

## Anexo D.

Se presentan los anexos correspondientes al capítulo 3: Reprogramación transcripcional de raíces de clavel en interacción con Fod, correspondientes a algunas figuras y tablas.

**Tabla D-1.** Relaciones de absorbancia, concentraciones y *R/N* en muestras ARN total provenientes de raíces en dos variedades de clavel Golem - resistente y Mizuki - susceptible en interacción con Fod en dos puntos de muestreo 1 y 26 dpi.

# Muestra	Tratamiento	Variedad de clavel	dpi	Réplica	Relación $A_{260}:A_{280}$	Relación $A_{260}:A_{230}$	Concentración ARN (ng/uL)	*RIN
01	Control	Golem	1	1	1,98	2,06	207,3	5,8
02	Control	Golem	1	2	1,97	2,04	356,8	6,5
03	Control	Golem	1	3	1,97	1,42	421,1	5,0
04	Inoculado	Golem	1	1	1,92	2,08	335,4	7,0
05	Inoculado	Golem	1	2	1,94	1,49	175,6	5,7
06	Inoculado	Golem	1	3	1,93	2,05	242,0	5,3
07	Control	Mizuki	1	1	1,97	1,79	329,1	6,4
08	Control	Mizuki	1	2	1,95	1,99	438,6	6,2
09	Control	Mizuki	1	3	1,94	1,70	473,6	7,2
10	Inoculado	Mizuki	1	1	2,00	2,25	1175,0	5,4
11	Inoculado	Mizuki	1	2	1,97	1,94	1812,6	6,4
12	Inoculado	Mizuki	1	3	1,95	1,76	364,1	7,1
13	Control	Golem	26	1	1,92	1,79	243,0	6,8
14	Control	Golem	26	2	1,75	2,20	113,3	6,6
15	Control	Golem	26	3	1,84	1,87	367,8	5,0
16	Inoculado	Golem	26	1	1,97	2,00	343,8	7,0
17	Inoculado	Golem	26	2	1,98	2,13	289,7	6,6
18	Inoculado	Golem	26	3	1,96	1,94	74,2	7,2
19	Control	Mizuki	26	1	1,92	2,09	479,1	6,6
20	Control	Mizuki	26	2	1,89	2,19	466,7	6,1
21	Control	Mizuki	26	3	1,90	2,15	420,4	7,0
22	Inoculado	Mizuki	26	1	1,99	2,02	260,7	7,9
23	Inoculado	Mizuki	26	2	1,98	2,11	733,6	6,7
24	Inoculado	Mizuki	26	3	1,99	2,20	811,7	7,0

## Anexo D, E y F

**Tabla D-2.** Relaciones de absorbancia, concentraciones y RIN de ARN total en muestras de raíces en dos variedades de clavel Golem - resistente y Mizuki - susceptible en interacción con Fod que hicieron parte de la construcción de los STs. (\*): horas posteriores a la inoculación. ND: dato no disponible. hpi: horas posteriores a la inoculación.

# muestra	Tratamiento	Variedad de clavel	hpi*	Replica	Relación $A_{260}:A_{280}$	Relación $A_{260}:A_{230}$	Concentración ARN (ng/uL)	RIN
25	Control	Golem	0	1	2,00	2,22	359,5	6,5
26	Control	Golem	0	2	2,05	1,94	169,2	6,0
27	Control	Mizuki	0	1	1,86	1,84	740,3	7,0
28	Control	Mizuki	0	2	2,01	2,18	1167,5	7,0
29	Control	Mizuki	0	3	1,97	2,02	520	7,2
30	Elicitado	Golem	12	1	ND	ND	ND	ND
31	Elicitado	Golem	12	2	ND	ND	ND	ND
32	Control	Mizuki	12	1	1,96	1,78	613	5,6
33	Elicitado	Mizuki	12	1	1,94	1,54	518	7,0
34	Elicitado	Mizuki	12	2	ND	ND	ND	ND

**TABLA D-3.** Parámetros de calidad de obtenidos usando el programa multiQC v.1.11 para lecturas pertenecientes a muestras de raíz de clavel resistente a Fod, condición g1. La barra al piso (⌋) indica el sentido de la librería *pair end* (PE), *forward*: 1 y *reverse*: 2.

Muestras	% GC	Largo de las lecturas (bases)	Total de secuencias por millones	% lecturas únicas	% lecturas duplicadas	% Secuencias sobre representadas	% Adaptadores
1_1	49	101	13,5	13,5	86,5	11,17	0,55
1_2	48	101	13,5	14,5	85,5	4,45	0,55
2_1	49	101	11,2	8,7	91,3	22,2	1,90
2_2	49	101	11,2	9,6	90,4	10,88	1,90
3_1	47	101	10,8	39,4	60,6	0,41	1,06
3_2	47	101	10,8	39,8	60,2	0,11	1,06
4_1	48	151	7,2	15,2	84,8	16,76	10,35
4_2	47	151	7,2	15,7	84,3	7,29	10,32
5_1	46	151	6,6	25,9	74,1	15,5	10,19
5_2	46	151	6,6	27,5	72,5	7,50	11,13
6_1	48	151	8,6	11,5	88,5	22,68	15,17
6_2	48	151	8,6	12,7	87,3	9,93	15,04

## Anexo D, E y F

**TABLA D-4:** Parámetros de calidad obtenidos usando el programa multiQC v1.11 para lecturas pertenecientes a muestras de raíz de clavel variedad resistente a Fod, confición g26. La barra al piso (⌊) indica el sentido de la librería *PE*, *forward*: 1 y *reverse*: 2.

Muestras	% GC	Largo de las lecturas (bases)	Total de secuencias por millones	% lecturas únicas	% lecturas duplicadas	% Secuencias sobre representadas	% Adaptadores
13_1	49	101	13,1	16,4	83,6	12,81	0,35
13_2	48	101	13,1	17,0	83,0	4,76	0,35
14_1	49	101	12,7	7,2	92,8	26,33	1,51
14_2	49	101	12,7	8,7	91,3	11,61	1,51
15_1	47	151	6,8	7,0	93,0	31,88	10,32
15_2	47	151	6,8	7,4	92,6	17,10	10,28
16_1	48	101	12,2	13,1	86,9	20,42	1,09
16_2	47	101	12,2	14,1	85,9	9,73	1,01
17_1	46	101	11,8	10,4	89,6	22,89	0,43
17_2	46	101	11,8	11,5	88,5	10,19	0,43
18_1	48	101	13,1	16,5	83,5	14,28	0,36
18_2	48	101	13,1	18,0	82,0	5,99	0,36

**TABLA D-5.** Parámetros de calidad obtenidos usando el programa multiQC v1.11 para lecturas pertenecientes a muestra de raíz de clavel variedad resistente a Fod usadas para robustecer el supertranscriptoma variedad-específico Golem. La barra al piso (⌊) indica el sentido de la librería *PE*, *forward*: 1 y *reverse*: 2.

Muestras	% GC	Largo de las lecturas (bases)	Total de secuencias por millones	% lecturas únicas	% lecturas duplicadas	% Secuencias sobre representadas	% Adaptadores
25_1	48	101	14,0	16,7	83,3	18,75	0,45
25_2	48	101	14,0	18,4	81,6	7,86	0,56
26_1	47	151	8,7	30,4	69,6	4,55	9,07
26_2	47	151	8,7	31,7	68,3	2,17	9,05
30_1	46	151	8,9	43,1	56,9	1,17	28,6
30_2	46	151	8,9	44,1	55,9	1,11	28,8
31_1	47	151	9,7	25,4	74,6	14,75	23,6
31_2	48	151	9,7	27,1	72,9	9,78	25,6

## Anexo D, E y F

**TABLA D-6.** Parámetros de calidad obtenidos usando el programa multiQC v1.11 para lecturas pertenecientes a muestras de raíz de clavel susceptible a Fod condición m1. La barra al piso (⌊) indica el sentido de la librería *PE*, *forward*: 1 y *reverse*: 2.

Muestras	% GC	Largo de las lecturas (bases)	Total de secuencias por millones	% lecturas únicas	% lecturas duplicadas	% Secuencias sobre representadas	% Adaptadores
7_1	45	101	10,3	43,7	56,3	0,40	0,81
7_2	45	101	10,3	45,0	55,0	0,12	0,82
8_1	47	151	9,3	27,1	72,9	3,62	12,05
8_2	47	151	6,9	29,7	70,3	0,86	11,92
9_1	43	151	7,8	46,2	53,8	0,15	12,50
9_2	43	151	7,8	47,9	52,1	0,00	12,52
10_1	49	101	13,8	33,2	66,8	0,66	0,34
10_2	49	101	13,8	34,5	65,5	0,00	0,35
11_1	46	101	11,0	44,7	55,3	0,38	0,35
11_2	46	101	11,0	46,9	53,1	0,12	0,34
12_1	44	151	7,1	50,0	50,0	0,14	11,70
12_2	43	151	7,1	53,8	46,2	0,00	11,65

## Anexo D, E y F

**TABLA D-7.** Parámetros de calidad obtenidos usando el programa multiQC v1.11 para lecturas pertenecientes a muestras de raíz de clavel susceptible a Fod condición m26 (pares de librerías 19-24) y lecturas complementarias usadas para robustecer el ST variedad-específico (m) (pares de librerías 27-34).

Muestras	% GC	Largo de las lecturas (bases)	Total de secuencias por millones	% lecturas únicas	% lecturas duplicadas	% Secuencias sobre representadas	% Adaptadores
19_1	49	101	12,9	28,9	71,1	1,19	0,38
19_2	48	101	12,9	30,0	70,0	0,50	0,49
20_1	48	151	6,7	13,1	86,9	22,97	12,30
20_2	47	151	6,7	13,6	86,4	9,44	12,23
21_1	48	101	12,1	26,1	73,9	5,76	0,00
21_2	48	101	12,1	26,7	73,3	1,63	0,00
22_1	47	101	14,1	36,7	63,3	0,37	0,29
22_2	47	101	14,1	37,4	62,1	0,23	0,29
23_1	48	101	13,1	35,5	64,5	1,37	0,76
23_2	48	101	13,1	36,5	63,5	1,37	0,76
24_1	48	101	11,5	38,7	61,3	1,26	0,34
24_2	48	101	11,5	39,4	60,6	0,95	0,34
27_1	47	101	11,8	43,3	56,7	0,53	0,00
27_2	47	101	11,8	43,5	56,5	0,57	0,32
28_1	44	151	9,1	40,7	59,3	0,56	7,39
28_2	44	151	9,1	43,2	56,8	1,26	7,37
29_1	44	151	9,0	40,1	59,9	0,33	10,31
29_2	44	151	9,0	42,7	57,3	0,71	0,26
32_1	45	151	9,8	40,0	60,0	0,98	29,41
32_2	46	151	9,8	41,7	58,3	0,84	30,91
33_1	46	151	9,6	41,3	58,7	0,82	23,67
33_2	46	151	9,6	42,8	57,2	0,61	25,07
34_1	46	151	11,8	38,6	61,4	1,59	29,40
34_2	47	151	11,8	41,5	58,5	1,06	28,98

## Anexo D, E y F

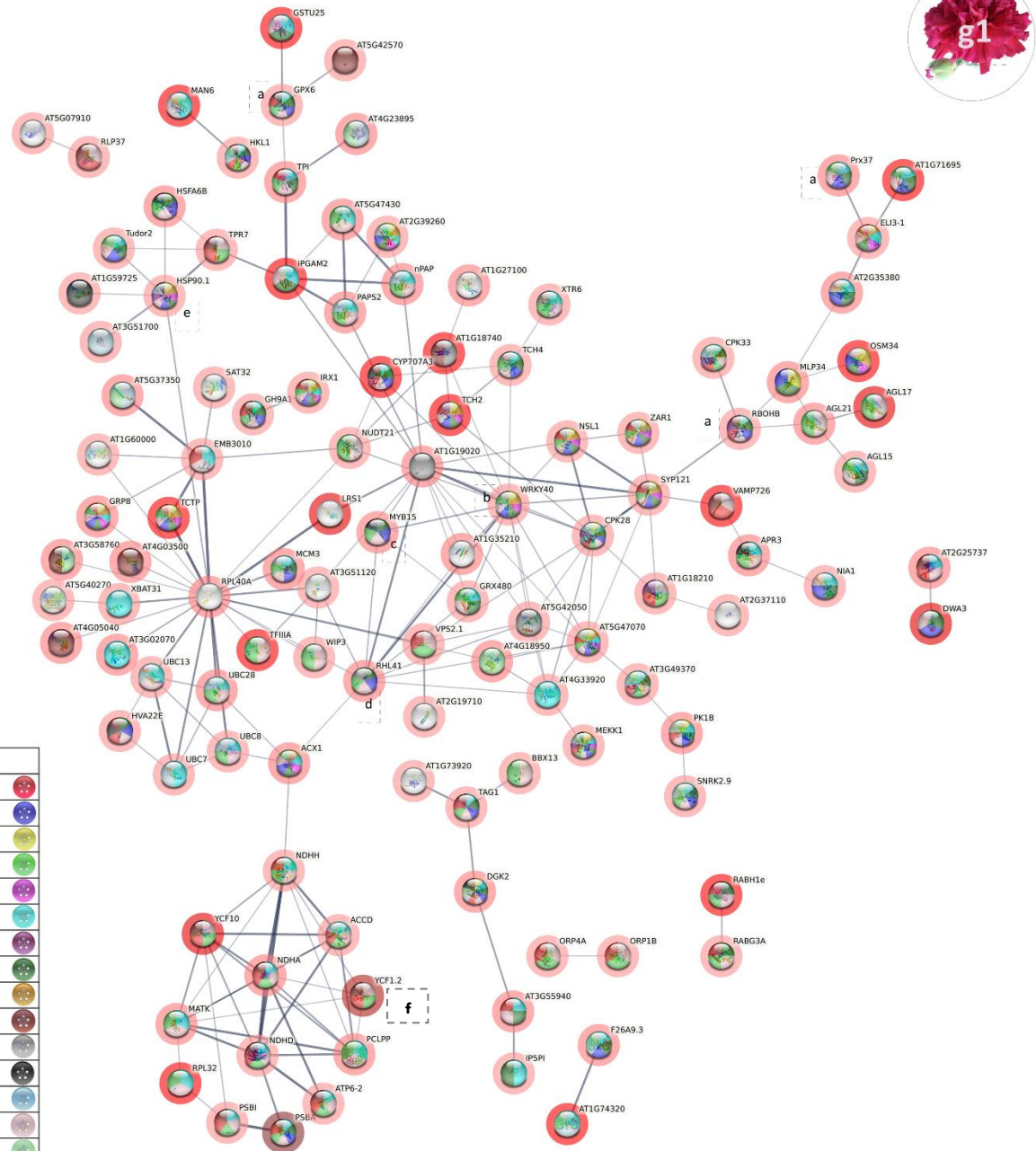
**TABLA D-8.** Número de GED de raíces de clavel en interacción con Fod asociados a rutas de KEGG y KO, condición g1.

Vía KEEG-KO	Identificador de la vía	# de GED
Metabolismo de los carbohidratos	KO00010-KO00500-KO00052	20
Interacciones planta-patógeno	KO04626	14
Biosíntesis de fenilpropanoides	KO00949	10
Procesamiento de proteínas en el RE	KO04141	9
Fosforilación oxidativa	KO00190	8
Metabolismo de glicerofosfolípidos	KO00564	7
Vía de señalización MAPK y MAPK plantas	KO04016	6
Metabolismo del triptófano	KO00380	6
Proteólisis mediada por ubiquitina	KO04120	5
Transducción de señales hormonales vegetales	KO04075	5

## Anexo D, E y F

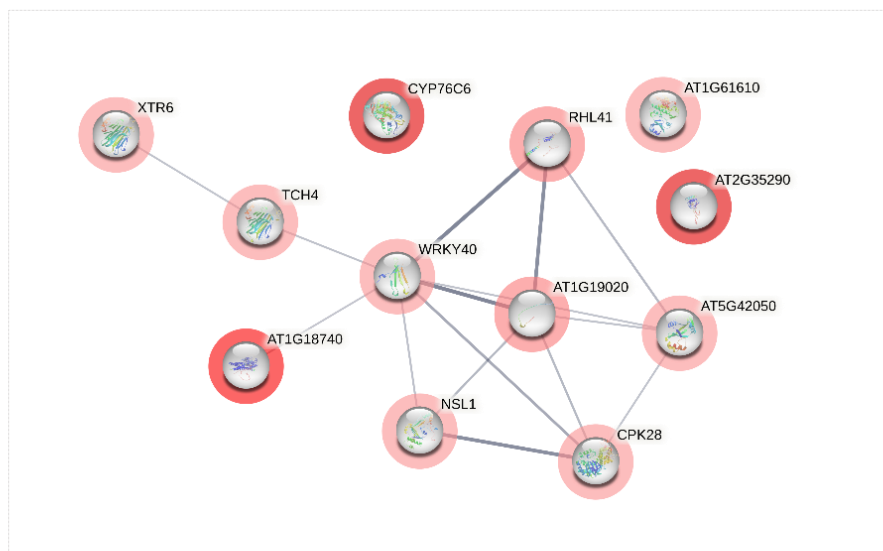
**FIGURA D-1.** Red de interacción proteína - proteína realizada con los GED al alza en la condición g1 en raíces de clavel en interacción con Fod. Procesos biológicos GO relacionados con la vía KEGG planta – patógeno (círculos con color morado), respuesta de defensa (círculos con color amarillo), respuesta a estímulo (círculos con color verde oscuro), proceso metabólico (círculos con color cian), respuesta a estrés (círculos con color azul), respuesta a otro organismo (círculos con color lila) e interacción entre especies entre organismos (círculos con color ocre). Los halos en los nodos muestran la expresión diferencial obtenida y se agrega a la gráfica una paleta de colores para la mejor asociación con los GED. No se muestran los nodos desconectados de la red. Algunos GED de relevancia han sido notados con una letra minúscula.

Coloración	
Rojo	
Azul	
Amarillo	
Verde	
Lila	
Cian	
Morado	
Verde oscuro	
Ocre	
Café	
Gris	
Negro	
Azul celeste	
Rosa	
Verde pálido	
Amarillo pálido	



## Anexo D, E y F

**FIGURA D-2.** GED en la condición g1 relacionados con la respuesta a la quitina, deposición de calosa y respuesta celular a hipoxia (clúster de red String CL:20572).

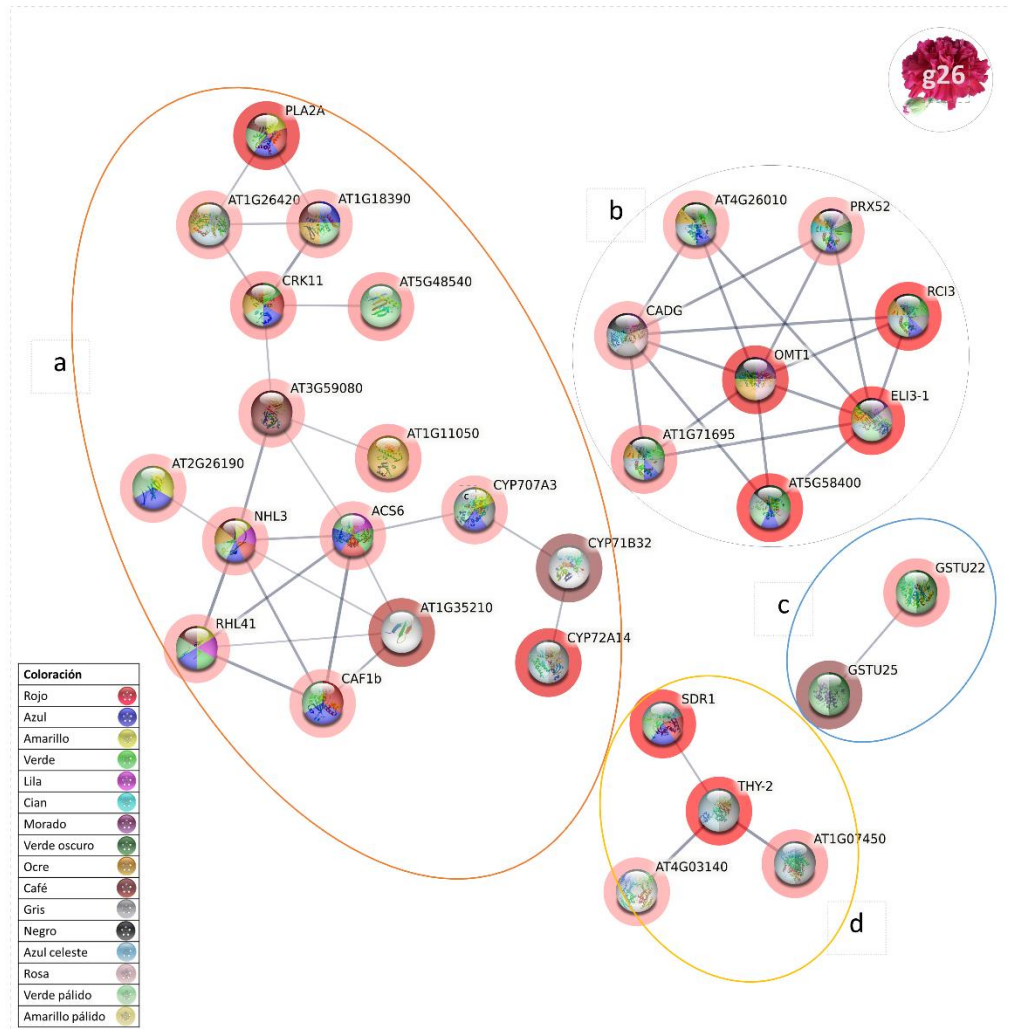


**TABLA D-9.** Número de GED de raíces de clavel en interacción con Fod asociados a rutas KEGG y KO condición g26.

Vía KEGG-KO	Identificador de la vía	# GED
Biosíntesis de fenilpropanoides	KO00940	21
Biosíntesis de flavonoides	KO00941	7
Vía de señalización MAPK y MAPK de plantas	KO04010 - KO04016	7
Transducción de señales hormonales vegetales	KO04075	5
Metabolismo del glutatión	KO00480	4
Biosíntesis de cofactores	KO01240	4
Interacción planta-patógeno	KO04626	4
Citocromo P450	KO00980 - KO00982	3
Ritmo circadiano en planta	KO04712	3
Procesamiento de proteínas en el RE	KO04141	3

## Anexo D, E y F

**FIGURA D-3.** Red de interacción proteína – proteína realizada con los GED al alza, condición g26, en raíces de clavel en interacción con Fod. Respuesta a estímulo - (círculos con color verde pálido), respuesta a estrés (círculos con color azul), proceso de oxido-reducción (círculos con color gris) respuesta de defensa (círculos con color rojo), biosíntesis de fenilpropanoides - **ath00940** (círculos con color negro), desintoxicación (círculos con color verde oscuro), respuesta al estrés oxidativo (círculos con color verde), respuesta a la herida (círculos con color lila), proceso metabólico de la lignina (círculos con color rosa) y biosintético de lignina (círculos con color morado). Respuesta celular a la hipoxia (círculos con color amarillo) respuesta a la quitina y respuesta celular a la hipoxia (círculos con color café). Los halos muestran la expresión diferencial obtenida y se agrega a la gráfica una paleta de colores para la mejor asociación con los GED. No se muestran los nodos desconectados de la red. Los grupos de nodos fueron notados con una letra minúscula y citados en el texto.

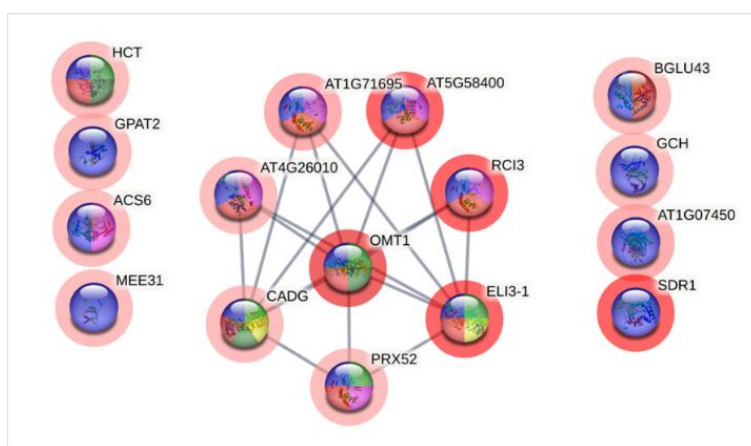


## Anexo D, E y F

**TABLA D-10.** GED de raíces de clavel en interacción con Fod asociados a la anotación funcional usando las vías KEGG y KO para las condiciones g1 y g26.

Vías KEGG-KO	# GED compartidos	Descripción de los GED
Biosíntesis de fenilpropanoides	2	Ascorbato peroxidasa Antranilato N-hidroxicinamoil/benzoiltransferasa
Interacciones planta-patógeno y Señalización MAPK y MAPK de plantas	1	Calmodulina
Transducción de señales hormonales de plantas	1	Xiloglucano endotransglucosidasa/hidrolasa

**FIGURA D-4.** Clúster de String mostrando los genes compartidos en las vías KEGG enriquecidas biosíntesis de metabolitos fenilpropanoide y de metabolitos secundarios, condición g26 al alza, en raíces de clavel en interacción con Fod.



**Tabla D-11.** Número de GED de raíces de clavel en interacción con Fod asociados a rutas KEGG y KO condición m1.

Vía KEGG-KO	Identificador de la vía	# GED
Metabolismo de carbohidratos	KO00010 – KO00500 – KO00620	93
Biosíntesis de fenilpropanoides	KO00940	82
Vía de señalización MAPK y MAPK de plantas	KO04010 – KO04016	71
Biosíntesis de cofactores	KO01240	58
Interacción planta-patógeno	KO04626	50
Transducción de señales de hormonas vegetales	KO04075	47
Metabolismo del triptófano	KO00380	38
Citocromo P450	KO00980 – KO00982	33
Metabolismo de amino azúcares y nucleótidos-azúcar	KO00520	33

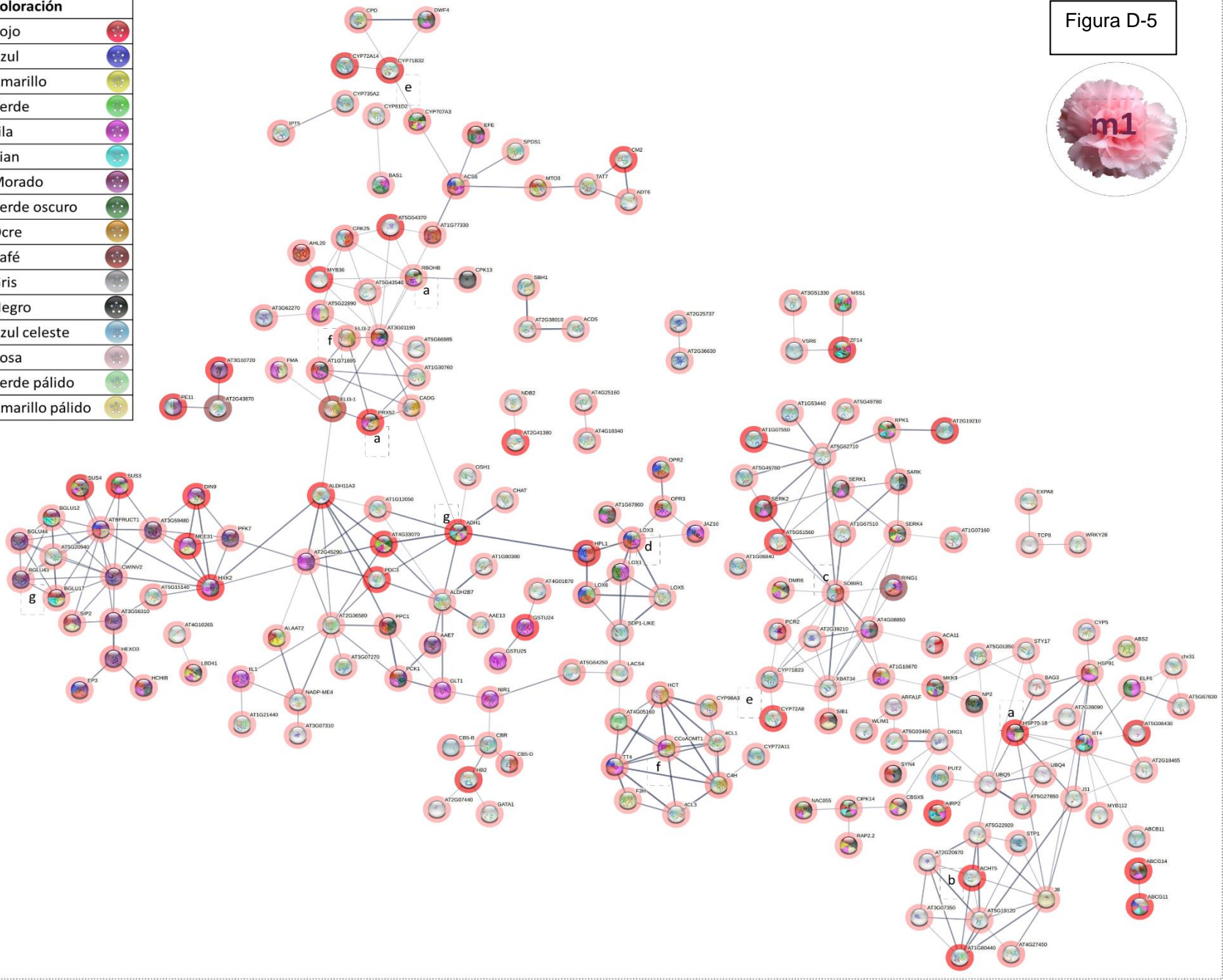
## Anexo D, E y F

**FIGURA D-5.** Red de interacción proteína – proteína realizada con los GED al alza, condición m1, en raíces de clavel en interacción con Fod. Se destacan procesos biológicos como: respuesta a la química (círculos con color lila); respuesta a estrés (círculos con color rojo), respuesta a estímulo abiótico (círculos con color amarillo pálido), respuesta celular a estímulo (círculos con color negro) y asociado a localización: componente integral de membrana (círculos con color celeste), respuesta a hipoxia (círculos con color amarillo). Los halos muestran la expresión diferencial obtenida y se agrega a la gráfica una paleta de colores para la mejor asociación con los GED. No se muestran los nodos desconectados de la red. Algunos GED de relevancia han sido notados con una letra minúscula: Respuesta oxidativa (a y b), activación de la defensa vegetal (c), actividad hormonal tipo lipoxigenasas (d), citocromo p450 (e), síntesis de fenilpropanoides (f) y respuesta a la hormona etileno e hidrólisis de compuestos O-glicosilo (g).

# Anexo D, E y F

Coloración	
Rojo	
Azul	
Amarillo	
Verde	
Lila	
Cian	
Morado	
Verde oscuro	
Ocre	
Café	
Gris	
Azul celeste	
Rosa	
Verde pálido	
Amarillo pálido	

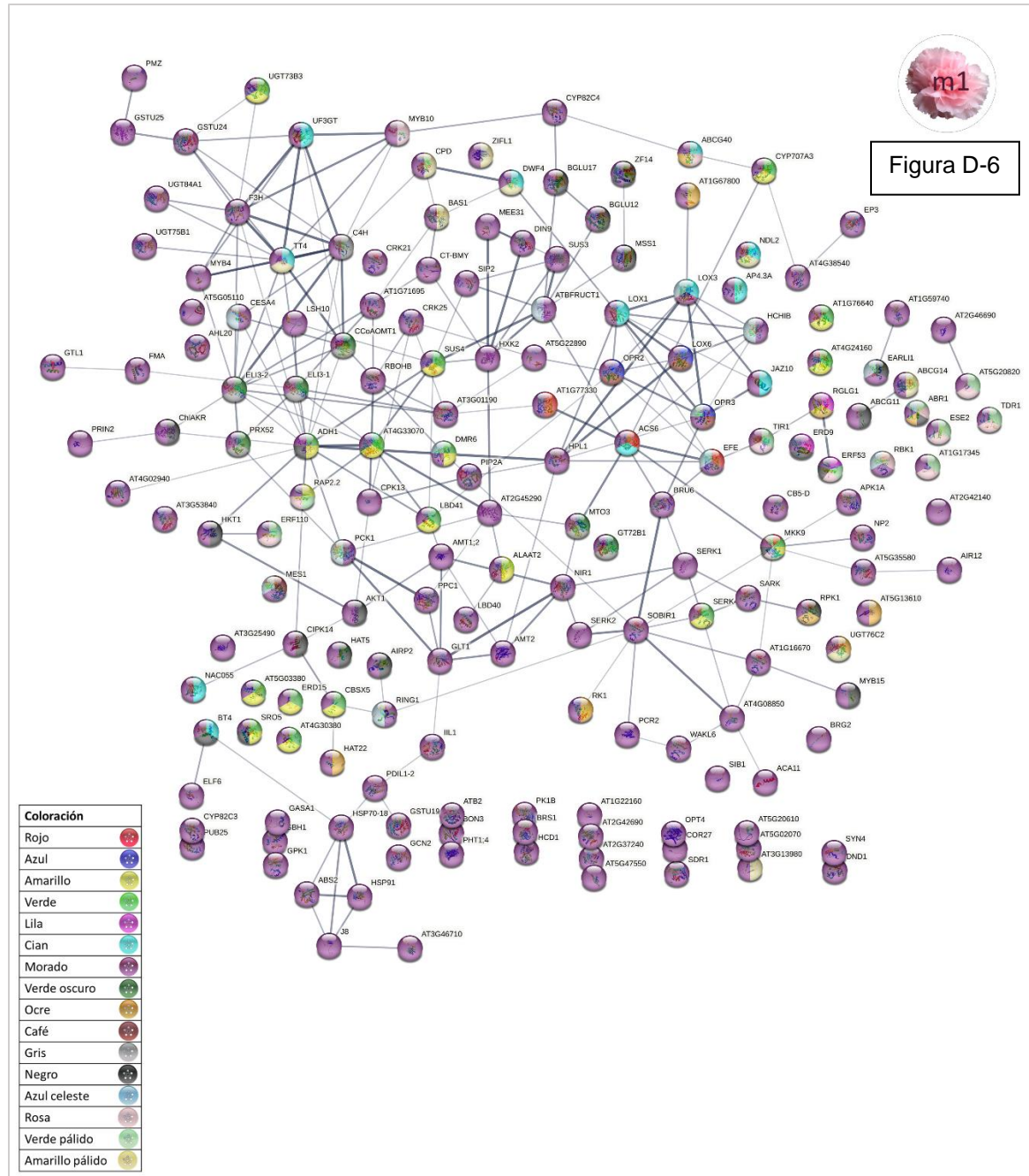
Figura D-5



## Anexo D, E y F

**FIGURA D-6.** Clúster de respuesta a estímulo, condición m1, en raíces de clavel en interacción con Fod. Se destacan GED de respuesta hormonal pertenecientes a la ruta de biosíntesis de *ET* (círculos en color rojo) y de *JA* (círculos en color azul), así como de respuesta a *ET* (círculos en color rosa) y el proceso metabólico de *JA* (círculos con color café). También se encontró genes asociados a la vía de señalización activada por ABA (círculos en color ocre), la regulación de los niveles hormonales (círculos con color amarillo pálido) y respuesta a la hipoxia (círculos con color amarillo), entre otros procesos biológicos enriquecidos. Se agrega a la gráfica una paleta de colores para la mejor asociación con los GED.

# Anexo D, E y F



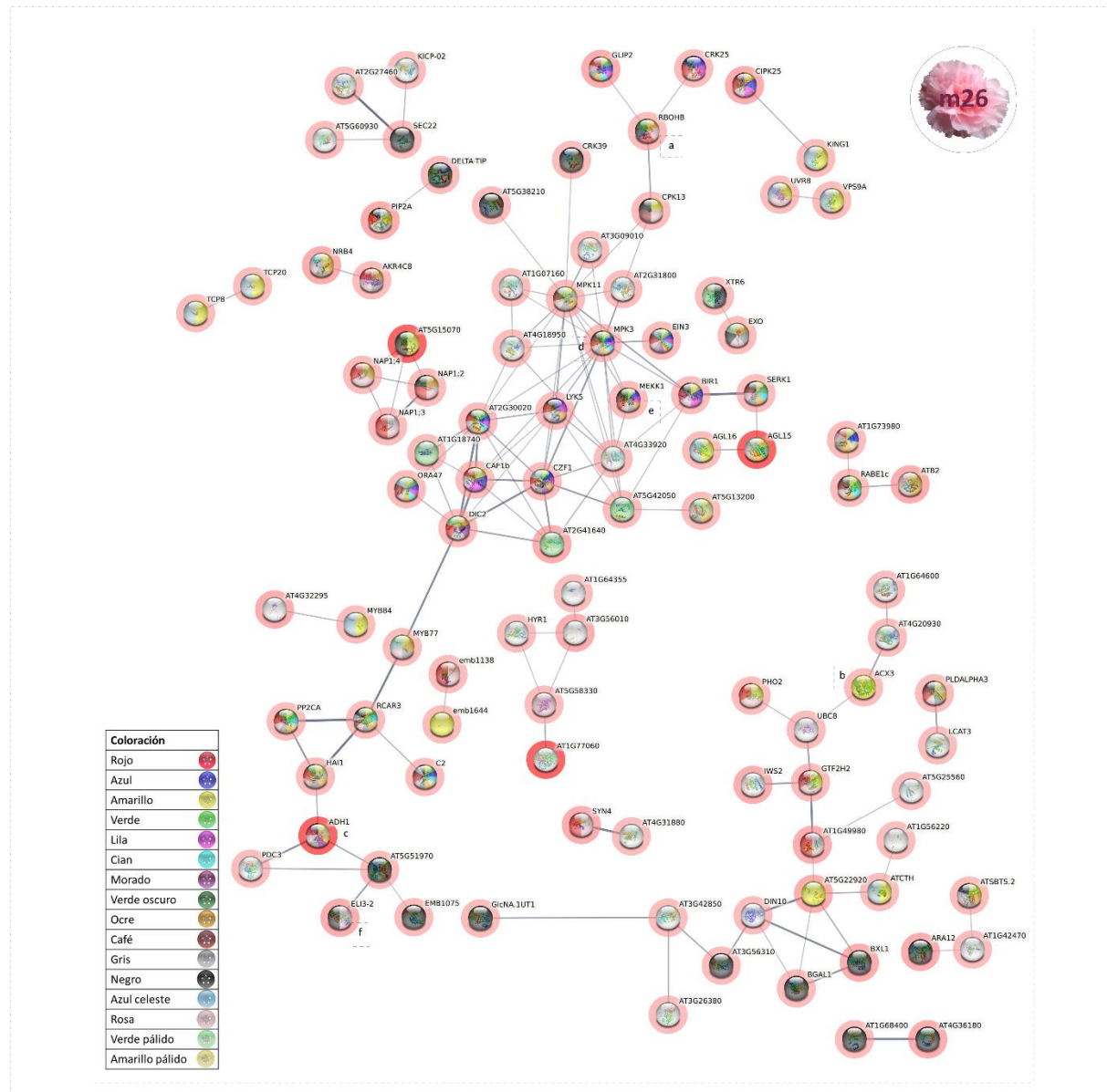
## Anexo D, E y F

**TABLA D-13.** Número de GED de raíces de clavel en interacción con Fod asociados a rutas KEGG y KO, condición m26.

Vía KEGG-KO	Identificador de la vía	# Secuencias-genes
Biosíntesis de fenilpropanoides	KO00940	28
Vía de señalización MAPK de plantas	KO04016	24
Metabolismo del ácido alfa-linolénico	KO00592	23
Transducción de señales de hormonas vegetales	KO04075	21
Metabolismo de amino azúcares y nucleótidos azúcares	KO00520	20
Interacción planta-patógeno	KO04626	19
Metabolismo del almidón y la sacarosa	KO00500	19
Biosíntesis de cofactores	KO01240	17
Biosíntesis de flavonoides	KO00941	14
Metabolismo del glutatión	KO00480	14
Procesamiento de proteínas en el RE	KO04141	14

## Anexo D, E y F

**FIGURA D-7.** Red de interacción proteína – proteína realizada con los GED al alza, condición m26, en raíces de clavel en interacción con Fod. Algunas actividades biológicas enriquecidas fueron respuesta a estímulo - GO:0050896 (círculos con color rosa), regulación biológica - GO:0065007 (círculos con color amarillo), localización en periferia celular - GO:0071944 (círculos con color negro) y respuesta al estrés - GO:0006950 (círculos con color rojo). Los halos muestran la expresión diferencial obtenida y se agrega a la gráfica una paleta de colores para la mejor asociación con los GED. No se muestran los nodos desconectados de la red.



## **Anexo D, E y F**

### **Anexo E. Actividades biológicas relacionadas con los GED en la interacción clavel – Fod, obtenidos usando la herramienta STRING data base**

Se presenta en un archivo de Excel, con las actividades biológicas de los genes para cada condición estudiada (g1, g26, m1, m26), quedará disponible en el repositorio de la Universidad Nacional de Colombia.

### **Anexo F. Redes de interacción proteína-proteína para las 4 condiciones estudiadas en el patosistema clavel – Fod.**

Se presentan los gráficos que se mostraron en el anexo D correspondientes a las figuras: D-1, D-3, D-5, D-6 y D-7, en formato PDF, en alta resolución, si desea puede expandir el documento hasta el zoom que requiera.