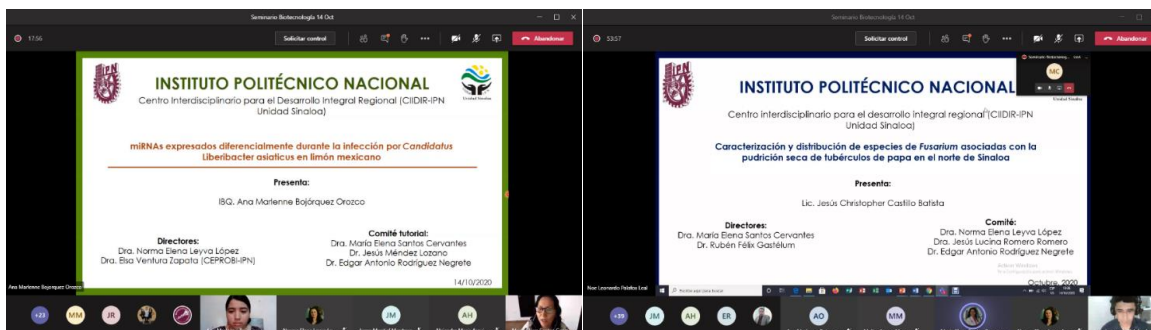




COMUNICADO DE PRENSA



Guasave, Sinaloa a 14 de octubre de 2020



El 14 de octubre se llevó a cabo vía videoconferencia el Ciclo de Seminarios de Maestría en Recursos Naturales y Medio Ambiente del Departamento de Biotecnología Agrícola, con los temas:

1.- “miRNAs expresados diferencialmente durante la infección por Candidatus Liberibacter asiaticus en limón mexicano.”

Ponente: Ana Marlenne Bojórquez Orozco **Directoras:** Dra. Norma Elena Leyva López y Dra. Elsa Ventura Zapata.

2.- “Caracterización y distribución de especies de Fusarium asociadas con la pudrición seca de tubérculos de papa en el norte de Sinaloa.”

Ponente: Jesús Christopher Castillo Batista **Directores:** Dra. María Elena Santos Cervantes y Dr. Rubén Félix Gastelum.



COMUNICADO DE PRENSA



Resumen 1.- “miRNAs expresados diferencialmente durante la infección por *Candidatus Liberibacter asiaticus* en limón mexicano.”:

Los microRNAs (miRNAs) son transcritos no codificantes que regulan la expresión génica desempeñando un papel fundamental en diversos procesos biológicos y metabólicos en las plantas. Diversos estudios han identificado una gran cantidad de miRNAs involucrados durante la respuesta al estrés biótico y abiótico. No obstante, a pesar de la gran cantidad de información disponible gracias a las tecnologías de secuenciación masiva, el papel regulatorio de estas moléculas es limitado en plantas no modelo. Esto ha complicado el estudio de enfermedades de importancia agronómica como el Huanglongbing (HLB). El HLB es una de las enfermedades más destructivas que amenaza la industria cítrica mundial. Esta enfermedad se ha asociado a bacterias del género *Candidatus Liberibacter spp.* y *Candidatus phytoplasma spp.* Por la naturaleza del agente causal ha sido complicado mitigar la enfermedad y a pesar de los esfuerzos por generar estrategias de manejo, poco se sabe acerca de los mecanismos moleculares en la interacción planta-patógeno. Por lo cual, el objetivo de este trabajo es identificar miRNAs expresados diferencialmente durante la infección por *Candidatus Liberibacter asiaticus* en limón mexicano. Inicialmente, se obtuvieron 8 bibliotecas en condición asintomática (8wpi) y sintomática (16wpi) con sus respectivos controles (plantas sanas, HLB-). Las bibliotecas se alinearon con el transcriptoma de *Citrus aurantifolia* y dos genomas de referencia. Con la ayuda de ShortStack se identificaron 27 miRNAs en *C. aurantifolia* pertenecientes a 11 familias distintas, mientras que en *C. sinensis* y *C. clementina* se identificaron 115 y 118 miRNAs respectivamente. El análisis de expresión diferencial en *C. aurantifolia* permitió identificar 3 miRNAs (cau-miR403, cau-miR172, cau-miRN2) y un sRNA (cau-miR858) desregulados en la etapa asintomática, destacando la presencia de un miRNA nuevo. En la etapa sintomática se expresaron diferencialmente 5 miRNAs (cau-miR156, cau-miR160, cau-miR403, cau-miR167 y cau-miR172) y 4 sRNAs identificados como cau-miR399, cau-miR393, cau-miR536 y cau-miR171. El análisis de enriquecimiento GO de los genes blanco reveló que proceso celular (GO:0009987), célula (GO:0005623) y actividad catalítica (GO:0003824) fueron los términos mayormente enriquecidos. La comprensión de la interacción CLas – limón mexicano, permitirá desarrollar estrategias de manejo basadas en el uso miRNAs.

Resumen 2.- “Caracterización y distribución de especies de *Fusarium* asociadas con la pudrición seca de tubérculos de papa en el norte de Sinaloa.”:

El cultivo de la papa es de gran importancia a nivel mundial, incluyendo México; por su valor económico, social y nutricional. Sin embargo, en las últimas décadas el rendimiento y la calidad de este cultivo se ha visto afectado por la pudrición seca, una de las enfermedades más complicadas de detectar e identificar de manera temprana, lo que causa pérdidas económicas considerables para los productores de papa. El agente causal de esta enfermedad son hongos del género *Fusarium*, los cuales se sabe presentan una gran variabilidad genética que los hace capaces de colonizar variados nichos ecológicos en distintas áreas geográficas provocando variaciones morfológicas y fisiológicas. La taxonomía es compleja y la identificación precisa requiere un conjunto de diferentes características morfológicas, biológicas y marcadores filogenéticos. El conocimiento de las especies de este género asociadas a la pudrición seca en Sinaloa permitirá diseñar una diversidad de métodos enfocados al manejo de esta enfermedad, por lo cual el objetivo de la presente investigación es caracterizar las especies de *Fusarium* asociadas a la pudrición seca de tubérculos de papa y determinar su distribución en el norte de Sinaloa. Se realizó un muestreo dirigido en media luna en cada lote, se procesaron un total de 540 tubérculos para la obtención de los aislamientos fúngicos,



COMUNICADO DE PRENSA



posteriormente realizar la caracterización morfológica, molecular, patogenicidad, virulencia y su distribución. En el presente estudio se obtuvieron 146 aislamientos fúngicos, 90 de ellos obtenidos en cosechas tempranas (febrero-marzo) y 55 en cosechas tardías (abril- mayo). Se identificaron 19 morfotipos, de los cuales 13 fueron obtenidos en cosechas tempranas y 6 en cosechas tardías. Todos los aislamientos presentaron micelio aéreo algodonoso y pigmentaciones en el medio de cultivo que van de crema, amarillo, naranja, marrón, rojo, violeta. Mediante el análisis morfológico y molecular se identificaron 96 aislamientos correspondientes a *F. oxysporum*, 27 de *F. falciforme* y 23 de *F. nygamai*. *F. oxysporum* se encontró mayormente distribuido en los municipios de Ahome, Guasave y el Fuerte con porcentajes de frecuencia de 74, 61 y 61 % respectivamente, encontrándose en 16 de los 17 lotes muestreados, seguido de *F. falciforme* con porcentajes de 16, 27 y 13% respectivamente, encontrándose en 11 de los 17 lotes muestreados, por último, la especie con menor distribución en la zona fue *F. nygamai* con porcentajes de 10, 12 y 26 % respectivamente, encontrándose solamente en 6 de los 17 lotes muestreados. Los 18 aislamientos representativos de *Fusarium* evaluados fueron patogénicos en tubérculos de la variedad Fianna, los cuales presentaron diferencias en el grado de virulencia, siendo el aislamiento GL4-17 identificado como *F. falciforme* el que presentó un mayor grado de daño en los tubérculos.