
ÍNDICE

INTRODUCCIÓN.....	1
CAPÍTULO I	3
ANTECEDENTES	3
1.1 EL ORIGEN E IMPORTANCIA DEL CULTIVO DE PLÁTANO	3
1.2. PRODUCCIÓN MUNDIAL Y NACIONAL.....	4
1.3. ENFERMEDADES EN EL CULTIVO DE PLÁTANO.....	7
1.5. MECANISMOS DE DEFENSA EN LAS PLANTAS	12
1.6. PROTEÍNAS PRR: PROTEÍNAS RECEPTORAS DE PATRONES DE RECONOCIMIENTO.....	14
1.7. EL RECEPTOR Cf-4 Y SU FUNCIÓN	16
1.8. ESTUDIOS A ESCALA GENÓMICA DE LA FAMILIA LRR-RLP EN PLANTAS	18
1.9. REPORTES DE GENES DE RESISTENCIA EN PLÁTANO.	18
JUSTIFICACIÓN	19
HIPÓTESIS	20
OBJETIVO GENERAL	20
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	20
CAPÍTULO II	23
CARACTERIZACIÓN DE LA ESTRUCTURA Y LOCALIZACIÓN CROMOSÓMICA DE LOS MIEMBROS DE LA FAMILIA LRR-RLP DE PLÁTANO.....	23
2.1 INTRODUCCIÓN	23

2.2 ESTRATEGIA EXPERIMENTAL	25
2.3 MATERIALES Y MÉTODOS	26
2.3.1 RASTREO DE SECUENCIAS <i>LRR-RLP</i> EN EL GENOMA DE PLÁTANO.....	26
2.3.2 IDENTIFICACIÓN DE SECUENCIAS <i>LRR-RLP</i> EN EL GENOMA DE PLÁTANO.....	26
2.3.3 IDENTIFICACIÓN DE EXONES, INTRONES Y REGIONES NO TRADUCIBLES EN LOS GENES <i>LRR-RLP</i>	26
2.3.4 IDENTIFICACIÓN DE MOTIVOS CONSERVADOS EN LAS PROTEÍNAS <i>LRR-RLP</i>	27
2.3.5 LOCALIZACIÓN DE LOS GENES <i>LRR-RLP</i> EN LOS CROMOSOMAS.....	27
2.3.6 MODELAJE TRIDIMENSIONAL DE PROTEÍNAS DE LA FAMILIA <i>LRR-RLP</i> DE PLÁTANO	27
2.4 RESULTADOS	28
2.4.1 IDENTIFICACIÓN, ANOTACIÓN Y LOCALIZACIÓN SUBCELULAR DE SECUENCIAS <i>LRR-RLPs</i> EN EL GENOMA DE PLÁTANO.	28
2.4.2 ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GÉNICA DE LOS <i>MALRR-RLP</i> E IDENTIFICACIÓN DE MOTIVOS CONSERVADOS EN SUS SECUENCIAS PROTEICAS.....	32
2.4.3 LOCALIZACIÓN DE LOS GENES <i>MALRR-RLP</i> EN LOS CROMOSOMAS.....	35
2.4.4 GENES <i>LRR-RLP</i> DE PLÁTANO CON POTENCIAL DE RESISTENCIA A Foc RAZA1 FORMAN UN CLÚSTER EN EL CROMOSOMA 10.	36
2.5 DISCUSIÓN	39
2.6 CONCLUSIONES	43
CAPÍTULO III	44
ANÁLISIS FILOGENÉTICO Y DE EXPRESIÓN DE LOS MIEMBROS DE LA FAMILIA <i>LRR-RLP</i> DE PLÁTANO	44

3.1 INTRODUCCIÓN	44
3.2 ESTRATEGIA EXPERIMENTAL	46
3.3 MATERIALES Y MÉTODOS	47
3.3.1 ALINEAMIENTO MÚLTIPLE DE SECUENCIAS Y FILOGENIA DE LOS MIEMBROS DE LA FAMILIA LRR-RLP DE PLÁTANO	47
3.3.2 FILOGENIA DE LOS MIEMBROS DE LA FAMILIA LRR-RLP DE PLÁTANO CON PROTEÍNAS DE RESISTENCIA LRR-RLP	47
3.3.3 FILOGENIA DE LAS FAMILIAS LRR-RLP DE PLÁTANO, ARROZ Y <i>ARABIDOPSIS</i>	47
3.3.4 ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO DE LOS GENES <i>LRR-RLP</i> DE PLÁTANO EN RESPUESTA A FOC RAZA 1 Y FOC TR4	48
2.3.6 MODELAJE TRIDIMENSIONAL DE PROTEÍNAS DE LA FAMILIA LRR-RLP DE PLÁTANO	48
3.4 RESULTADOS	49
3.4.1 ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LA FAMILIA DE LRR-RLPs EN PLÁTANO	49
3.4.2 ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LOS LRR-RLPs DE PLÁTANO CON PROTEÍNAS DE RESISTENCIA LRR-RLP CARACTERIZADAS FUNCIONALMENTE.	51
3.4.3 ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE LRR-RLPs DE PLÁTANO, ARROZ Y <i>ARABIDOPSIS</i>	54
3.4.4 ANÁLISIS DE EXPRESIÓN DE LOS GENES <i>LRR-RLP</i> DE PLÁTANO	56
3.5 DISCUSIÓN	60
3.6 CONCLUSIONES	62
CAPÍTULO IV	63
DISCUSIÓN GENERAL, CONCLUSIONES GENERALES Y PERSPECTIVAS	63
4.1 DISCUSIÓN GENERAL	63

4.2 CONCLUSIONES GENERALES	67
4.3 PERSPECTIVAS	68
BIBLIOGRAFIA.....	69

RESUMEN

Las plantas son capaces de percibir a los patógenos a través de receptores, los cuales se clasifican, dependiendo de su localización celular, en intracelulares o anclados en la membrana celular; estos últimos son denominados PRRs (receptores de reconocimiento de patrones). Dentro de los PRRs se encuentran las cinasas tipo receptor con un dominio de repeticiones ricas en leucina (LRR-RLKs) y las proteínas tipo receptor con un dominio de repeticiones ricas en leucina (LRR-RLPs). Las proteínas LRR-RLP desempeñan un papel fundamental en el sistema inmune de las plantas al reconocer, por medio de su ectodominio LRR, moléculas derivadas de patógenos y activar una respuesta de resistencia robusta que impide la colonización del microorganismo a la planta y el desarrollo de una enfermedad. Con respecto al caso específico del monocultivo de plátano, este es susceptible a diversas enfermedades debido a su baja variabilidad genética, por lo que la búsqueda de genes que confieran resistencia a patógenos en el germoplasma de este cultivo es de suma importancia tanto para su mejoramiento genético como para contribuir a la seguridad alimentaria global. En este sentido, el estudio de genes de resistencia, como es el caso de los genes *LRR-RLP*, es relevante para el mejoramiento genético de este cultivo. Por tal motivo, el objetivo general del presente trabajo fue caracterizar la estructura, localización cromosómica, filogenia y expresión de los miembros de la familia *LRR-RLP* del genotipo silvestre *Musa acuminata* ssp. *malaccensis*. Mediante la aplicación de múltiples herramientas bioinformáticas se logró la identificación de un total de 78 genes *LRR-RLP* en el genoma del plátano. Interesantemente, siete *MaLRR-RLPs* se agruparon en un clúster en la parte distal del cromosoma 10, donde la resistencia a la enfermedad del marchitamiento por *Fusarium* causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raza 1 ha sido previamente mapeada. Por lo tanto, estos siete *MaLRR-RLPs* fueron propuestos como candidatos a genes de resistencia (CGR) para la enfermedad del marchitamiento de *Fusarium*. También identificamos otros siete CGR de plátano en función de sus estrechas relaciones filogenéticas con proteínas de resistencia *LRR-RLP* conocidas. Además, el análisis filogenético de las familias *LRR-RLP* de plátano, arroz y *Arabidopsis* reveló cinco clados filogenéticos compartidos por estas especies de plantas, lo cual sugiere un origen antiguo para los miembros de estos cinco clados que podría preceder la divergencia de plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas. Finalmente, un análisis transcriptómico de la familia de genes *MaLRR-RLP* en plantas tratadas con Foc raza 1 o Foc TR4 mostró la expresión de varios miembros de esta familia, algunos de los cuales fueron regulados de forma positiva en respuesta a estas razas de Foc. Este estudio ha proporcionado nuevo conocimiento sobre la estructura, distribución en los cromosomas, evolución y expresión de la familia de genes *LRR-RLP* de plátano, así como valiosos CGR que podrían facilitar la identificación de genes de resistencia a enfermedades para el mejoramiento genético de este cultivo.

ABSTRACT

Plants are able to perceive pathogens through receptors, which are classified, depending on their cellular location, into intracellular or anchored in the cell membrane; the latter are called PRRs (pattern recognition receptors). PRRs include leucine-rich repeat receptor-like protein kinases (LRR-RLKs) and leucine-rich repeat receptor-like proteins (LRR-RLPs). LRR-RLPs play a fundamental role in the immune system of plants by recognizing, through their LRR ectodomain, molecules derived from pathogens and activating a robust resistance response that prevents the colonization of the microorganism to the plant and the development of a disease. Particularly, banana monoculture is susceptible to various diseases due to its low genetic variability, therefore the search for genes that confer resistance to pathogens is of utmost importance both for its genetic improvement and for the contribution to global food security. In this sense, the study of resistance genes, such as the *LRR-RLP* genes, is relevant for the genetic improvement of this crop. For this reason, the general objective of this work was to characterize the structure, chromosomal location, phylogeny and expression of the members of the LRR-RLP family of the wild genotype *Musa acuminata* ssp. *malaccensis*. Through the application of multiple bioinformatics tools, the identification of a total of 78 *LRR-RLP* genes in the banana genome was achieved. Interestingly, seven *MaLRR-RLPs* were clustered in the distal part of chromosome 10, where resistance to Fusarium wilt disease caused by *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* race 1 has been previously mapped. Therefore, these seven *MaLRR-RLPs* were proposed as resistance gene candidates (RGCs) for Fusarium wilt resistance. We also identified seven other banana RGCs based on their close phylogenetic relationships with known LRR-RLP resistance proteins. In addition, phylogenetic analysis of the LRR-RLP families of banana, rice and *Arabidopsis* revealed five phylogenetic clades shared by these plant species, suggesting an ancient origin for the members of these five clades that could precede the divergence of monocotyledonous and dicotyledonous plants. Finally, a transcriptomic analysis of the *MaLRR-RLP* gene family in plants treated with Foc race 1 or Foc TR4 showed the expression of several members of this family, some of whom were positively regulated in response to these Foc races. This study has provided new knowledge about the structure, distribution in chromosomes, evolution and expression of the LRR-RLP family of banana genes, as well as valuable RGCs that could facilitate the identification of disease resistance genes for the genetic improvement of this crop.