES: ____ CD ROOM: ____

IDENTIFICACIÓN DE GENES DE PATOGENICIDAD EN *Xanthomonas citri* subsp. *citri*
MEDIANTE ANÁLISIS TRANSCRIPCIONALES EN GENOTIPOS TOLERANTES Y
SUSCEPTIBLES A LA CANCROSIS DE LOS CÍTRICOS.

SARA COROMOTO SUÁREZ ACEVEDO

UNIVERSIDAD FRANCISCO DE PAULA SANTANDER
FACULTAD DE CIENCIAS BÁSICAS
PLAN DE ESTUDIOS DE MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
SAN JOSÉ DE CÚCUTA

2021

IDENTIFICACIÓN DE GENES DE PATOGENICIDAD EN *Xanthomonas citri* subsp. *citri*
MEDIANTE ANÁLISIS TRANSCRIPCIONALES EN GENOTIPOS TOLERANTES Y
SUSCEPTIBLES A LA CANCROSIS DE LOS CÍTRICOS

SARA COROMOTO SUÁREZ ACEVEDO

Trabajo de grado para optar al título de Magister en Ciencias Biológicas

Director

ELKIN FERNANDO RODAS MENDOZA M.Sc., PhD

Doctor en Microbiología Agropecuaria

Codirector

GIOVANNI CHAVES BEDOYA M.Sc., PhD

Doctor en Biotecnología Vegetal

UNIVERSIDAD FRANCISCO DE PAULA SANTANDER

FACULTAD DE CIENCIAS BÁSICAS

PLAN DE ESTUDIOS DE MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS

SAN JOSÉ DE CÚCUTA

2021

MAESTRÍA EN CIENCIAS BIOLÓGICAS
ACTA DE SUSTENTACIÓN TRABAJO DE GRADO
MODALIDAD INVESTIGACIÓN

Fecha: 26 de abril de 2021

Hora: 11:00 a.m.

Lugar: Sesión Virtual Mediante Google Meet.

Título del Trabajo: Identificación de genes de patogenicidad en *Xantomonas citri* subsp *citri* mediante análisis transcripcionales en genotipos tolerantes y susceptibles a la cancrrosis de los cítricos

Nombre del estudiante	Código	Calificación	
		Letra	Número
SARA COROMOTO SUAREZ ACEVEDO	2400008	Cuatro, ocho	4.8

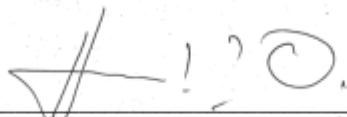
Observaciones: Tesis Meritoria

Jurados:



GERMAN LUCIANO LÓPEZ BARRERA

4.8
Nota



HERNANDO AUGUSTO MEZA OSORIO

4.8
Nota

DIRECTOR (A):



ELKIN FERNANDO RODAS MENDOZA

CODIRECTOR (A):



GIOVANNI CHAVES BEDOYA


Vº.Bº SEIR ANTONIO SALAZAR MERCADO

Director Comité Curricular
Maestría en Ciencias Biológicas

Agradecimientos

Es un espacio muy reducido para dar cuenta de la inmensa gratitud que siento hoy por culminar esta etapa de mi vida estudiantil. Dios es testigo de las veces que me sentí incapaz de confiar en mí, contrario a lo que hacían quienes me alentaron en este camino. Es por ello, que mi primera muestra de agradecimiento está dirigida a Él, a Nuestro Creador, quien me acompañó en cada clase, seminario, examen y sobretodo en la etapa de elaboración de este proyecto. Sin embargo, le debo aún más gratitud por haber dispuesto en mi senda a las personas correctas años antes de volver a la universidad como estudiante de maestría. Me refiero, a Yoana y a Fernando. Estoy convencida que conocerlos fue el inicio de esta aventura, de la que no solo quedan inmensas enseñanzas y un grado más de estudio, sino una valiosísima amistad que atesoro enormemente. A Yoana - con la que tenemos un lazo que nos une como a hermanas- sin sus risas, compañía y apoyo, este camino no habría sido lo satisfactorio que fue. Al profesor Dr. Fernando Rodas, mi eterna gratitud por su paciencia, guía, exigencia, acompañamiento y sobre todo por la confianza que siempre tuvo en mí.

Al profesor Dr. Giovanni Chaves, por su co-orientación, sugerencias y apoyo durante la maestría y aún más en el desarrollo de este trabajo.

Al grupo de investigación FITOBIOMOL, por abrirle las puertas a esta investigación y por el apoyo recibido durante su desarrollo.

Al laboratorio de Biología Molecular de la Universidad Estadual de Sao Paulo, por brindarnos la oportunidad de realizar este trabajo colaborativo.

A mis compañeros de cohorte, no saben cuánto extraño nuestros recesos de clase, el compañerismo y su agradable compañía.

A mi familia y a Melkin, ellos saben cuánto he sacrificado para obtener este logro, y siempre me demostraron su comprensión y apoyo. ¡Los amo!

Contenido

	pág.
Introducción	11
1. Objetivos	15
1.1 Objetivos General	15
1.2 Objetivos Específicos	15
2. Estado del Arte	16
2.1 El género <i>Xanthomonas</i> .	16
2.2 <i>Xanthomonas citri</i> subsp. <i>citri</i> .	18
2.3 Cancrosis de los Cítricos	20
2.4 Interacción Planta-Patógeno	23
2.5 Análisis Transcripcionales	25
3. Materiales y Métodos	27
3.1 Bases de Datos Transcriptómicos de <i>Xac in vivo</i> .	27
3.2 Análisis de los Genes Diferencialmente Expresados (GDE)	27
3.3 Validación del Transcriptoma por qRT-PCR.	28
3.4 Anotación Funcional de Genes y Enriquecimiento de Vías Metabólicas	29
3.5 Diseño del Modelo Representativo del Proceso Infeccioso de <i>Xac 24 hdi</i> .	29
3.6 Validación Funcional de Algunos Genes Inducidos	29
3.7 Medición de Peróxido de Hidrógeno en Planta	30
3.8 Modelamiento de la Proteína XAC_RS01780	30
4. Resultados	32

4.1 El transcriptoma Global de <i>Xac in vivo</i> Direcciona la Identificación de GDE Involucrados en el Desarrollo de la Cancrosis de los Cítricos	32
4.2 Genes Diferencialmente Expresados en <i>Xac</i> Revelan Indicios sobre su Adaptación en el Apoplasto y sus Principales Mecanismos de Patogenicidad en el Estadio Inicial de la Enfermedad	34
4.3 Sistema de Secreción Tipo 3 y Efectores	39
4.4 Genes de <i>Xac</i> Inducidos Específicamente en los Hospederos Cítricos Estudiados	40
4.5 Diferencias Transcripcionales en Genes de <i>Xac</i> Asociados a Respuesta a Estrés Oxidativo en los Genotipos Estudiados	43
4.6 Descripción General del Mecanismo de Adaptación de <i>Xac</i> al Interior de los Genotipos Estudiados	45
4.7 Validación Funcional de los Genes Inducidos de <i>Xac</i> .	46
4.8 La Proteína Hipotética XAC_RS01780 es un Posible Regulador Transcripcional Asociado a la Familia MarR/DUF24	47
5. Discusión	53
6. Conclusiones	64
Referencias Bibliográficas	65
Anexos	90