

Relaciones de interacción entre palma de aceite (*Elaeis guineensis*) y *Phytophthora palmivora* desde una perspectiva de la biología de sistemas

Botero D., Araque L., García M., Tupaz A., Montoya C., Ayala I., Romero H.M.

Programa de Biología y Mejoramiento, Cenipalma

Correo presentador: dbotero@cenipalma.org

Cenipalma es un centro de investigaciones con más de 25 años de experiencia en investigación en la palmiticultura colombiana; fundado inicialmente para resolver una de las mayores problemáticas de este sector en el país, la pudrición del cogollo, causada por *Phytophthora palmivora*, hoy en día aborda distintas problemáticas de este sector. La pudrición de cogollo ha sido abordada desde distintas perspectivas agronómicas, biológicas y bioinformáticas, pero no desde la biología de sistemas. La biología de sistemas es una disciplina donde convergen las matemáticas, la física, la estadística, la bioquímica, la biología molecular y las ciencias computacionales. Dentro de esta disciplina la biología de redes permite abordar los organismos biológicos desde una perspectiva donde la totalidad del sistema es mayor a las partes, y en donde las propiedades emergentes del sistema permiten interpretar los problemas biológicos. El objetivo de este trabajo es abordar este patosistema desde una aproximación de la biología de sistema, para caracterizar la interacción de manera matemática e interpretar las relaciones entre genes de manera orgánica. Para esto, se reconstruyeron redes de coexpresión de la interacción de la planta y el patógeno usando los perfiles de expresión de transcritos en diferentes fases de la infección. Adicionalmente, en Cenipalma se han trabajado con distintos genomas de *P. palmivora* con distintos grados de agresividad y patogenicidad. Las variantes encontradas en estos genomas fueron mapeadas a las redes de coexpresión del patógeno. Con esta aproximación fue posible encontrar genes Hubs, módulos y variantes importantes para el fenómeno de interacción planta-patógeno. Por otra parte, con el objetivo de buscar materiales resistentes a la PC, se genotiparon por la técnica de *GBS SNP Targeting*, usando *Kasper*, distintos materiales de palma con diferentes grados de resistencia y susceptibilidad a *P. palmivora*. Estos materiales fueron fenotipados también, tomándose datos de AUDPC, progreso de enfermedad, letalidad, erradicación e incidencia. Posteriormente, se realizó un análisis de asociación genómica GWAS de las variables fenotípicas con la genotípicas usando el algoritmo de FarmCPU implementado en GAPIT. Con esta aproximación fue posible encontrar 55 variantes significativamente asociadas a los diferentes fenotipos. Estas variantes serán útiles para la selección de materiales en campo asistida por marcadores moleculares.

En conclusión, en este trabajo se implementaron varias aproximaciones desde la biología de sistemas y la bioinformática al fenómeno de interacción entre *E. guineensis* y *P. palmivora*. Se encontraron varios genes y módulos moleculares que ayudan a entender el fenómeno de interacción planta patógeno. Adicionalmente, se encontraron varios genes marcadores moleculares que servirán para la selección de materiales en campo susceptibles y resistentes a la pudrición de cogollo.