



## RNA-Seq para análisis del transcriptoma del Garbanzo en estrés biótico

Eva Marcela Licea de Anda<sup>1</sup>, María Guadalupe Moreno Contreras<sup>1</sup>, Azael Medina Haro<sup>1</sup> y Teresa Susana Herrera Flores<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidad Politécnica de Penjamo. [elicea@uppenjamo.edu.mx](mailto:elicea@uppenjamo.edu.mx)

El desarrollo de técnicas de secuenciación de DNAC, mediante tecnologías de nueva generación (NGS)<sup>[1]</sup>, permite el análisis eficiente del transcriptoma de un organismo, bajo diferentes condiciones. El objetivo del presente trabajo fue analizar el transcriptoma mediante la técnica de RNA-seq, de una variedad comercial de garbanzo, inoculada con *Fusarium oxysporum*. La condición control consistió en plantas de tres semanas sin inocular de la variedad Costa-2004, la condición tratado plantas de Costa-2004 inoculadas, con dos réplicas cada uno. El tiempo de interacción con el fitopatógeno fue de 48 horas, posteriormente se congeló el tejido para hacer la extracción del RNA de control y tratado. La secuenciación masiva se realizó con la plataforma Illumina. Se obtuvieron 8 bibliotecas *paired-ends* con más de 160 millones de lecturas. En el análisis bioinformático se empleó un procesador con entorno Linux. Las lecturas fueron normalizadas y se empleó el programa EdgeR<sup>[2]</sup>, para el análisis estadístico, el cual utiliza la estimación empírica de Bayes y la distribución binomial negativa. Se identificaron genes diferencialmente expresados durante la interacción, los genes sobreexpresados fueron agrupados en diferentes clasificaciones funcionales. En el estudio se obtuvo información relevante que podrá ser utilizada en futuras investigaciones para comprender los mecanismos moleculares del estrés biótico del garbanzo así como de organismos relacionados.

**Palabras clave:** DNAC, NGS, RNA-seq, transcriptoma

Riascos, *et al.* 2015. Evaluación de las herramientas de secuenciación masiva (NGS) para identificar genes asociados con tolerancia al estrés hídrico en caña de azúcar. 64(4).355-362. doi: <https://doi.org/10.15446/acag.v64n4.47772>

Robinson, *et al.* 2010. edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. *Bioinformatics*. 26(1).139-140. doi: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btp616>