

**UNIVERSIDAD PERUANA CAYETANO HEREDIA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS Y FILOSOFÍA**  
**“ALBERTO CAZORLA TALLERÍ”**



**Análisis de enriquecimiento funcional y de redes de interacción proteína-  
proteína de genes diferencialmente expresados en accesiones de  
*Solanum goniocalyx* resistente y susceptible a *Phytophthora infestans***

Autora:

Johana Alejandra Reátegui Miranda

**Tesis para optar el Título Profesional de Licenciado en Biología**

Lima - Perú

2022

**ASESOR**

**MSc. Lidio Edgar Neyra Valdez**

**CO-ASESOR**

**Dr. Germán Fernando De la Cruz Lapa**

## AGRADECIMIENTOS

Agradezco en primer lugar a Dios por guiarme y darme la fortaleza necesaria para cumplir con mis metas.

A mi asesor y a mi co-asesor de Tesis, Edgar Neyra y Germán De la Cruz, por su paciencia y dedicación para orientarme en el desarrollo del presente trabajo. Agradezco al profesor Edgar por haberme aceptado en el laboratorio de Genómica y apoyarme desde mi trabajo de investigación para el Bachiller hasta culminar la Tesis de Licenciatura. Asimismo, quiero agradecer al profesor Germán por permitirme continuar con su trabajo de investigación en la presente tesis y demostrarme que en nuestro país existe interés por dilucidar las bases genéticas de las resistencias a patógenos en especies nativas y variedades locales de plantas.


A mi mamá, tío Oscar y abuelita Tula, por su constante apoyo en toda mi vida universitaria. A mi abuelito Oscar, que en paz descansa, por siempre respaldarme en todas las decisiones que he tomado y ser un ejemplo de vida. A mis tíos Andrés y Mónica, que a pesar de la distancia siempre velaron por mí. Muchas gracias a todos por cuidarme y preocuparse por mi bienestar.

A Matías y Angélica, por aconsejarme y recordarme mis capacidades cuando dudaba de mí.

A mis mejores amigas Jimena, Marlhene, Caterine y Almendra por su apoyo incondicional. Agradezco haberlas conocido y que hayamos podido mantener nuestra amistad a lo largo de los años.

Finalmente, a Benito y Moisés por alegrar mis días. A Rex, que en paz descansa, por acompañarme gran parte de mi vida.

UNIVERSIDAD PERUANA CAYETANO HEREDIA  
FACULTAD DE CIENCIAS Y FILOSOFÍA  
"ALBERTO CAZORLA TALLERÍ"



Análisis de enriquecimiento funcional y de redes de interacción proteina-proteina de genes diferencialmente expresados en accesiones de *Solanum goniocalyx* resistente y susceptible a *Phytophthora infestans*.

Autora:  
Johana Alejandra Reategui Miranda

Tesis para optar el Título Profesional de Licenciado en Biología

Lima - Perú  
2022

Resumen de coincidencias

# 16 %

Se están viendo fuentes estándar

EN Ver fuentes en inglés (Beta)

Coincidencias

1	Entregado a Universida...	10 %	>
	Trabajo del estudiante		
2	repositorio.lamolina.ed...	1 %	>
	Fuente de Internet		
3	hdl.handle.net	1 %	>
	Fuente de Internet		
4	Xiaohui Yang, Li Chen, ...	<1 %	>
	Publicación		
5	cucurbitgenomics.org	<1 %	>
	Fuente de Internet		
6	repositorio.upch.edu.pe	<1 %	>
	Fuente de Internet		
7	www.jove.com	<1 %	>
	Fuente de Internet		
8	Manuel Gastelo, Willm...	<1 %	>
	Publicación		
9	Entregado a Universida...	<1 %	>
	Trabajo del estudiante		
10	repositorio.urp.edu.pe	<1 %	>
	Fuente de Internet		

## ÍNDICE GENERAL

I.	INTRODUCCIÓN .....	1
A.	Generalidades .....	3
1.	Ciclo biológico de <i>Phytophthora infestans</i> .....	3
2.	Defensa en plantas frente a patógenos .....	3
3.	Genes de resistencia a <i>Phytophthora infestans</i> .....	5
II.	PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN .....	6
III.	OBJETIVOS .....	6
A.	Objetivo general .....	6
B.	Objetivos específicos .....	6
IV.	MATERIALES Y MÉTODOS .....	6
A.	Base de datos .....	6
B.	Análisis de enriquecimiento funcional .....	7
C.	Análisis de redes de interacción proteína-proteína (PPI).....	8
V.	RESULTADOS.....	9
A.	Análisis de enriquecimiento de Ontología Génica (GO) .....	9
1.	Análisis GO de genes sobre expresados a las 0 hpi.....	11
2.	Análisis GO de genes sub expresados a las 0 hpi .....	13
3.	Análisis GO de genes sobre expresados a las 48 hpi.....	16
4.	Análisis GO de genes sub expresados a las 48 hpi .....	18
B.	Anotación y análisis de enriquecimiento de rutas KEGG .....	21
C.	Análisis de redes de interacción proteína-proteína (PPI).....	23
1.	Análisis de redes PPI de genes sobre expresados a las 0 hpi.....	24
2.	Análisis de redes PPI de genes sub expresados a las 0 hpi .....	25
3.	Análisis de redes PPI de genes sobre expresados a las 48 hpi.....	26
4.	Análisis de redes PPI de genes sub expresados a las 48 hpi .....	26
VI.	DISCUSIÓN .....	28
VII.	CONCLUSIONES.....	36
VIII.	RECOMENDACIONES .....	37
IX.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	38

## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Rutas KEGG de genes sobre expresados a las 0 hpi.....	22
Tabla 2. Rutas KEGG de genes sub expresados a las 0 hpi .....	22
Tabla 3. Rutas KEGG de genes sobre expresados a las 48 hpi.....	22
Tabla 4. Rutas KEGG de genes sub expresados a las 48 hpi .....	22
Tabla 5. Genes diferencialmente expresados que codifican a proteínas involucradas en las vías de reparación mismatch, replicación de DNA, reparación de escisión de nucleótidos y recombinación homóloga .....	23

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Clasificación GO de genes sobre expresados a las 0 hpi. ....	11
Figura 2. Clasificación GO de genes sub expresados a las 0 hpi .....	14
Figura 3. Clasificación GO de genes sobre expresados a las 48 hpi .....	16
Figura 4. Clasificación GO de genes sub expresados a las 48 hpi.....	19
Figura 5. Red PPI y módulos de genes sobre expresados a las 0 hpi.....	24
Figura 6. Red PPI y módulos de genes sub expresados a las 0 hpi. ....	25
Figura 7. Red PPI de genes sobre expresados a las 48 hpi. ....	26
Figura 8. Red PPI y módulos de genes sub expresados a las 48 hpi. ....	28

## ÍNDICE DE ANEXOS

ANEXO 1: Descripción de los DEGs (PGSC_GENE) .....	45
ANEXO 2: Flujograma de la metodología.....	70
ANEXO 3: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sobre expresados a las 0 hpi (WP00-SP00 UP) .....	71
ANEXO 4: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sub expresados a las 0 hpi (WP00-SP00 DOWN).....	74
ANEXO 5: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sobre expresados a las 48 hpi (WP00-SP00 UP) .....	76
ANEXO 6: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sub expresados a las 48 hpi (WP00-SP00 DOWN).....	78
ANEXO 7: Módulos, hubs y bottlenecks de la red PPI de los genes sobre expresados a las 0 hpi (WP00-SP00).....	81
ANEXO 8: Módulos, hubs y bottlenecks de la red PPI de los genes sub expresados a las 0 hpi (WP00-SP00) .....	82
ANEXO 9: Hubs y bottlenecks identificados en la red PPI de los genes sobre expresados a las 48 hpi (WP00-SP00).....	83
ANEXO 10: Módulos, hubs y bottlenecks identificados en la red PPI de los genes sub expresados a las 48 hpi (WP00-SP00) .....	84
ANEXO 11: Selección de DEGs por ser considerados importantes en el mecanismo de resistencia de Wira Pasña a <i>P. infestans</i> cepa POX-67.....	85
ANEXO 12: Localización de los genes seleccionados en el genoma de referencia de la papa .....	86

## RESUMEN

El tizón tardío, causado por el oomiceto patógeno *Phytophthora infestans*, es la principal enfermedad que afecta al cultivo de la papa. Debido a que es un riesgo para la seguridad alimentaria, se han identificado genes de resistencia a *P. infestans* en cultivares comerciales de papa para ser empleados en programas de cruce y fitomejoramiento; sin embargo, son pocos los estudios que han evaluado la resistencia a nivel molecular en variedades locales. En el presente trabajo, se utilizaron herramientas bioinformáticas para determinar las funciones biológicas, rutas metabólicas y relaciones funcionales existentes entre las proteínas putativas de genes diferencialmente expresados (DEGs) en *Solanum goniocalyx* por su reacción resistente y susceptible a *Phytophthora infestans* cepa POX-67 a las 0 y 48 horas post-inoculación (hpi). Los resultados evidencian genes más expresados que codifican a quinasas, proteínas NBS-LRR y proteínas relacionadas a almacenamiento de metabolitos secundarios en el estado basal de la accesión resistente Wira Pasña (CIP 704270) en comparación con la susceptible Sumaq Perqa (CIP 703777), los cuales podrían conferir una ventaja constitutiva frente a factores bióticos. No obstante, la resistencia a tizón tardío en Wira Pasña estaría dada por los genes NBS-LRR, encontrando genes anotados como Rpi-vnt1 que se conoce confieren resistencia contra la cepa POX-67. Adicionalmente, se encontraron genes que codifican a proteínas involucradas en mecanismos de retrotransposición, las cuales podrían regular la expresión de los genes de resistencia a *P. infestans* en Wira Pasña.

**Palabras clave:** papa, *Solanum goniocalyx*, *Phytophthora infestans*, tizón tardío, genes de resistencia

## ABSTRACT

Late blight, caused by the pathogen oomycete *Phytophthora infestans*, is the main disease that affects potato crops. Because of this threat to food security, resistance genes against *P. infestans* have been identified in commercial potato cultivars to be used in breeding and crop improvement programmes. However, few studies have evaluated molecular resistance in potato landraces. Here, we used bioinformatic tools to determine biological functions, metabolic pathways and functional relationships among putative proteins of differential expressed genes in *Solanum goniocalyx* by its susceptible and resistant reaction to *Phytophthora infestans* POX-67 at 0 and 48 hours post inoculation (hpi). The results show more expressed genes that encode kinases, NBS-LRR proteins and proteins related to secondary metabolites storage in the basal state of the resistant accession Wira Pasña (CIP 704270) compared to the susceptible Sumaq Perqa (CIP 703777), which could confer a constitutive advantage against biotic stress. However, the resistance against late blight in Wira Pasña would be given by NBS-LRR genes, being found genes annotated as Rpi-vnt1 known to confer resistance against the POX-67 isolate. In addition, it was found genes that encode proteins involved in retrotransposition mechanisms, which could regulate the expression of resistance genes to *P. infestans* in Wira Pasña.

**Keywords:** potato, *Solanum goniocalyx*, *Phytophthora infestans*, late blight, resistance genes

## I. INTRODUCCIÓN

El tizón tardío es la principal enfermedad que afecta al cultivo de la papa a nivel mundial (1). Esta es causada por el oomyceto patógeno *Phytophthora infestans*, cuya población global cambia constantemente con la aparición de nuevas cepas agresivas que aseguran que siga siendo un riesgo para la seguridad alimentaria (2). Esto conlleva a que los agricultores de pequeña escala utilicen fungicidas de forma indiscriminada (3) o a que reemplacen el cultivo de sus variedades locales por otras de mayor resistencia y rendimiento, ocasionando la pérdida de la diversidad genética en algunas zonas (4).

Diversos estudios han permitido identificar genes de resistencia a *P. infestans* en cultivares comerciales de papa, como *Solanum phureja* (= *Solanum tuberosum* grupo Phureja), para ser empleados en programas de cruce y fitomejoramiento (5,6); sin embargo, en variedades locales en su mayoría solo se ha evaluado la resistencia en campo o fenotípica, desconociéndose la base genética de esta resistencia (7,8). La especie *Solanum goniocalyx* constituye uno de los pocos casos en los que se ha buscado dilucidar la base genética que subyace a la resistencia en papas nativas. En el 2014 se publicó un estudio en el que las accesiones Wira Pasña (CIP 704270) y Pampina (CIP 703831) mostraron alta resistencia en campo a la cepa POX-67 de *P. infestans* (7), y para el 2021 en una tesis doctoral se evaluó a nivel molecular la presencia de los genes candidatos a esta resistencia en Wira Pasña (9). En este último trabajo, se realizó un análisis transcriptómico comparativo foliar entre la accesión resistente Wira Pasña (CIP 704270) y la accesión susceptible Sumaq Perqa (CIP 703777) frente a la cepa POX-67 de *P. infestans* a 0 y 48 horas post-inoculación (hpi). Como resultado, se encontraron 400 y 303 genes expresados diferencialmente (DEGs) ( $\text{Log}_2\text{FC} \geq 2$  o  $\text{Log}_2\text{FC} \leq -2$ ;  $\text{FDR} \leq 0.001$ ) en Wira Pasña en relación con Sumaq Perqa a las 0 y 48 hpi del patógeno, respectivamente. De los 400 DEGs a las 0 hpi (tratamiento sin estímulo del patógeno), 177 se sobre-expresaron y 223 se sub-expresaron; mientras que de los 303 DEGs a las 48 hpi, 136 se sobre-expresaron y 137 se sub-expresaron. Además, a estos últimos 303 DEGs se les realizó un análisis de enriquecimiento funcional para determinar las funciones biológicas y rutas metabólicas predominantes en los grupos de genes sobre y sub expresados para ese

tiempo. Finalmente, el autor propuso 20 genes como candidatos a resistencia según su asignación funcional y mayor cambio en la expresión.

La respuesta de las plantas a la infección por patógenos puede ser muy diversa, por lo que el mecanismo de resistencia a *P. infestans* en Wira Pasña podría no solo deberse a la respuesta de inducción de genes y rutas metabólicas, sino a una resistencia constitutiva; es decir, a la alta expresión de genes en el estado basal antes de que ocurra el estrés por la exposición al patógeno (10). Sin embargo, en el estudio transcriptómico de *S. goniocalyx* solo se realizó el análisis de enriquecimiento funcional de los DEGs a las 48 hpi (9), por lo que no se tiene conocimiento de las funciones biológicas y rutas metabólicas en las que estarían involucrados los genes diferencialmente expresados en el estado basal (0 hpi) y los cuales podrían otorgarle a Wira Pasña una resistencia constitutiva, la cual no debería ser descartada. Además, para tener una mayor certeza de que ciertos genes pueden ser candidatos a resistencia a *P. infestans*, es necesario conocer las relaciones funcionales que tienen entre sí las proteínas putativas a las que codifican, ya que aquellas proteínas que interactúan con muchas otras podrían ser reguladores claves en el mecanismo de resistencia (11). Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo es determinar las funciones biológicas, rutas metabólicas y relaciones funcionales que existen entre las proteínas putativas de los genes diferencialmente expresados (DEG) en *Solanum goniocalyx* por su reacción resistente y susceptible a *Phytophthora infestans* POX-67 a 0 y 48 horas post-inoculación (hpi). Para ello, se propone realizar un análisis de enriquecimiento funcional de los DEG a las 0 y 48 hpi, el cual permitirá determinar las funciones biológicas y rutas metabólicas en las que participan estos genes. Por otro lado, para determinar las relaciones funcionales entre las proteínas putativas se propone realizar un análisis de redes de interacción proteína-proteína (PPI), el cual revela interacciones funcionales entre los genes al predecir módulos o subredes en las que las proteínas se encuentran altamente interconectadas (12). De esta manera, el presente trabajo contribuirá al conocimiento sobre el mecanismo de resistencia a *P. infestans* en Wira Pasña con información útil para la selección de candidatos a genes de resistencia.

## **A. Generalidades**

### **1. Ciclo biológico de *Phytophthora infestans***

El oomiceto *P. infestans* es un patógeno hemibiotrófico, es decir, que inicia la infección en la planta huésped mediante una interacción biotrófica pero luego esta se vuelve necrotrófica (13). Los esporangios asexuales son los propágulos de diseminación infecciosa, los cuales pueden germinar de manera directa o indirecta al dividirse el citoplasma multinucleado en zoosporas mononucleadas, biflageladas y móviles. Estas zoosporas luego se enquistan y de ellas, o del esporangio, emerge un tubo germinativo que puede ingresar a las hojas y tallos a través de los estomas; sin embargo, el tubo germinativo generalmente forma un apresorio y luego una hifa de penetración que rompe la cutícula y la pared celular de la epidermis. Ocurrido esto, se forma una vesícula intracelular de infección biotrófica en la célula epidermal y el crecimiento continúa mediante la extensión de una hifa intercelular en el mesófilo, produciendo haustorios biotróficos intracelulares a medida que se encuentra nuevas células huésped. Luego de 36-48 hpi, la interacción entre *P. infestans* y las primeras células infectadas se vuelve necrotrófica y no se forman nuevos haustorios. De 72 a 96 hpi, las primeras áreas infectadas de las hojas están totalmente colonizadas y necróticas, a su vez que por los estomas emergen hifas esporuladas para liberar los esporangios que permitirán la diseminación aérea del patógeno (14,15). Dado que durante la etapa biotrófica *P. infestans* requiere de células vivas para obtener nutrientes y sobrevivir, la forma como actúa el patógeno la mayor parte del ciclo es extrayendo los nutrientes del apoplasto o del espacio fuera del haustorio, minimizando el daño en la planta mientras evade y suprime la respuesta inmune (15).

### **2. Defensa en plantas frente a patógenos**

La primera barrera de defensa en las plantas está constituida por el sistema inmune innato, el cual está conformado por receptores en la superficie de la célula que generalmente son proteínas transmembrana ricas en repeticiones

de leucina (LRR). Estos receptores inmunes detectan patrones moleculares asociados a patógenos (PAMPs) o patrones moleculares asociados al daño (DAMPs) generados a partir de la misma planta como consecuencia del daño que causa el patógeno. Los PAMPs o DAMPs son reconocidos por el dominio extracelular de estos receptores, mientras que el dominio citoplasmático transmite la señal. A su vez, dependiendo de si el dominio citoplasmático posee actividad quinasa, los receptores pueden clasificarse en receptores de tipo quinasa (RLKs) o receptores de tipo proteico (RLPs). Cabe resaltar que si bien estos receptores de reconocimiento de patrón (PRRs) son los primeros en detectar y unirse al ligando PAMP/DAMP, estos funcionan como parte de complejos proteicos supramoleculares en la membrana plasmática junto con co receptores, proteínas quinasas citoplasmáticas y proteínas regulatorias. El reconocimiento de PAMPs/DAMPs por el complejo de receptores activa la inmunidad desencadenada por patrón (PTI), la cual conduce a la activación de genes de defensa para la producción de sustancias antimicrobianas (15). La transmisión de la señal para la activación de estos genes se da a través de cascadas de fosforilación de quinasas MAP (MAPKs) o quinasas dependientes de calcio (CDPKs), pudiendo estas MAPKs y CDPKs incluso fosforilar factores de transcripción que se translocan al núcleo para regular directamente la expresión de los genes de defensa (16).

Los patógenos pueden superar la PTI liberando efectores que bloquean dichas respuestas de defensa. Como resultado, las plantas han desarrollado la forma de detectar estos efectores mediante receptores intracelulares, activándose la denominada inmunidad desencadenada por efector (ETI) que involucra la muerte celular programada como parte de la respuesta hipersensible para limitar la infección de manera localizada (15,16). Estos receptores intracelulares son en su mayoría proteínas que poseen dominios conservados de unión a nucleótidos (NB-ARC) y ricos en repeticiones de leucina (LRR), denominadas proteínas NBS-LRR o NLRs. Los receptores NBS-LRR pueden reconocer los efectores, también llamados factores de avirulencia (Avr), de manera directa uniéndose al ligando o indirecta

detectando cambios en el estado de otras proteínas que son blanco de los factores Avr. A su vez, ciertas proteínas NBS-LRR también pueden funcionar como ayudantes de receptores al ser necesarias para su funcionamiento (16).

### **3. Genes de resistencia a *Phytophthora infestans***

En general, se denominan genes R a los genes NBS-LRR que confieren resistencia por una interacción gen-por-gen en la que cada gen R dominante en el hospedero se corresponde con un gen Avr dominante en el patógeno (17). En el caso de ser genes R de resistencia a *P. infestans*, estos se denominan genes Rpi. A su vez, diferentes genes R en distintas plantas pueden conferir resistencia a un mismo gen Avr (18).

Los genes R otorgan resistencia completa a patógenos, también llamada resistencia cualitativa, manifestándose en una ausencia o presencia de la enfermedad (18). Los primeros genes de resistencia a tizón tardío caracterizados fueron los 11 genes R (R1-R11) originarios de la especie silvestre *Solanum demissum*, los cuales fueron introducidos en muchos cultivares de papa (19). Posteriormente, se descubrieron otras fuentes de genes R en especies tuberosas silvestres de *Solanum* de América del Norte, Centro y Sur (20).

Por su parte, existe otro tipo de resistencia dada por loci de rasgos cuantitativos (QTLs), la cual involucra diferentes alelos que dan como resultado un fenotipo influenciado por factores ambientales además del genético y que se manifiesta en una resistencia parcial por la ralentización del progreso de la enfermedad. Sin embargo, la resistencia cuantitativa también involucraría genes NBS-LRR, siendo que los más de 20 genes de resistencia cuantitativa contra *P. infestans* que han sido descubiertos contienen los dominios NBS y LRR (18). A su vez, se han encontrado genes R en QTLs, como es el caso del gen R8 que se demostró confiere la resistencia cuantitativa contra tizón tardío al locus dpl09c (21).

Los genes que confieren resistencia cualitativa son más fáciles de introducir que los QTLs; sin embargo, esta resistencia suele durar solo de 5 a 10 años

debido a la aparición de nuevas razas de *P. infestans* con mutaciones en los genes Avr. Por lo tanto, generalmente se introducen varios genes R para obtener resistencias más duraderas (18).

## II. PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN

¿Cuáles son las funciones biológicas, rutas metabólicas y relaciones funcionales que existen entre las proteínas putativas de los genes diferencialmente expresados (DEG) en *Solanum goniocalyx* por su reacción resistente y susceptible a *Phytophthora infestans* POX-67 a 0 y 48 horas post-inoculación (hpi)?

## III. OBJETIVOS

### A. Objetivo general

Determinar las funciones biológicas, rutas metabólicas y relaciones funcionales que existen entre las proteínas putativas de los genes diferencialmente expresados (DEG) en *Solanum goniocalyx* por su reacción resistente y susceptible a *Phytophthora infestans* POX-67 a 0 y 48 horas post-inoculación (hpi).

### B. Objetivos específicos

- Determinar los genes más expresados en el estado basal de la accesión resistente Wira Pasña (CIP 704270), en comparación con la susceptible Sumaq Perqa (CIP 703777), que podrían otorgar una mayor ventaja constitutiva frente al patógeno *P. infestans* cepa POX-67.
- Determinar los genes que estarían implicados en la resistencia a *P. infestans* cepa POX-67 en Wira Pasña (CIP 704270).

## IV. MATERIALES Y MÉTODOS

### A. Base de datos

Se utilizó la base de datos de los genes diferencialmente expresados (DEGs) obtenidos del estudio transcriptómico realizado en la Tesis Doctoral de De la Cruz

(2020), depositada en el Repositorio de Tesis de la Universidad Nacional Agraria La Molina y cuyo uso para este trabajo cuenta con autorización de dicho autor. En aquel estudio, luego de realizar el fenotipado de 20 accesiones de papa nativa frente a la cepa POX-67 de *Phytophthora infestans*, De La Cruz seleccionó 2 accesiones de la especie *Solanum goniocalyx* (accesión resistente CIP 704270 “Wira Pasña” y accesión susceptible CIP 703777 “Sumaq Perqa”) para inocularles el patógeno *Phytophthora infestans* cepa POX-67 y analizar el transcriptoma de muestras foliares colectadas a las 0 y 48 hpi (9). El análisis transcriptómico consideró como diferencialmente expresados los genes con un  $|\text{Log}_2\text{FC}| \geq 2$  y  $\text{FDR} \leq 0.001$  al comparar la expresión en una misma accesión para los dos tiempos (WP00/WP48 y SP00/SP48) y entre accesiones para un mismo tiempo evaluado (WP00/SP00 y WP48/SP48).

En el presente trabajo, se utilizaron los datos de los DEGs entre las accesiones resistente y susceptible para un mismo tiempo, siendo 400 DEGs en Wira Pasña con respecto a Sumaq Perqa a las 0 hpi (WP00/SP00, 177 genes sobre expresados y 223 genes sub expresados) y 303 DEGs a las 48 hpi (WP48/SP48, 136 genes sobre expresados y 167 genes sub expresados), tratándose por separado los grupos de genes sobre y sub expresados en los dos tiempos (4 grupos de genes en total). La lista completa de los DEGs se encuentra en el **ANEXO 1**. En adición, una vez identificados DEGs de interés por los resultados obtenidos en los análisis de enriquecimiento funcional y de redes PPI, se utilizaron los datos de expresión de los genes en una misma planta (WP00/WP48 correspondiente a la resistente y SP00/SP48 a la susceptible) para profundizar en la discusión del patrón de expresión de dichos genes.

## **B. Análisis de enriquecimiento funcional**

Se realizaron análisis de enriquecimiento de ontología génica (GO) y de rutas metabólicas KEGG utilizando como referencia el genoma de *Solanum tuberosum* grupo Phureja DM1-3. El análisis GO se realizó en R versión 4.1.2 utilizando el paquete gprofiler2 (22) y la anotación de los términos GO hecha por Amar et. al en el 2014 (23) por ser considerada la mejor anotación funcional para el genoma

de referencia de la papa y haber sido utilizada en otros estudios (24). A su vez, los gráficos fueron realizados con ggplot2. Por su parte, el análisis de rutas KEGG fue realizado empleando el software KOBAS (<http://kobas.cbi.pku.edu.cn/genelist/>) (25), utilizado comúnmente al trabajar con genes de plantas (26,27), para lo cual primero se obtuvieron los códigos de identificación de los genes en el formato ENTREZ\_NCBI utilizando la herramienta de anotación (método BLAST,  $\text{eval} \leq 1e-05$ ) y las secuencias de aminoácidos de las proteínas representativas de los DEGs. En ambos análisis de enriquecimiento se consideraron significativamente enriquecidos los términos GO y rutas KEGG con un valor-p corregido  $< 0.05$ .

### **C. Análisis de redes de interacción proteína-proteína (PPI)**

Se construyeron 4 redes PPI correspondientes a las proteínas de los 400 DEGs (177 sobre expresados y 223 sub expresados) a las 0 hpi y a los 303 DEGs (136 sobre expresados y 167 sub expresados) a las 48 hpi del patógeno. Las proteínas putativas fueron buscadas en la base de datos STRING versión 11.5 (<https://string-db.org/>), la cual recopila e integra interacciones funcionales entre proteínas mediante bases de datos de asociaciones proteína-proteína conocidas y predichas. Debido a que la cantidad de proteínas correspondientes a los DEGs para cada uno de los cuatro grupos son pocas en comparación con otros estudios (12,28), se decidió utilizar un punto de corte bajo para el puntaje de confianza (0.150) y considerar las interacciones que se hayan determinado experimentalmente (experiments), datos curados de asociaciones entre proteínas provenientes de bases de datos de vías metabólicas (database) y las posibles interacciones entre proteínas mencionadas en publicaciones científicas (textmining) (29). Luego de formada la red, se descartaron las interacciones con un puntaje de confianza  $< 0.15$  y se escondieron los nodos desconectados. La red PPI resultante fue visualizada empleando el software Cytoscape versión 3.9.1. El complemento Network Analyzer se utilizó para calcular las propiedades topológicas, como los valores de grado y de centralidad de intermediación de cada nodo (“degree” y “betweenness centrality”). Estos valores miden cuán

conectado está un nodo (proteína) y la cantidad de flujo de información que pasa por estos, respectivamente, lo que permite identificar los “hubs” (proteínas con alto número de interactores) y “bottlenecks” (proteínas con interacciones intermedias indirectas entre un gran número de otras proteínas). Se consideraron como hubs y bottlenecks las proteínas que presentaron valores de “degree” y “betweenness centrality” de al menos dos desviaciones estándar por encima de la media, respectivamente. El complemento MCODE se utilizó para detectar sub-redes o módulos (regiones densamente conectadas), lo cual permite identificar subconjuntos de proteínas con un alto número de interacciones anotadas entre ellas e implica que puedan formar módulos biológicos. Finalmente, se realizó el análisis de enriquecimiento funcional de los nodos de cada módulo empleando la base de datos de STRING con un FDR < 0.05 (28). Ver **ANEXO 2** para una visión general de la metodología.

## **V. RESULTADOS**

### **A. Análisis de enriquecimiento de Ontología Génica (GO)**

A las 00 horas post-inoculación (hpi), 22 y 16 términos GO fueron enriquecidos significativamente en las categorías de proceso biológico, función molecular y componente celular para los 177 genes sobre expresados y 223 genes sub expresados, respectivamente (p-value adj. < 0.05). Por otro lado, para los DEGs a las 48 horas post-inoculación (hpi), 28 y 15 términos GO fueron enriquecidos significativamente en las categorías de proceso biológico, función molecular y componente celular para los 136 genes sobre expresados y 167 genes sub expresados, respectivamente (p-value adj. < 0.05).

La mayoría de los términos GO que resultaron significativos para los DEGs sobre expresados a las 0 hpi también se encontraron para el grupo de genes sub expresados a las 48 hpi, de manera similar que ocurrió con los términos GO que fueron significativos para el grupo de DEGs sub expresados a las 0 hpi y sobre expresados a las 48 hpi. Esto se debió a que la mayoría de los genes que se expresaban más en el estado basal de una de las accesiones, a las 48 hpi se expresaban más en la otra. Además, a dichos términos GO también se

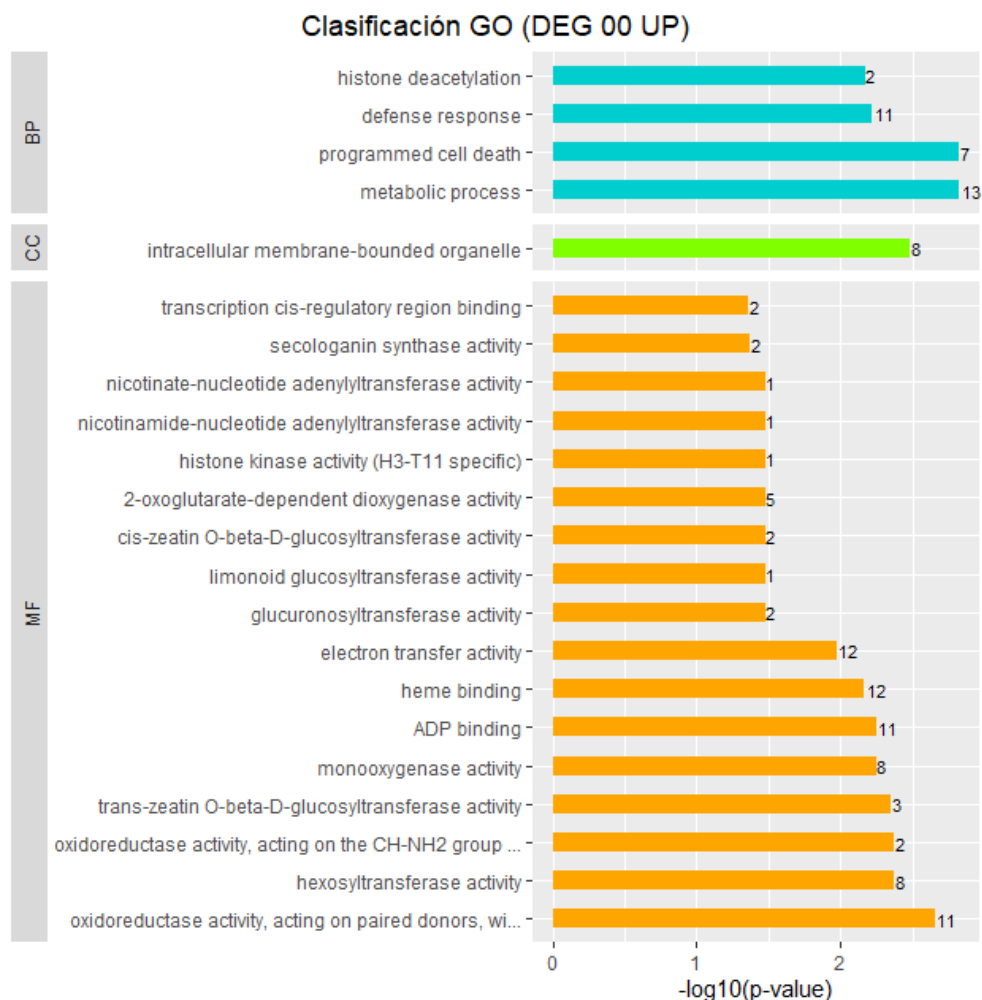
relacionaron algunos genes que solo se expresaban en el estado basal o a las 48 hpi en Wira Pasña o Sumaq Perqa.

Se encontraron genes NBS-LRR relacionados a términos GO de muerte celular programada y respuesta de defensa y genes de amino oxidasas relacionados a deacetilación de histonas, los cuales se expresaban más en el estado basal de Wira Pasña pero a las 48 hpi se encontraban más expresados en la susceptible Sumaq Perqa. Además, se encontraron genes relacionados a respuesta de defensa, como glucano endo-1,3-beta-glucosidasas, receptores de ácido abscísico PYL4 y algunos NBS-LRR como RG1 y NRC1 que se expresaban más en el estado basal de Sumaq Perqa pero que no presentaban una expresión diferencial a las 48 hpi entre las plantas resistentes y susceptibles. Por otro lado, se encontraron genes de factor de replicación A (RPA) relacionados a proceso metabólico de DNA y genes de proteínas de transposón y transcriptasas reversas relacionados a proceso biosintético de DNA con molde RNA, los cuales se expresaban más en el estado basal de la susceptible Sumaq Perqa pero tenían mayor expresión en Wira Pasña a las 48 hpi; además de genes de proteínas como HJTR2GH1, proteína 4 de resistencia a la mancha bacteriana y un homólogo de la proteína de resistencia R1A-4 a tizón tardío relacionados a la respuesta hipersensible inducida en plantas y genes de citocromo P450 relacionados a respuesta sistémica. También se encontró un grupo grande de genes relacionados a proceso metabólico que estaban más expresados en el estado basal de Wira Pasña, los cuales corresponden en su mayoría a UDP-glucosiltransferasas y genes de sesquiterpeno sintasa 2 y 2-hydroxyisoflavanona deshidratasa.

A continuación, se describen con mayor detalle los términos GO que resultaron significativos en los cuatro grupos de DEGs separados por tiempo (00 o 48 hpi) y tipo de expresión (sobre o sub expresados).

## 1. Análisis GO de genes sobre expresados a las 0 hpi

Para el grupo de 177 genes sobre expresados a las 0 hpi, resultaron enriquecidos 4 términos GO en la categoría de proceso biológico, 17 en función molecular y 1 en componente celular (Figura 1, ANEXO 3).



**Figura 1. Clasificación GO de genes sobre expresados a las 0 hpi.** Se muestran los términos GO significativamente enriquecidos ( $p$ -value adj.  $< 0.05$ ) para las categorías de proceso biológico (BP), componente celular (CC) y función molecular (MF) junto con el número de genes incluidos en cada término.

En la categoría de proceso biológico, los términos más significativos fueron los de proceso metabólico (GO:0008152, 13 DEGs) y muerte celular programada (GO:0012501, 7 DEGs), seguidos de respuesta de defensa

(GO:0006952, 11 DEGs) y de deacetilación de histonas (GO:0016575, 2 DEGs). Dentro del término proceso metabólico, se encontraron en su mayoría genes de glicosiltransferasas, generalmente UDP-glicosiltransferasas o UDP-glucosa:glicosiltransferasas, además de encontrarse un gen de la 2-hidroxiisoflavonona dehidratasa (PGSC0003DMG400031850) y uno de la enzima sesquiterpeno sintasa 2 (PGSC0003DMG400019773). Por otra parte, todos los genes encontrados en el término muerte celular programada se encontraron también en respuesta de defensa, siendo estos correspondientes a proteínas, en su mayoría de resistencia, como PSH-RGH7 (PGSC0003DMG400016372), hero (PGSC0003DMG400029504), proteína C de resistencia a Tospovirus (PGSC0003DMG402016602) y proteínas del dominio NBS-LRR (PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG401007871); mientras que en respuesta de defensa se encontraron también dos genes mayor latex (PGSC0003DMG400022094 y PGSC0003DMG400029523) y otro gen de resistencia CC-NBS-LRR (PGSC0003DMG400002275). En cuanto al término deacetilación de histonas, se encontraron dos genes de amino oxidasas (PGSC0003DMG400023479 y PGSC0003DMG402023368).

En la categoría de función molecular, la función de actividad oxidoreductasa sobre donadores pareados, con incorporación o reducción de oxígeno molecular (GO:0016705, 11 DEGs) fue la más significativa, seguida de actividad hexosiltransferasa (GO:0016758, 8 DEGs), actividad oxidoreductasa sobre el grupo de donadores CH-NH<sub>2</sub> (GO:0016638, 2 DEGs) y actividad trans-zeatina O-beta-D-glicosiltransferasa (GO:0050403, 3 DEGs). La mayoría de los genes relacionados a la actividad oxidoreductasa sobre donadores pareados, con incorporación o reducción de oxígeno molecular, correspondían a enzimas del complejo citocromo P450 (PGSC0003DMG400003342, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG400017997 y PGSC0003DMG400022744) e identificándose algunos como CYP72A56 (PGSC0003DMG400006075 y

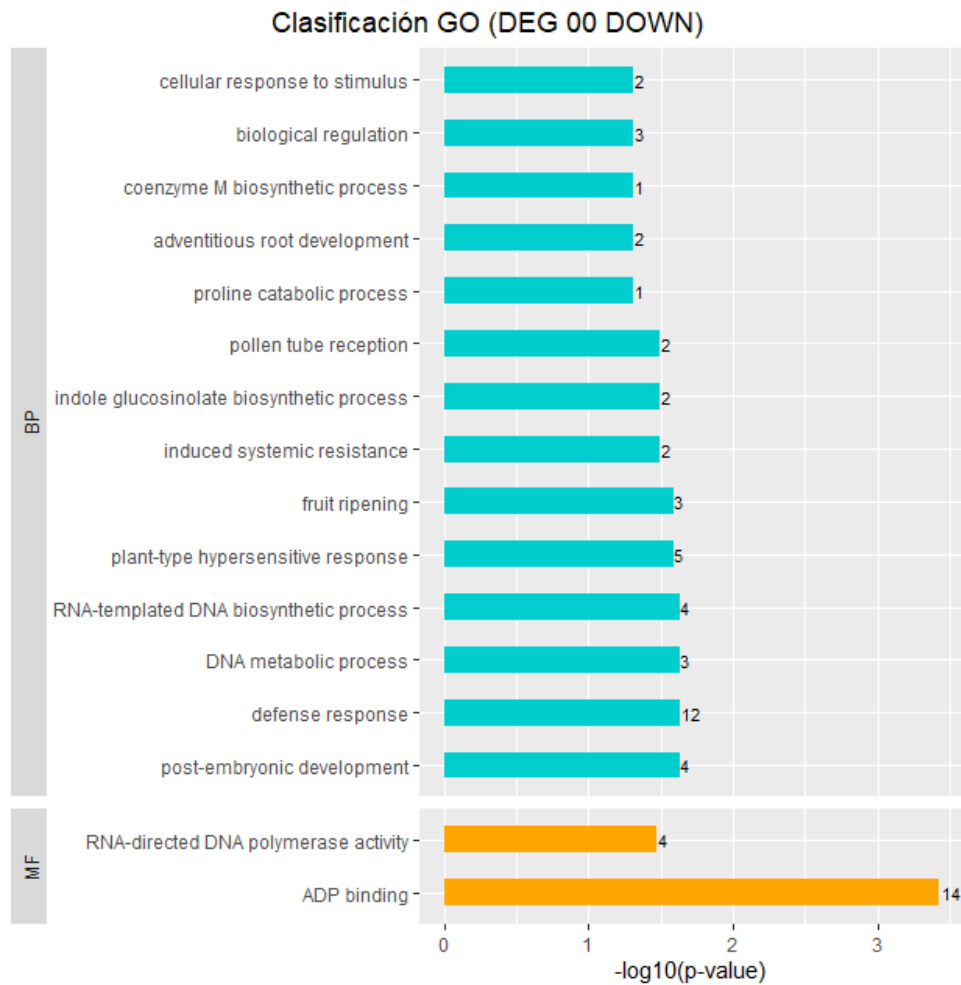
PGSC0003DMG400017323) y CYP82E3 (PGSC0003DMG400029474), además de hidroxilasas (PGSC0003DMG400019774 y PGSC0003DMG400031423); mientras que para la actividad hexosiltransferasa se encontraron genes de UDP-glucosiltransferasas. Por otro lado, las dos amino oxidasas reportadas previamente para el proceso biológico de deacetilación de histonas también se encontraron relacionadas a la función de actividad oxidorreductasa sobre el grupo de donadores CH-NH<sub>2</sub>; mientras que para la actividad trans-zeatina O-beta-D-glucosiltransferasa se reportaron glicosiltransferasas como la UDP-glucosa:glucosiltransferasa.

Finalmente, en la categoría de componente celular, solo resultó significativo el término de organela delimitada por membrana intracelular (GO:0043231, 8 DEGs), el cual incluye al núcleo, mitocondrias, plastidios, vacuolas y vesículas. Los genes relacionados a este componente celular fueron muy variados, encontrándose genes de amino oxidasas (PGSC0003DMG400023479 y PGSC0003DMG402023368), CYP72A56 (PGSC0003DMG400006075 y PGSC0003DMG400017323), aldehído deshidrogenasa (PGSC0003DMG400002213), 6-fosfogluconolactonasa (PGSC0003DMG400005471), beta-hidroxiisobutiril-CoA hidrolasa 1 (PGSC0003DMG402025828) y pre-pro-cisteína proteinasa (PGSC0003DMG402032256).

Cabe resaltar que los genes del dominio NBS-LRR también contribuyeron a que sea significativo el término de función molecular de unión de ADP; mientras que sucedió lo mismo con los genes del citocromo P450 para las funciones de unión de grupo hemo y transferencia de electrones, además de que los genes de CYP72A56 también se relacionaron con actividad monooxigenasa y actividad de secologanina sintasa.

## **2. Análisis GO de genes sub expresados a las 0 hpi**

Para el grupo de 223 genes sub expresados a las 0 hpi, resultaron enriquecidos 14 términos GO en la categoría de proceso biológico, 2 en función molecular y ninguno en componente celular (**Figura 2, ANEXO 4**).



**Figura 2. Clasificación GO de genes sub expresados a las 0 hpi.** Se muestran los términos GO significativamente enriquecidos ( $p$ -value adj.  $< 0.05$ ) para las categorías de proceso biológico (BP) y función molecular (MF) junto con el número de genes incluidos en cada término.

En la categoría de proceso biológico, los términos más significativos fueron los de desarrollo post-embriónico (GO:0009791, 4 DEGs), respuesta de defensa (GO:0006952, 12 DEGs), proceso metabólico de DNA (GO:0006259, 3 DEGs) y proceso biosintético de DNA con molde RNA (GO:0006278, 4 DEGs). Los genes encontrados dentro del término desarrollo post-embriónico correspondían a quinazinas, entre las que se encontraron los receptores THESEUS 1 (PGSC0003DMG400023419), FERONIA (PGSC0003DMG400040729) y serina-treonina quinasa de tipo LRR (PGSC0003DMG400018253). Por su parte, dentro del término respuesta de

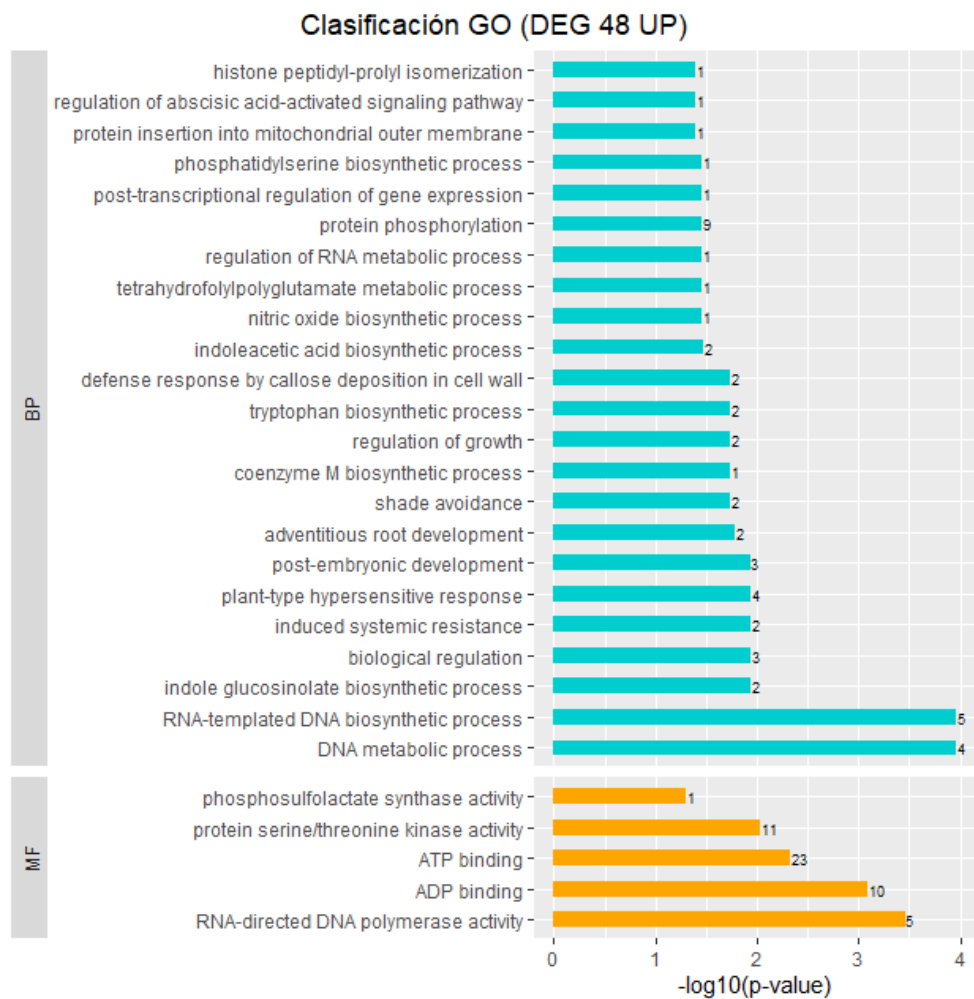
defensa también se encontró el gen del receptor THESEUS 1, además de NRC1 (PGSC0003DMG400007469 y PGSC0003DMG400015878), RGC1 (PGSC0003DMG402009818), beta-1,3-glucanasa ácida (PGSC0003DMG400008368), glucano endo-1,3-beta-glucosidasa (PGSC0003DMG400026359), receptor PYL4 de ácido abscísico (PGSC0003DMG400011033), proteína 1 de respuesta a sal (PGSC0003DMG400022888), proteína de resistencia CC-NBS-LRR (PGSC0003DMG400008596), Rpi-vnt1 (PGSC0003DMG400024363) y un análogo de gen de resistencia que codifica NBS (PGSC0003DMG402017089). En el caso del término proceso metabólico de DNA, se encontraron genes del factor de replicación A (PGSC0003DMG400020377, PGSC0003DMG400029822 y PGSC0003DMG401021841); mientras que para el proceso biosintético de DNA con molde RNA se encontraron transcriptasas reversas (PGSC0003DMG400007664 y PGSC0003DMG400031032), una proteína de retrotransposón (PGSC0003DMG400025418) y una transcriptasa reversa de retroelemento no-LTR (PGSC0003DMG400012502).

En la categoría de función molecular, la función de unión de ADP (GO:0043531, 14 DEGs) resultó con la más alta significación, siendo mucho mayor a la de actividad DNA polimerasa dependiente de RNA (GO:0003964, 4 DEGs) que le seguía en significación. En el término de unión de ADP, se encontraron genes que codifican a proteínas de resistencia para diversas enfermedades, como la proteína de resistencia 4 de la mancha bacteriana (PGSC0003DMG400002427), un gen de un homólogo a la proteína R1A-4 de resistencia a tizón tardío (PGSC0003DMG400003380), un análogo de gen de resistencia que codifica NBS (PGSC0003DMG402017089), proteína de resistencia N a virus del mosaico de tabaco (TMV) (PGSC0003DMG400033160), proteína de resistencia CC\_NBS\_LRR (PGSC0003DMG400008596), Rpi (PGSC0003DMG400023288), Rpi-vnt1 (PGSC0003DMG400024363), además de RGC1 (PGSC0003DMG402009818), NRC1 (PGSC0003DMG400015878 y PGSC0003DMG400007469), HJTR2GH1 (PGSC0003DMG400011517) y un gen de una proteína que contiene el

dominio NB-ARC (PGSC0003DMG400005577). Por otro lado, en la función de actividad DNA polimerasa dependiente de RNA se encontraron las mismas transcriptasas reversas y la proteína de transposón reportadas para el proceso biosintético de DNA con molde RNA.

### 3. Análisis GO de genes sobre expresados a las 48 hpi

Para el grupo de 136 genes sobre expresados a las 48 hpi, resultaron enriquecidos 23 términos GO en la categoría de proceso biológico, 5 en función molecular y ninguno en componente celular (Figura 3, ANEXO 5).



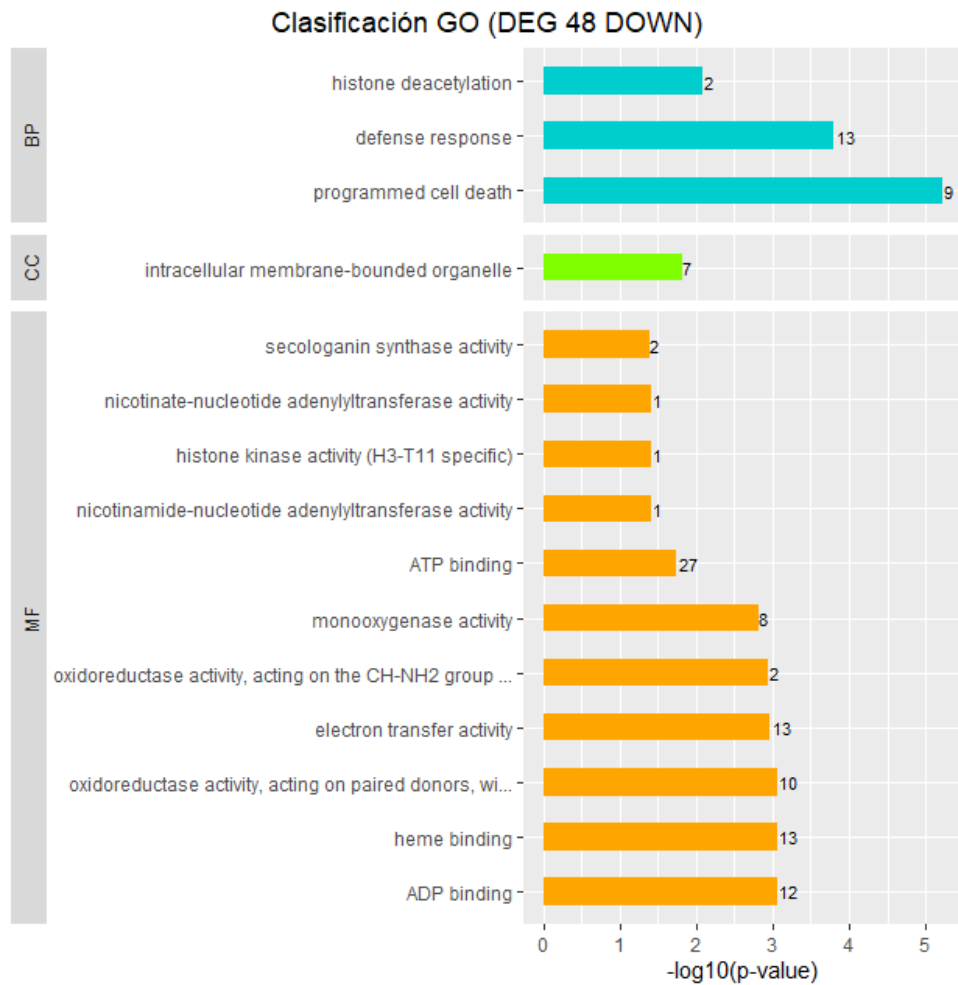
**Figura 3. Clasificación GO de genes sobre expresados a las 48 hpi.** Se muestran los términos GO significativamente enriquecidos ( $p$ -value adj. < 0.05) para las categorías de proceso biológico (BP) y función molecular (MF) junto con el número de genes incluidos en cada término.

En la categoría de proceso biológico, los términos GO más significativos fueron los de proceso metabólico de DNA (GO:0006259, 4 DEGs) y proceso biosintético de DNA con molde RNA (GO:0006278, 5 DEGs), seguidos de proceso biosintético de indol glucosinolato (GO:0009759, 2 DEGs), regulación biológica (GO:0065007, 3 DEGs), resistencia sistémica inducida (GO:0009682, 2 DEGs) y respuesta hipersensible en plantas (GO:0009626, 4 DEGs). Dentro del término proceso metabólico de DNA, se encontraron los mismos genes de factor de replicación A (PGSC0003DMG400020377, PGSC0003DMG400029822 y PGSC0003DMG401021841) reportados para el mismo término en el análisis GO de los genes sub expresados a las 0 hpi, además de encontrarse un gen correspondiente a la proteína SET inhibitoria de fosfatasa 2A (PGSC0003DMG400006933). Cabe resaltar que estos tres genes de factor de replicación A también se encontraron en el término de regulación biológica. Por su parte, para el término proceso biosintético de DNA con molde RNA, se encontraron también los mismos genes de transcriptasas reversas (PGSC0003DMG400007664 y PGSC0003DMG400031032) y proteína de retrotransposón (PGSC0003DMG400025418) reportados en el análisis de los genes sub expresados a las 0 hpi, además de otra transcriptasa reversa (PGSC0003DMG401028834) que no se encontraba expresada diferencialmente a las 0 hpi. En cuanto al proceso biosintético de indol glucosinolato, los genes encontrados en este término correspondían a enzimas del complejo citocromo P450 (PGSC0003DMG401031520 y PGSC0003DMG402031520), estando relacionados estos genes también en el término de resistencia sistémica inducida y sub expresándose a las 0 hpi. Cabe resaltar que estos genes de citocromo P450 también figuraban en los términos enriquecidos de proceso biosintético de ácido indol acético, proceso biosintético de triptófano y respuesta de defensa por depósito de calosa en pared celular en el análisis GO de los genes sobre expresados a las 48 hpi. Por otra parte, los genes reportados para el término de respuesta hipersensible en plantas (PGSC0003DMG400002427,

PGSC0003DMG400003380, PGSC0003DMG400011517 y PGSC0003DMG400022699) también se reportaron para el mismo término al sub expresarse a las 0 hpi, con excepción del gen de la proteína Rpi (PGSC0003DMG400023288) que a las 48 hpi no se expresó diferencialmente. En la categoría de función molecular, la función de actividad DNA polimerasa dependiente de RNA (GO:0003964, 5 DEGs) resultó la más significativa, seguida de unión de ADP (GO:0043531, 10 DEGs). Para la función de actividad DNA polimerasa dependiente de RNA se encontraron los mismos genes reportados en el término de proceso biosintético de DNA con molde RNA; mientras que para la función de unión de ADP se encontraron los genes de proteína de resistencia 4 a la mancha bacteriana (PGSC0003DMG400002427), homólogo a la proteína R1A-4 de resistencia a tizón tardío (PGSC0003DMG400003380), proteína que contiene el dominio NB-ARC (PGSC0003DMG400005577), NRC1 (PGSC0003DMG400007469), proteína de resistencia CC-NBS-LRR (PGSC0003DMG400008596), proteína HJTR2GH1 (PGSC0003DMG400011517), Rpi-vnt1 (PGSC0003DMG400024363) y un gen de resistencia sin especificar (PGSC0003DMG400022699), los cuales se sub expresaban a las 0 hpi, y encontrándose también una proteína de resistencia NBS-LRR (PGSC0003DMG400015872) que no estaba diferencialmente expresada a las 0 hpi.

#### **4. Análisis GO de genes sub expresados a las 48 hpi**

Para el grupo de 167 genes sub expresados a las 48 hpi, resultaron enriquecidos 3 términos GO en la categoría de proceso biológico, 11 en función molecular y 1 en componente celular (**Figura 4, ANEXO 6**).



**Figura 4. Clasificación GO de genes sub expresados a las 48 hpi.** Se muestran los términos GO significativamente enriquecidos ( $p$ -value adj.  $< 0.05$ ) para las categorías de proceso biológico (BP), componente celular (CC) y función molecular (MF) junto con el número de genes incluidos en cada término.

En la categoría de proceso biológico, el término más significativo fue el de muerte celular programada (GO:0012501, 9 DEGs), seguido de respuesta de defensa (GO:0006952, 13 DEGs) y en menor medida de deacetilación de histonas (GO:0016575, 2 DEGs). Dentro del término muerte celular programada, se encontraron todos los genes reportados para el mismo término cuando se sobre expresaban a las 0 hpi; además de dos genes de resistencia a Tospovirus que correspondían a la proteína A (PGSC0003DMG400006296) y proteína B (PGSC0003DMG400031521), los cuales no presentaron expresión diferencial a las 0 hpi. Cabe resaltar que

todos los genes relacionados a muerte celular programada también se relacionaban con respuesta de defensa, además de dos genes mayor latex (PGSC0003DMG400022094 y PGSC0003DMG400029523) que se sobre expresaban a las 0 hpi. En el caso de deacetilación de histonas, se encontraron las mismas amino oxidasas (PGSC0003DMG400023479 y PGSC0003DMG402023368) que se sobre expresaban a las 0 hpi.

En la categoría de función molecular, resultaron con mayor significación las funciones de unión de ADP (GO:0043531, 12 DEGs), unión del grupo hemo (GO:0020037, 13 DEGs) y la actividad oxidorreductasa sobre donadores pareados, con incorporación o reducción de oxígeno molecular (GO:0016705, 10 DEGs). Dentro del término unión de ADP, se encontraron los mismos genes reportados para muerte celular programada, además de un gen de una proteína con dominio LRR (PGSC0003DMG400013090). En el caso de los genes relacionados a la función de unión de grupo hemo, se encontraron genes del complejo citocromo P450 (PGSC0003DMG400003342, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG400021874 y PGSC0003DMG400022744), CYP72A56 (PGSC0003DMG400006075 y PGSC0003DMG400017323) y CYP82E3 (PGSC0003DMG400029474) junto con una hidroxilasa del complejo (PGSC0003DMG400019774), los cuales se sobre expresaban a las 0 hpi, además de genes de flavonoide 3-hidroxilasa (PGSC0003DMG400001915) y peroxidasa de pared celular (PGSC0003DMG400027614) que no tenían expresión diferencial a las 0 hpi. En adición, los genes del complejo citocromo P450, incluyendo CYP72A56 y CYP82E3, también estaban relacionados a la función de actividad oxidorreductasa sobre donadores pareados, con incorporación o reducción de oxígeno molecular.

Finalmente, en la categoría de componente celular, solo resultó significativo el término de organela delimitada por membrana intracelular (GO:0043231, 7 DEGs), encontrándose los genes reportados para el mismo término cuando se sobre expresaban a las 0 hpi pero con excepción del gen de aldehído deshidrogenasa (PGSC0003DMG400002213).

## B. Anotación y análisis de enriquecimiento de rutas KEGG

Como resultado de la anotación utilizando el software KOBAS, se obtuvieron los códigos de identificación ENTREZ\_NCBI de 156 de los 177 genes sobre expresados y 180 de los 223 genes sub expresados a las 0 hpi; mientras que para los DEGs a las 48 hpi se anotaron 107 de los 135 sobre expresados y 139 de los 165 sub expresados. Sin embargo, no todos estos genes se encontraban registrados en la base de datos KEGG; mientras que otros, si bien se encontraban en la base de datos, no tenían ortólogos asignados por lo que no figuraban en los gráficos de mapas de rutas KEGG.

En el caso de los DEGs a las 0 hpi, 151 genes sobre expresados y 176 sub expresados figuraban en la base de datos KEGG, de los cuales 37 y 34 tenían ortólogos asignados, respectivamente. Por otro lado, para los DEGs a las 48 hpi, se encontraron 103 genes sobre expresados y 136 sub expresados registrados, de los cuales solo 12 y 33 tenían ortólogos asignados, respectivamente.

En cuanto al análisis de enriquecimiento de rutas KEGG, 25 genes sobre expresados y 23 genes sub expresados a las 0 hpi fueron anotados en 35 y 18 vías metabólicas presentes en *Solanum tuberosum*, respectivamente; mientras que 13 genes sobre expresados y 23 genes sub expresados a las 48 hpi fueron anotados en 20 y 30 vías metabólicas para cada caso. Como resultado, para los genes sobre expresados a las 0 hpi ninguna ruta KEGG fue enriquecida significativamente ( $p\text{-value adj.} < 0.05$ ) (**Tabla 1**); mientras que para los genes sub expresados en el mismo tiempo fueron significativas las vías de señal de transducción de hormonas de plantas (sot04075, 7 DEGs), reparación mismatch (sot03430, 3 DEGs), replicación de DNA (sot03030, 3 DEGs), reparación de escisión de nucleótidos (sot03420, 3 DEGs) y recombinación homóloga (sot03440, 3 DEGs) (**Tabla 2**). Por otro lado, para los genes sobre expresados a las 48 hpi, fueron significativas las vías de reparación mismatch (sot03430, 3 DEGs), replicación de DNA (sot03030, 3 DEGs), reparación de escisión de nucleótidos (sot03420, 3 DEGs) y recombinación homóloga (sot03440, 3 DEGs) (**Tabla 3**), mientras que para los genes sub expresados en el mismo tiempo ninguna vía KEGG resultó significativa (**Tabla 4**).

**Tabla 1. Rutas KEGG de genes sobre expresados a las 0 hpi.**

KEGG Pathway	ID	DEGs	<i>P-Value</i>	Corrected <i>P-Value</i>
Proteasome	sot03050	2	0.03354	0.29313
Pentose phosphate pathway	sot00030	2	0.03781	0.29313
Fatty acid degradation	sot00071	2	0.03890	0.29313
beta-Alanine metabolism	sot00410	2	0.04931	0.29313

**Tabla 2. Rutas KEGG de genes sub expresados a las 0 hpi.**

KEGG Pathway	ID	DEGs	<i>P-Value</i>	Corrected <i>P-Value</i>
Plant hormone signal transduction	sot04075	7	0.00325	0.03756
Mismatch repair	sot03430	3	0.00417	0.03756
DNA replication	sot03030	3	0.00629	0.03773
Nucleotide excision repair	sot03420	3	0.01102	0.04103
Homologous recombination	sot03440	3	0.01140	0.04103

**Tabla 3. Rutas KEGG de genes sobre expresados a las 48 hpi.**

KEGG Pathway	ID	DEGs	<i>P-Value</i>	Corrected <i>P-Value</i>
Mismatch repair	sot03430	3	0.00091	0.01303
DNA replication	sot03030	3	0.00140	0.01303
Nucleotide excision repair	sot03420	3	0.00252	0.01303
Homologous recombination	sot03440	3	0.00261	0.01303
Plant-pathogen interaction	sot04626	3	0.04015	0.16060

**Tabla 4. Rutas KEGG de genes sub expresados a las 48 hpi.**

KEGG Pathway	ID	DEGs	<i>P-Value</i>	Corrected <i>P-Value</i>
Mismatch repair	sot03430	2	0.02515	0.24657
Proteasome	sot03050	2	0.02771	0.24657
DNA replication	sot03030	2	0.03312	0.24657
Carbon metabolism	sot01200	4	0.04290	0.24657
Nucleotide excision repair	sot03420	2	0.04823	0.24657
Homologous recombination	sot03440	2	0.04931	0.24657

Se encontró que 3 genes son enriquecidos para las mismas vías KEGG de reparación mismatch (sot03430), replicación de DNA (sot03030), reparación de escisión de nucleótidos (sot03420) y recombinación homóloga (sot03440), siendo estos sub expresados a las 0 hpi y sobre expresados a las 48 hpi. Dichos genes se encontraron anotados en la base de datos KEGG como el dominio B de la subunidad 70 kDa de la proteína de replicación A (RPA1B) (Tabla 5).

**Tabla 5. Genes diferencialmente expresados que codifican a proteínas involucradas en las vías de reparación mismatch, replicación de DNA, reparación de escisión de nucleótidos y recombinación homóloga.**

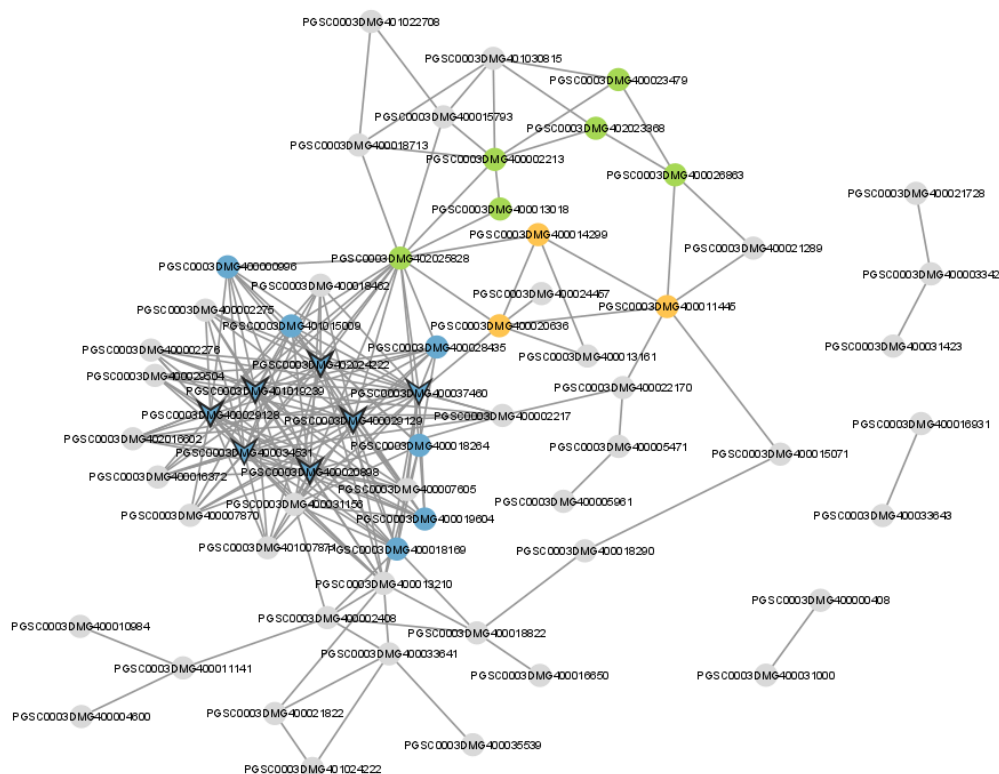
Gene ID	Log <sub>2</sub> FC		Regulación		Anotación KEGG database
	00 h	48 h	00 h	48 h	
PGSC0003DMG400020377	-6.90	4.96	down	up	replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit B-like
PGSC0003DMG400029822	-11.52	11.89	down	up	replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit B-like
PGSC0003DMG401021841	-8.00	6.36	down	up	replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit B-like
PGSC0003DMG400022355	no	-2.09	no	down	replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit B-like
PGSC0003DMG400022961	no	-9.60	no	down	uncharacterized protein At4g28440

### C. Análisis de redes de interacción proteína-proteína (PPI)

Las redes PPI en las que se pudieron distinguir grupos funcionales fueron las correspondientes a las de los genes sobre expresados a las 0 hpi y de los genes sub expresados a las 48 hpi, siendo que en los otros casos el análisis de enriquecimiento de los módulos no fue significativo (p-value <0.05).

## 1. Análisis de redes PPI de genes sobre expresados a las 0 hpi

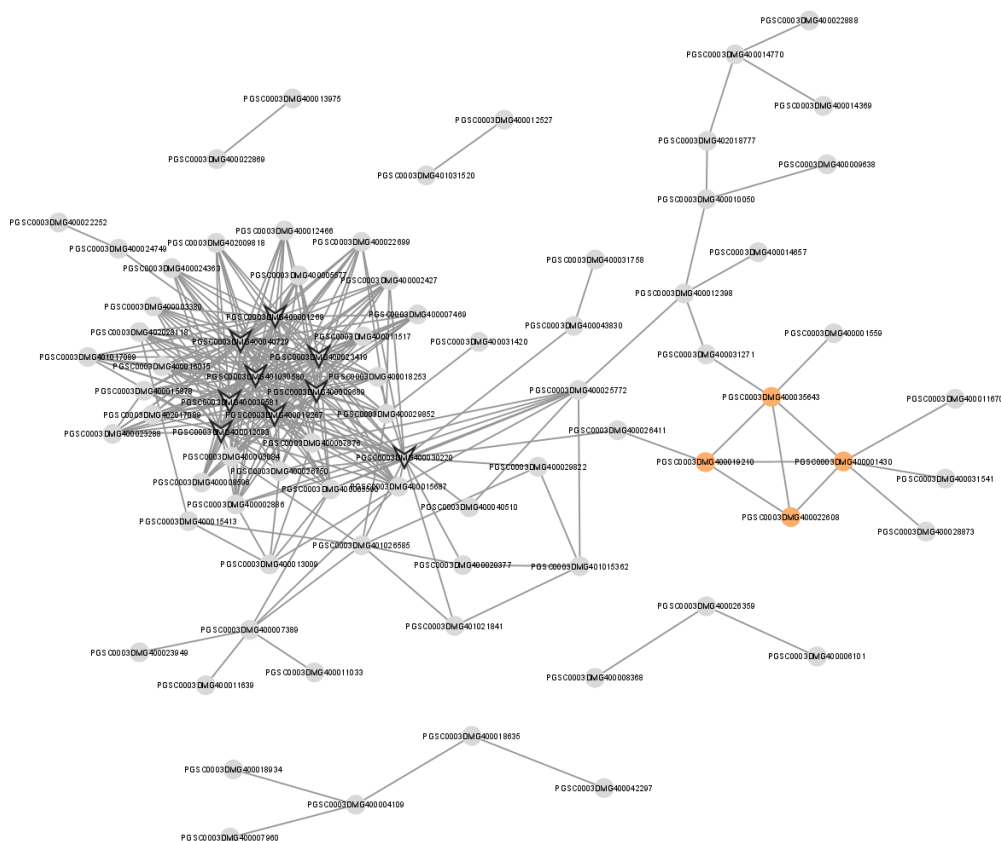
En el caso de los genes sobre expresados a las 0 hpi, 63 de las 177 proteínas putativas formaron conexiones con otras proteínas, con un total de 198 interacciones (PPI enrichment p-value = 0.00278), identificándose 7 hubs y 3 módulos (**Figura 5, ANEXO 7**). En esta red se identificó un bottleneck que conectaba dos proteínas aisladas, por lo que no se consideró relevante. El módulo 1 contenía todos los hubs de la red y estaba conformado en total por 13 proteínas con 40 interacciones, las cuales en su mayoría eran quinasas de membrana con actividad seronina/treonina quinasa, actividad catalítica, unión de ATP y unión de iones, según el análisis de enriquecimiento en STRING (p-value <0.05). Por otra parte, el módulo 2 (3 proteínas, 3 interacciones) no fue enriquecido para término alguno y para el módulo 3 (6 proteínas, 7 interacciones) el análisis de enriquecimiento solo evidenció 2 amino oxidasas.



**Figura 5. Red PPI y módulos de genes sobre expresados a las 0 hpi.** Se muestran los módulos 1 (azul), 2 (naranja) y 3 (verde). Los hubs se muestran con diferente forma.

## 2. Análisis de redes PPI de genes sub expresados a las 0 hpi

Para el grupo de genes sub expresados a las 0 hpi, 81 de las 223 proteínas putativas formaron conexiones con otras proteínas, con un total de 283 interacciones (PPI enrichment p-value =  $3.11 \times 10^{-8}$ ). En esta red se identificaron 9 hubs y un solo módulo (4 proteínas, 6 interacciones), el cual no resultó significativamente enriquecido en STRING para término alguno (p-value <0.05). Además, los bottlenecks detectados se encontraban en grupos de proteínas aisladas de la red principal, por lo que no se consideraron relevantes. En este caso, ninguno de los hubs formaba parte del módulo (Figura 6, ANEXO 8).



**Figura 6.** Red PPI y módulos de genes sub expresados a las 0 hpi. Se muestra el único módulo detectado (naranja). Los hubs se muestran con diferente forma.

### 3. Análisis de redes PPI de genes sobre expresados a las 48 hpi

En el caso de los genes sobre expresados a las 48 hpi, 29 de las 135 proteínas putativas formaron conexiones con otras proteínas, con un total de 112 interacciones (PPI enrichment p-value = 0.00264). En esta red se identificaron 4 hubs que a su vez eran bottlenecks; sin embargo, no se formó módulo alguno (Figura 7, ANEXO 9).

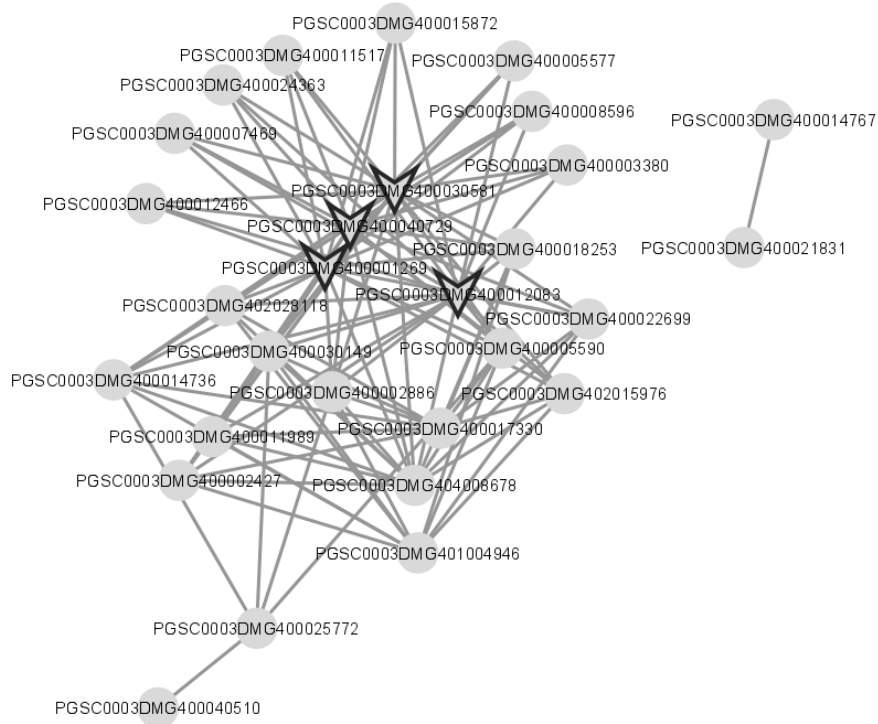
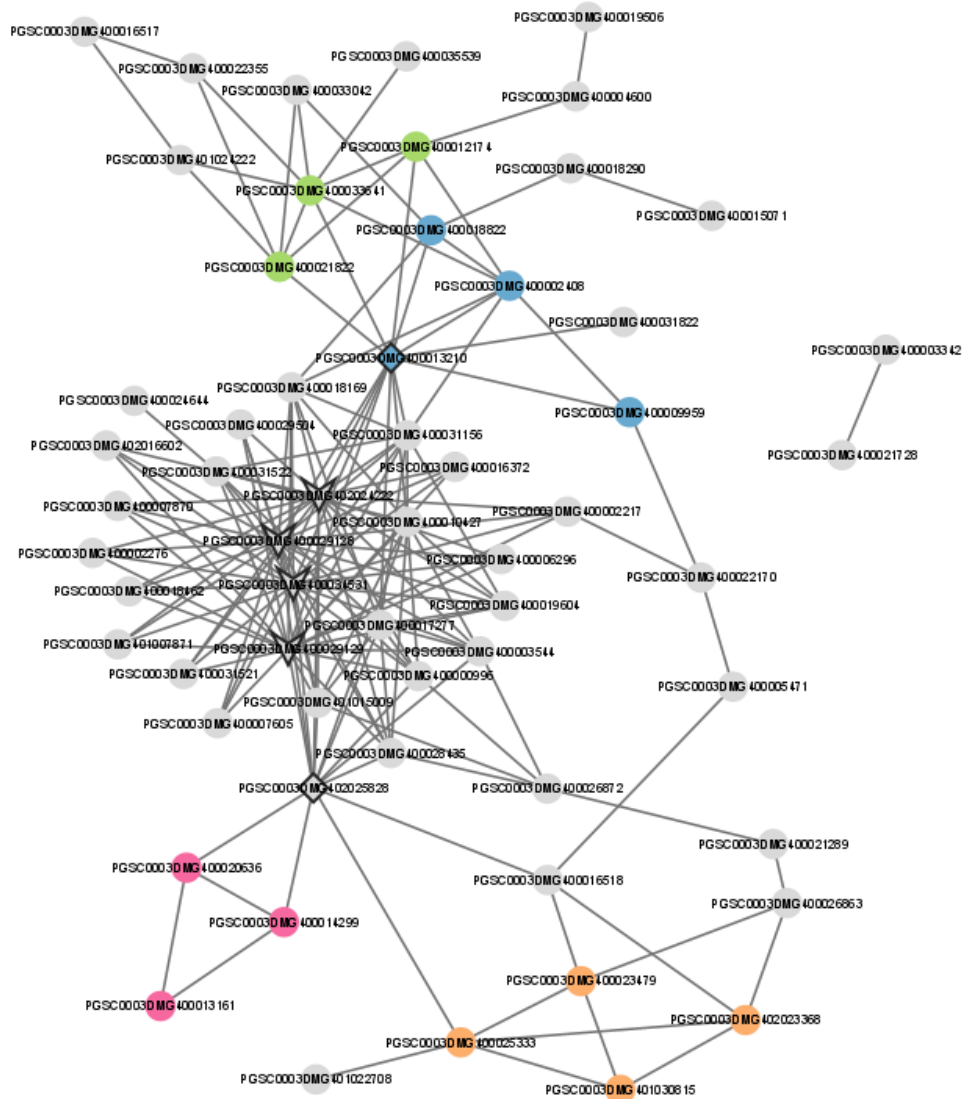


Figura 7. Red PPI de genes sobre expresados a las 48 hpi. No se detectaron módulos. Se muestran los hubs con diferente forma.

### 4. Análisis de redes PPI de genes sub expresados a las 48 hpi

Para el grupo de genes sub expresados a las 48 hpi, 60 de las 166 proteínas putativas formaron conexiones con otras proteínas, con un total de 173 interacciones (PPI enrichment p-value = 0.00261). En esta red se identificaron 4 hubs y 2 bottlenecks, además de 4 módulos. La mayoría de los hubs y bottlenecks no formaron parte de módulos, a excepción del bottleneck PGSC0003DMG400013210 que fue agrupado en el módulo 1. En cuanto a la conformación de los módulos, tanto el módulo 1 como el módulo 2 estaban conformados cada uno por 4 proteínas con 5 interacciones;

mientras que los módulos 3 y 4 estaban conformados por 3 proteínas con 3 interacciones, también individualmente. (Figura 8, ANEXO 10). Según el análisis de enriquecimiento en STRING ( $p$ -value  $< 0.05$ ), el módulo 1 poseía 3 proteínas con actividad catalítica, de las cuales 2 forman parte del complejo de proteosoma. Por su parte, las 4 proteínas del módulo 2 poseían actividad oxidorreductasa, siendo 2 de estas amino oxidasas; mientras que en el módulo 3, las proteínas que lo conformaban tenían actividad ATPasa, siendo dos de ellas identificadas como transportadores transmembrana ABC. Finalmente, para el módulo 4 el análisis no arrojó término enriquecido alguno.



**Figura 8. Red PPI y módulos de genes sub expresados a las 48 hpi.** Se muestran los módulos 1 (azul), 2 (naranja), 3 (verde) y 4 (rosado). Los hubs se muestran con forma de flecha y los bottlenecks con forma de rombo.

## VI. DISCUSIÓN

En la etapa basal (0 hpi), previa a la infección por *Phytophthora infestans*, los genes relacionados a procesos metabólicos que se encontraron más expresados en la accesión resistente Wira Pasña de *Solanum goniolcalyx* podrían contribuir a la barrera constitutiva que protege a las plantas de factores bióticos como patógenos. Tal es el caso de las UDP-glucosiltransferasas, las cuales mediante procesos de glicosilación contribuyen a la gran diversidad estructural de metabolitos secundarios en las plantas, siendo claves en varias funciones fisiológicas como la homeostasis de hormonas, detoxificación de xenobióticos, defensa contra herbívoros o patógenos, así como compartimentalización y almacenamiento de metabolitos (30). Si bien en nuestro trabajo se encontraron UDP-glucosiltransferasas que según el análisis GO y el linaje de estos términos GO disponible en QuickGO (<http://www.ebi.ac.uk/QuickGO>) (31) se relacionaron con funciones muy generales de las glicoproteínas como lo es la actividad hexosiltransferasa, otros genes se relacionaron a funciones más específicas. Este es el caso del gen PGSC0003DMG400025862 que se relacionó a la función de glucosiltransferasa limonoide, lo que indicaría que este gen codifica a una enzima de este tipo y de las cuales se conoce se encuentran presentes en gran cantidad en especies de *Citrus*, catalizando la conversión de limonina aglicona en glucósido de limonina durante la maduración del fruto (32). Sin embargo, la limonina también funciona como una toxina o disuasivo de insectos herbívoros y puede encontrarse en otras partes de las plantas en su mayoría de las familias Meliaceae y Rutaceae (33), por lo que resulta inusual haber encontrado indicios de glucosiltransferasas limonoides en una Solanácea. Además, otros genes como PGSC0003DMG400030804 y PGSC0003DMG402030822 se relacionaron con actividades de cis- y trans-zeatina O-beta-D-glucosiltransferasa, deduciéndose que se tratan de O-glicosiltransferasas de

la citoquinina zeatina. Las cis y trans zeatinas, dos de las formas en las que más se encuentran las citoquininas en las plantas, están involucradas en la regulación de la morfogénesis además de modular la inmunidad de las plantas a patógenos (34). Se cree que tanto la cis-zeatina-O-glucósido como la tran-zeatina-O-glucósido son formas importantes de transporte y almacenamiento de zeatina, dado que se encuentran en las vacuolas y de manera extracelular a diferencia de las formas activas que se encuentran en el citosol de las células de las hojas (35). Por otra parte, también se encontró un gen sesquiterpeno sintasa 2 (PGSC0003DMG400019773) y un gen correspondiente a una 2-hidroxiisoflavanona deshidratasa (PGSC0003DMG400031850). La sesquiterpeno sintasa 2 es responsable de la acumulación de sesquiterpenos derivados de plastidios (36), mientras que la 2-hidroxiisoflavanona deshidratasa es una enzima que convierte el precursor 2-hidroxiisoflavanona en isoflavona, regulando su síntesis junto con la isoflavona sintasa (37). No obstante, ambos genes podrían estar involucrados en la síntesis de fitoalexinas. Si bien las fitoalexinas predominantes y características de las Fabáceas son las isoflavonas y de las Solanáceas lo son los sesquiterpenos (38), además de ser inusual encontrar isoflavonas en las Solanáceas, se han reportado isoflavonas en *Nicotiana tabacum* que poseen actividad inhibitoria contra el virus del mosaico del tabaco (39), por lo que en teoría sí podría ser posible que Wira Pasña posea isoflavonas además de sesquiterpenos como fitoalexinas. A pesar de esto, dado que solo se conoce que estos genes están más expresados en el estado basal de Wira Pasña, no se puede afirmar que estén vinculados al mecanismo de resistencia específico a *P. infestans* sino más bien a una defensa general contra diferentes patógenos.

En el caso de los genes relacionados a defensa que solo se encontraban más expresados en el estado basal de la susceptible Sumaq Perqa, algunos de estos podrían ser fácilmente superados por *P. infestans*. Tal es el caso de las glucano endo-1,3-beta-glucosidasas ( $\beta$ -1,3-glucanasas), las cuales son tóxicas para los hongos patógenos invasores y se incrementan como parte de la respuesta de defensa cumpliendo la función de degradar su pared celular (40); sin embargo, estas pueden ser inhibidas por el efector GIP1 que *P. infestans* secreta en el apoplasto (41). A pesar

de esto, se ha reportado que en el genotipo SD20 de *S. tuberosum* de China, que es resistente a la cepa altamente patogénica CN152 de *P. infestans*, ocurre un incremento en la expresión de varios genes de glucano endo-1,3-beta-glucosidasas a las 24 y 48 hpi (42). En nuestro caso, los genes de glucano endo-1,3-beta-glucosidasa (PGSC0003DMG400026359) y beta-1,3-glucanasa ácida (PGSC0003DMG400008368) que encontramos eran más expresados en Sumaq Perqa en el estado basal y no se observó una expresión diferencial entre las plantas susceptibles y resistentes a las 48 hpi. En el análisis de expresión diferencial en el tiempo realizado con cada accesión, el gen PGSC0003DMG400026359 tenía una expresión constante tanto en Sumaq Perqa como Wira Pasña; sin embargo, la expresión del gen PGSC0003DMG400008368 se incrementó en Wira Pasña para las 48 hpi (9), por lo que este último gen sí podría estar involucrado en el mecanismo de resistencia. No obstante, por tratarse de un solo gen, las glucano endo-1,3-beta-glucosidasas no contribuirían de manera determinante en la resistencia de Wira Pasña a *P. infestans*.

Wira Pasña presentaba genes más expresados en el estado basal que codificaban en su mayoría a proteínas de resistencia del dominio NBS-LRR, los cuales fueron relacionados a muerte celular programada y respuesta de defensa, pero que a las 48 hpi presentaban mayor expresión en Sumaq Perqa. En general, la mayoría de genes NBS-LRR tienden a expresarse de manera constitutiva en las plantas y son pocos los que tienen un cambio marcado en la expresión como respuesta a la infección de patógenos, siendo que este generalmente es menor al punto de corte  $|\text{Log}_2\text{FC}| \geq 2$  empleado usualmente en los análisis transcriptómicos para ser considerados como DEGs (43). Además, no existe un patrón común de expresión para los genes NBS-LRR que sí se consideran como DEGs. Por ejemplo, al realizar el perfil genético del genotipo SD20 de *S. tuberosum*, se encontraron solo 4 genes NBS-LRR que se expresaron diferencialmente en distintos momentos de los tiempos evaluados (24, 48 y 72 hpi) frente a *P. infestans* (42). A pesar de esto, es posible que al realizar comparaciones en la expresión de genes entre plantas resistentes y susceptibles se observe que genes relacionados a resistencia se expresen más en las plantas susceptibles después de la inoculación del patógeno. En un estudio en el que se

evaluó la resistencia de diferentes genotipos europeos de trigo a *Fusarium graminearum*, la mayoría de los genes inducidos por el patógeno codificaban a RLK y NBS-LRR con una expresión constante entre los grupos resistentes; sin embargo, la expresión de estos genes era mayor en el grupo de plantas susceptibles a las 48 hpi. Los autores sugirieron que esto se debía a que en las plantas más resistentes el reconocimiento del patógeno debió de haber ocurrido antes del tiempo evaluado (48 hpi) o a que los mecanismos de resistencia constitutiva contra el patógeno ocasionaban una reducción de la inducción de genes RLK y NBS-LRR (44). Es probable que este sea el caso de la mayoría de los genes NBS-LRR que se encontraron sobre expresados a las 0 hpi y sub expresados a las 48 hpi, ya que la respuesta hipersensible a la que están asociados ocurre en la etapa biotrófica de la infección del patógeno y se sabe que en las plantas susceptibles a las 36-48 hpi ya empieza la etapa necrotrófica (14). Además, según los cambios en la expresión de los genes NBS-LRR en una misma planta, estos habían aumentado su expresión en Sumaq Perqa y disminuido en Wira Pasña para las 48 hpi (9). Para saber si realmente la expresión de estos genes aumenta y luego decae, se tendría que evaluar su comportamiento en una etapa más temprana luego de la inoculación del patógeno.

Por su parte, dentro del grupo de genes que estaban más expresados en Wira Pasña a las 48 hpi, se encontraron genes que codifican a proteínas de replicación A (RPA), transcriptasas reversas y proteínas de retrotransposón, los cuales fueron relacionados con funciones de proceso metabólico o biosíntesis de DNA. La mayoría de estos se encontraban más expresados en el estado basal de Sumaq Perqa, mientras que algunas transcriptasas reversas no tenían diferente expresión entre las plantas en ese tiempo. La RPA está relacionada a procesos de replicación y reparación de DNA (45), como arrojó el análisis KEGG; sin embargo, también se ha reportado que facilita la transposición de LINEs (46). A pesar de que el estudio de la función de las RPA en plantas es todavía incipiente (45) y su función en los mecanismos de retrotransposición solo se ha estudiado hasta ahora en levaduras (46,47), el haber encontrado genes de transcriptasas reversas y proteínas de retrotransposón con el mismo patrón de expresión de genes RPA podría indicar una posible relación entre estas proteínas en Wira Pasña. De todas maneras, la mayor

expresión de transcriptasas reversas y proteínas de retrotransposón indicaría una mayor participación de retrotransposones en Wira Pasña a las 48 hpi, los cuales podrían estar involucrados en los mecanismos de regulación de los genes que confieren la resistencia a *P. infestans* (48).

Si bien la mayoría de los genes que fueron relacionados a respuesta de defensa en el estado basal de Sumaq Perqa solo eran diferencialmente expresados entre las plantas en ese tiempo, algunos genes NBS-LRR fueron la excepción. Este es el caso del gen Rpi-vnt1 de resistencia a tizón tardío (49), el cual presentó una mayor expresión en Wira Pasña a las 48 hpi. En total, se encontraron tres DEGs Rpi-vnt1 (PGSC0003DMG400020588, PGSC0003DMG400024363 y PGSC0003DMG400024364), pero solo el gen PGSC0003DMG400024363 figuraba en la base de datos de Amar (23) que se utilizó para el análisis GO, encontrándose también anotado en la función de muerte celular programada aunque esta no haya resultado significativa para los genes sobre expresados a las 48 hpi. Los tres genes Rpi-vnt1 se expresaban más en el estado basal de Sumaq Perqa, siendo que dos de ellos (PGSC0003DMG400024363 y PGSC0003DMG400024364) también se expresaban más en Wira Pasña a las 48 hpi. Se sabe que los genes Rpi-vnt1 son originarios de *S. venturii*, siendo el alelo Rpi-vnt1.1 el más estudiado y utilizado para el desarrollo de nuevas variedades de papas transgénicas resistentes a *P. infestans* (49). No obstante, en *S. phureja* se han encontrado genes idénticos al alelo Rpi-vnt1.1 (50), por lo que la anotación de los DEGs como Rpi-vnt1 podría corresponder a Rpi-vnt1.1. En Wira Pasña, la expresión de los 3 genes Rpi-vnt1 aumentaba de las 0 a las 48 hpi (9), lo cual es congruente con la expresión de Rpi-vnt1.1 reportada previamente por Román ML en la planta transgénica resistente cultivar Desireé, siendo que la expresión es el doble a las 24 hpi y luego se mantiene relativamente constante hasta al menos 5 días después de la inoculación (49). Por el contrario, en Sumaq Perqa la expresión de PGSC0003DMG400024363 y PGSC0003DMG400024364 disminuye de las 0 a las 48 hpi (9), lo que podría indicar que el patógeno induce la susceptibilidad de la planta liberando efectores que suprimen la ETI (51). Si bien el gen Rpi-vnt1 es susceptible al linaje EC-1 predominante en Sudamérica, esto no sucede con la cepa POX-67 que expresa el

factor de avirulencia *Avr-vnt1.1* reconocido por *Rpi-vnt1.1* (49), por lo que es probable que este gen sea uno de los que confieren la resistencia a la cepa POX-67 en Wira Pasña.

En relación a cómo se comparan los resultados obtenidos de los análisis de enriquecimiento en este estudio con los reportados por De la Cruz (9), es importante recalcar la profundidad con la que se realizan los análisis de ontología génica (GO) para los cuatro grupos de DEGs separados por tiempo y tipo de expresión. De la Cruz solo realizó el análisis de enriquecimiento GO para los DEGs a las 48 hpi, además de utilizar la anotación de términos GO realizada por The Potato Genome Sequencing Consortium (PGSC) (9), lo que generó que muchos de los términos significativos ( $p < 0.05$ ) fueran redundantes o no específicos. Por ejemplo, para los genes sub expresados a las 48 hpi, nosotros solo reportamos como significativo el término de organela delimitada por membrana intracelular (GO:0043231) en la categoría de componentes celulares, mientras que De La Cruz reporta este y otros términos generales que lo incluyen, tales como componentes de membrana (GO:0005623), componente intracelular (GO:0005622) y componente intrínseco de membrana (GO:0031224) (9,31). Este problema se hace más evidente en la categoría de proceso biológico, dado que resultan significativos demasiados términos y son precisamente los términos generales los que presentan mayor significación, ocasionando que pasen desapercibidos términos como el de muerte celular programada (GO:0012501) y respuesta de defensa (GO:0006952), los cuales están relacionados a la resistencia de la planta frente al patógeno.

En cuanto al análisis de enriquecimiento KEGG, este no aportó la información que se esperaba en el presente estudio, probablemente debido a que eran pocos DEGs en comparación a otros trabajos (27), dando como resultado que la mayoría de genes no fueron vinculados a una vía KEGG y siendo solo relevantes las vías que contenían genes del factor de replicación A (RPA) que se sub expresaban y sobre expresaban en Wira Pasña a las 0 y 48 hpi, respectivamente. En este caso, el análisis realizado por De La Cruz para los DEGs a las 48 hpi obtuvo mejores resultados al emplear la anotación del PGSC, obteniendo más rutas KEGG significativas y diferentes a las que

nosotros encontramos; sin embargo, no menciona los genes que estaban incluidos en dichas vías metabólicas.

Por su parte, el análisis de redes PPI permitió encontrar grupos de genes con funciones similares que en su mayoría pasaron desapercibidos en los análisis de enriquecimiento. Se encontró un grupo de quinasas más expresadas en el estado basal de Wira Pasña, estando varias de ellas relacionadas a muchas otras proteínas de la red formada para ese tiempo y tipo de expresión. Algunas de estas proteínas fueron identificadas como hubs y correspondían, por ejemplo, a un receptor quinasa 1 asociado al receptor insensible de brasinoesteroides (BAK1) (PGSC0003DMG402024222), un receptor PEPR2 (PGSC0003DMG400034531) y un receptor inducido por estrés (PGSC0003DMG400029129), los cuales a las 48 hpi se sub expresaban y también fueron identificados como hubs en dicha red. Estos genes están relacionados a la señalización de respuestas de defensa y estrés (52,53), lo que indicaría que Wira Pasña tendría una mayor ventaja constitutiva que Sumaq Perqa al transcribirse estos genes de receptores incluso en ausencia del patógeno, como se ha reportado ocurre en plantas a las que se les ha introducido el gen RB de resistencia a tizón tardío (54) y el cual presenta un patrón de expresión similar al gen Rpi-vnt1 (49). Otros genes que eran sobre expresados a las 0 hpi y sub expresados a las 48 hpi correspondían a amino oxidasas (PGSC0003DMG402023368 y PGSC0003DMG400023479), que en el análisis GO fueron relacionadas a funciones de deacetilación de histonas; proteínas del complejo de proteosoma como una subunidad beta (PGSC0003DMG400013210) y un homólogo de la subunidad 6B reguladora de la proteasa 26S (PGSC0003DMG400002408); y genes de transportadores ABC identificados como proteínas asociadas a resistencia a múltiples drogas (MRP) (PGSC0003DMG400021822 y PGSC0003DMG400033641). Cabe resaltar que las MRP, ahora llamadas transportadores ABC de clase C (ABCC), han sido asociadas a la importación de conjugados hormonales y de otros metabolitos secundarios a las vacuolas (55,56), por lo que junto con la mayor expresión de UDP-glucosiltransferasas a las 0 hpi podrían estar relacionadas con el mayor almacenamiento de metabolitos glucosilados en el estado basal de Wira Pasña.

Finalmente, como resultado de los análisis de enriquecimiento GO y KEGG y los análisis de redes de interacción proteína-proteína de los DEGs a las 0 y 48 hpi, se seleccionaron 20 genes por considerarse importantes en el mecanismo de resistencia de Wira Pasña a *Phytophthora infestans* POX-67 (**ANEXO 11**). Estos genes fueron seleccionados por estar relacionados a respuestas de defensa y a la resistencia desencadenada por efectores que ocasiona la respuesta hipersensible y conlleva la muerte celular programada (genes NBS-LRR y otros genes de resistencia evidenciados en los análisis GO), por estar relacionados a la detección temprana del patógeno al ser parte del sistema inmune innato (quinasas evidenciadas en el análisis PPI) o por ser posibles reguladores de la expresión por mecanismos de retrotransposición (genes de transcriptasas reversas, proteínas de retrotransposón y RPA evidenciados en los análisis GO y KEGG). Al igual que en el trabajo de De la Cruz (9), se seleccionaron 10 genes que eran sobre expresados a las 0 hpi y sub expresados a las 48 hpi (sobre expresados WP00/SP00 y sub expresados WP48/SP48) y 10 genes sub expresados a las 0 hpi y sobre expresados a las 48 hpi (sub expresados WP00/SP00 y sobre expresados WP48/SP48). No obstante, De la Cruz no considera los resultados de los análisis de enriquecimiento GO y KEGG de los DEGs a las 48 hpi para la selección de los genes que propone, sino que únicamente se rige por las mayores magnitudes del Log<sub>2</sub>FC y por la anotación funcional realizada por el PGSC. En nuestro caso, la magnitud del Log<sub>2</sub>FC no fue considerada como criterio de selección. A pesar de estas diferencias, se coincidió en seleccionar 7 genes para el grupo de genes sobre expresados a las 0 hpi y sub expresados a las 48 hpi (PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG401007871 y PGSC0003DMG402024222) y 2 genes para el grupo de genes sub expresados a las 0 hpi y sobre expresados a las 48 hpi (PGSC0003DMG400008596, PGSC0003DMG400003380).

## VII. CONCLUSIONES

Debido a la naturaleza de la aproximación utilizada en el presente trabajo, los resultados obtenidos son preliminares y no se puede afirmar categóricamente que ciertos genes sean los responsables de la resistencia observada en Wira Pasña a la cepa POX-67 de *P. infestans*. Además, los genes que se seleccionen como posibles candidatos a resistencia deben ser evaluados por medio de otras pruebas para validar su expresión (57), determinar que codifican a una mayor cantidad de proteínas no siendo afectados por regulaciones post traduccionales (16) y finalmente evaluar la relevancia de estas proteínas en el mecanismo de resistencia de Wira Pasña a *Phytophthora infestans*. Por ello, las conclusiones a los resultados obtenidos son esencialmente directrices que ayudarán a establecer las líneas de investigación a seguir en el estudio de la resistencia de Wira Pasña a tizón tardío, más específicamente, a la cepa POX-67. Dicho esto, los hallazgos del presente trabajo indicarían que:

- Wira Pasña tendría una mayor ventaja constitutiva que Sumaq Perqa debido a la mayor expresión de genes de receptores quinasas y proteínas NBS-LRR en el estado basal, así como de proteínas involucradas en el almacenamiento de metabolitos secundarios que le servirían como defensa frente a diferentes factores bióticos.
- La resistencia a tizón tardío en Wira Pasña estaría dada por los genes NBS-LRR, siendo que aquellos que se encuentran más expresados a las 0 hpi y menos expresados a las 48 hpi participarían en la respuesta de defensa temprana a la infección, mientras que los que son menos expresados a las 0 hpi y más expresados a las 48 hpi participarían en una etapa más tardía. De estos últimos, se encontraron genes anotados como Rpi-vnt1 que se sabe confieren resistencia contra la cepa POX-67 de *P. infestans*.
- La expresión de los genes que confieren la resistencia a *P. infestans* en Wira Pasña involucraría mecanismos de retrotransposición en su regulación.

## VIII. RECOMENDACIONES

Es necesario validar los datos de RNA-seq mediante qRT-PCR (28,57,58). Para ello, se propone utilizar los 20 genes seleccionados por considerarse importantes en el mecanismo de resistencia de Wira Pasña a *Phytophthora infestans* cepa POX-67 (**ANEXO 11**). Además, se recomienda realizar un análisis de expresión en serie de tiempo dentro del intervalo 0-48 hpi para determinar el momento en el que son inducidos los genes involucrados en la respuesta hipersensible que a las 48 hpi decaen en su expresión (57).

## IX. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Savary S, Willocquet L, Pethybridge SJ, Esker P, McRoberts N, Nelson A. The global burden of pathogens and pests on major food crops. *Nat Ecol Evol.* 2019;3:430–439.
2. Whisson SC, Boevink PC, Wang S, Birch PR. The cell biology of late blight disease. *Curr Opin Microbiol.* 2016;34:127–135.
3. Forbes GA, Huarte M. La resistencia al tizón tardío como herramienta de control en los países en desarrollo. *Rev Latinoam la Papa.* 2014;18(2):36–58.
4. Rodríguez Garate VS. Evaluación de la incidencia de plagas y enfermedades en el rendimiento de 100 entradas de papas nativas (*Solanum* spp) en la comunidad campesina de Llullucha distrito de Ocongate - Quispicanchi - Cusco. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco. Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco; 2018.
5. Álvarez MF, Angarita M, Delgado MC, García C, Jiménez-Gomez J, Gebhardt C, et al. Identification of Novel Associations of Candidate Genes with Resistance to Late Blight in *Solanum tuberosum* Group *Phureja*. *Front Plant Sci.* 2017;8:1040.
6. Lozano R, Ponce O, Ramirez M, Mostajo N, Orjeda G. Genome-Wide Identification and Mapping of NBS-Encoding Resistance Genes in *Solanum tuberosum* Group *Phureja*. *PLoS One.* 2012;7(4):e34775.
7. Pérez W, Ñahui M, Ellis D, Forbes GA. Wide Phenotypic Diversity for Resistance to *Phytophthora infestans* Found in Potato Landraces from Peru. *Plant Dis.* 2014;98(11):1530–1533.
8. Pérez W, Rojas T, Alarcon L, Andrade-Piedra JL. Screening for resistance to late blight in wild potato species and landraces in greenhouse conditions in Peru. In: EuroBlight Meeting. York, United Kingdom; 2019. p. 1.
9. De la Cruz Lapa GF. Transcriptoma de *Solanum goniocalix* para la identificación de genes candidatos de resistencia al tizón tardío. [Lima]: Universidad Nacional Agraria La Molina; 2020.

10. Liu Y, Guo Y, Ma C, Zhang D, Wang C, Yang Q, et al. Transcriptome analysis of maize resistance to *Fusarium graminearum*. BMC Genomics. 2016;17:477.
11. Jayaswall K, Mahajan P, Singh G, Parmar R, Seth R, Raina A, et al. Transcriptome Analysis Reveals Candidate Genes involved in Blister Blight defense in Tea (*Camellia sinensis* (L) Kuntze). Sci Rep. 2016;6:30412.
12. Bakhtiarizadeh MR, Salehi A, Alamouti AA, Abdollahi-Arpanahi R, Salami SA. Deep transcriptome analysis using RNA-Seq suggests novel insights into molecular aspects of fat-tail metabolism in sheep. Sci Rep. 2019;9:9203.
13. Hajianfar R, Kolics B, Cernák I, Wolf I, Polgár Z, Taller J. Expression of biotic stress response genes to *Phytophthora infestans* inoculation in White Lady, a potato cultivar with race-specific resistance to late blight. Physiol Mol Plant Pathol. 2016;93:22–28.
14. Avrova AO, Boevink PC, Young V, Grenville-Briggs LJ, Van West P, Birch PRJ, et al. A novel *Phytophthora infestans* haustorium-specific membrane protein is required for infection of potato. Cell Microbiol. 2008;10(11):2271–2284.
15. Leesutthiphonchai W, Vu AL, Ah-Fong AMV, Judelson HS. How does *Phytophthora infestans* evade control efforts? Modern insight into the late blight disease. Phytopathology. 2018;108(8):916–924.
16. Kim JH, Castroverde CDM. Diversity, function and regulation of cell surface and intracellular immune receptors in *Solanaceae*. Plants. 2020;9(4):434.
17. Balint-Kurti P. The plant hypersensitive response: concepts, control and consequences. Mol Plant Pathol. 2019;20(8):1163–1178.
18. Ivanov AA, Ukladov EO, Golubeva TS. *Phytophthora infestans*: An Overview of Methods and Attempts to Combat Late Blight. J Fungi. 2021;7(12):1071.
19. Akino S, Takemoto D, Hosaka K. *Phytophthora infestans*: a review of past and current studies on potato late blight. J Gen Plant Pathol. 2014;80:24–37.
20. Rodewald J, Trognitz B. *Solanum* resistance genes against *Phytophthora*

- infestans* and their corresponding avirulence genes. *Mol Plant Pathol.* 2013;14(7):740–757.
21. Jiang R, Li J, Tian Z, Du J, Armstrong M, Baker K, et al. Potato late blight field resistance from QTL dPI09c is conferred by the NB-LRR gene R8. *J Exp Bot.* 2018;69(7):1545–1555.
  22. Peterson H, Kolberg L, Raudvere U, Kuzmin I, Vilo J. gprofiler2 -- an R package for gene list functional enrichment analysis and namespace conversion toolset g:Profiler. *F1000Research.* 2020;9(ELIXIR):709.
  23. Amar D, Frades I, Danek A, Goldberg T, Sharma SK, Hedley PE, et al. Evaluation and integration of functional annotation pipelines for newly sequenced organisms: The potato genome as a test case. *BMC Plant Biol.* 2014;14:329.
  24. Alexandersson E, Kushwaha S, Subedi A, Weighill D, Climer S, Jacobson D, et al. Linking crop traits to transcriptome differences in a progeny population of tetraploid potato. *BMC Plant Biol.* 2020;20:120.
  25. Bu D, Luo H, Huo P, Wang Z, Zhang S, He Z, et al. KOBAS-i: intelligent prioritization and exploratory visualization of biological functions for gene enrichment analysis. *Nucleic Acids Res.* 2021;49(W1):W317–W325.
  26. Zhan Y, Qu Y, Zhu L, Shen C, Feng X, Yu C. Transcriptome analysis of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) shoots reveals a crosstalk between auxin and strigolactone. *PLoS One.* 2018;13(7):e0201124.
  27. Yang X, Chen L, Yang Y, Guo X, Chen G, Xiong X, et al. Transcriptome analysis reveals that exogenous ethylene activates immune and defense responses in a high late blight resistant potato genotype. *Sci Rep.* 2020;10:21294.
  28. Sperotto RA, de Araújo Junior AT, Adamski JM, Cargnelutti D, Ricachenevsky FK, de Oliveira B-HN, et al. Deep RNAseq indicates protective mechanisms of cold-tolerant indica rice plants during early vegetative stage. *Plant Cell Rep.* 2018;37:347–375.
  29. Crosara KTB, Moffa EB, Xiao Y, Siqueira WL. Merging in-silico and in vitro salivary

- protein complex partners using the STRING database: A tutorial. *J Proteomics*. 2018;171:87–94.
30. Zhong Y, Xue X, Liu Z, Ma Y, Zeng K, Han L, et al. Developmentally Regulated Glucosylation of Bitter Triterpenoid in Cucumber by the UDP-Glucosyltransferase UGT73AM3. *Mol Plant*. 2017;10:1000–1003.
  31. Binns D, Dimmer E, Huntley R, Barrell D, O'Donovan C, Apweiler R. QuickGO: a web-based tool for Gene Ontology searching. *Bioinformatics*. 2009;25(22):3045–3046.
  32. Li L-J, Tan W-S, Li W-J, Zhu Y-B, Cheng Y-S, Ni H. *Citrus* Taste Modification Potentials by Genetic Engineering. *Int J Mol Sci*. 2019;20(24):6194.
  33. Roy A, Saraf S. Limonoids: Overview of Significant Bioactive Triterpenes Distributed in Plants Kingdom. *Biol Pharm Bull*. 2006;29(2):191–201.
  34. Li B, Wang R, Wang S, Zhang J, Chang L. Diversified Regulation of Cytokinin Levels and Signaling During *Botrytis cinerea* Infection in *Arabidopsis*. *Front Plant Sci*. 2021;12:584042.
  35. Jiskrová E, Novák O, Pospíšilová H, Holubová K, Karády M, Galuszka P, et al. Extra- and intracellular distribution of cytokinins in the leaves of monocots and dicots. *N Biotechnol*. 2016;33(5):735–742.
  36. Therezan R, Kortbeek R, Vendemiatti E, Legarrea S, de Alencar SM, Schuurink RC, et al. Introgression of the sesquiterpene biosynthesis from *Solanum habrochaites* to cultivated tomato offers insights into trichome morphology and arthropod resistance. *Planta*. 2021;254:11.
  37. Yao X, Su L, Yao Y, An L, Bai Y, Li X, et al. Isolation, sequencing of the HvnHID gene and its role in the purple-grain colour development in Tibetan hulless barley. *Czech J Genet Plant Breed*. 2022;58(1):1–9.
  38. Bizuneh GK. The chemical diversity and biological activities of phytoalexins. *Adv Tradit Med*. 2021;21(1):31–43.

39. Li L, Shen QP, Liu CB, Wang Y, Yao JJ, Zhang T, et al. Isoflavones from the leaves of *Nicotiana tabacum* and their anti-tobacco mosaic virus activities. *Phytochem Lett.* 2015;13:156–159.
40. Kebede A, Kebede M. In silico analysis of promoter region and regulatory elements of glucan endo-1,3-beta-glucosidase encoding genes in *Solanum tuberosum*: cultivar DM 1-3 516 R44. *J Genet Eng Biotechnol.* 2021;19:145.
41. Rocafort M, Fudal I, Mesarich CH. Apoplastic effector proteins of plant-associated fungi and oomycetes. *Curr Opin Plant Biol.* 2020;56:9–19.
42. Yang X, Guo X, Yang Y, Ye P, Xiong X, Liu J, et al. Gene profiling in late blight resistance in potato genotype SD20. *Int J Mol Sci.* 2018;19(6):1728.
43. Zotta-Mota AP, Vidigal B, Danchin EGJ, Coiti-Togawa R, Leal-Bertioli SCM, Bertioli DJ, et al. Comparative root transcriptome of wild *Arachis* reveals NBS-LRR genes related to nematode resistance. *BMC Plant Biol.* 2018;18:159.
44. Buerstmayr M, Wagner C, Nosenko T, Omony J, Steiner B, Nussbaumer T, et al. *Fusarium* head blight resistance in European winter wheat: insights from genome-wide transcriptome analysis. *BMC Genomics.* 2021;22:470.
45. Chowdhury S, Chowdhury AB, Kumar M, Chakraborty S. Revisiting regulatory roles of replication protein A in plant DNA metabolism. *Planta.* 2021;253:130.
46. Miyoshi T, Makino T, Moran J V. Poly(ADP-Ribose) Polymerase 2 Recruits Replication Protein A to Sites of LINE-1 Integration to Facilitate Retrotransposition. *Mol Cell.* 2019;75(6):1286–1298.
47. Li F, Lee M, Esnault C, Wendover K, Guo Y, Atkins P, et al. Identification of an integrase-independent pathway of retrotransposition. *Sci Adv.* 2022;8(26):1–17.
48. Gill RA, Scossa F, King GJ, Golicz A, Tong C, Snowdon RJ, et al. On the Role of Transposable Elements in the Regulation of Gene Expression and Subgenomic Interactions in Crop Genomes. *CRC Crit Rev Plant Sci.* 2021;40(2):157–189.
49. Roman ML, Izarra M, Lindqvist-Kreuzer H, Rivera C, Gamboa S, Tovar JC, et al.

- R/Avr gene expression study of Rpi-vnt1.1 transgenic potato resistant to the *Phytophthora infestans* clonal lineage EC-1. *Plant Cell Tissue Organ Cult.* 2017;131:259–268.
50. Foster SJ, Park TH, Pel M, Brigneti G, Sliwka J, Jagger L, et al. Rpi-vnt1.1, a Tm-2(2) homolog from *Solanum venturii*, confers resistance to potato late blight. *Mol plant-microbe Interact.* 2009;22(5):589–600.
  51. Gu B, Cao X, Zhou X, Chen Z, Wang Q, Liu W, et al. The histological, effectoromic, and transcriptomic analyses of *Solanum pinnatisectum* reveal an upregulation of multiple NBS-LRR genes suppressing *Phytophthora infestans* infection. *Int J Mol Sci.* 2020;21(9):3211.
  52. Tang D, Wang G, Zhou JM. Receptor Kinases in Plant-Pathogen Interactions: More Than Pattern Recognition. *Plant Cell.* 2017;29(4):618–637.
  53. Shang Y, Yang D, Ha Y, Hur YS, Lee MM, Nam KH. Brassinosteroid-Insensitive 1-Associated Receptor Kinase 1 Modulates Abscisic Acid Signaling by Inducing PYR1 Monomerization and Association With ABI1 in *Arabidopsis*. *Front Plant Sci.* 2022;13:849467.
  54. Gao L, Bradeen JM. Contrasting Potato Foliage and Tuber Defense Mechanisms against the Late Blight Pathogen *Phytophthora infestans*. *PLoS One.* 2016;11(7):e0159969.
  55. Borghi L, Kang J, de Brito Francisco R. Filling the gap: Functional clustering of ABC proteins for the investigation of hormonal transport in planta. *Front Plant Sci.* 2019;10:422.
  56. Yan L, Zhang J, Chen H, Luo H. Genome-wide analysis of ATP-binding cassette transporter provides insight to genes related to bioactive metabolite transportation in *Salvia miltiorrhiza*. *BMC Genomics.* 2021;22:315.
  57. He M, Zhou Y, Ye G, Zheng J, Meng Y, Wang J, et al. Serial Transcriptome Analysis Reveals Genes Associated with Late Blight Resistance in Potato Cultivar Qingshu 9. *Agronomy.* 2021 Sep 25;11(10):1919.

58. Zheng J, Yang Y, Guo X, Jin L, Xiong X, Yang X, et al. Exogenous SA Initiated Defense Response and Multi-signaling Pathway in Tetraploid Potato SD20. *Hortic Plant J.* 2020;6(2):99–110.

## ANEXOS

### ANEXO 1: Descripción de los DEGs (PGSC\_GENE). Data obtenida de De la Cruz, 2020.

177 DEG UP 00 hpi

name	description
PGSC0003DMG40000408	Xyloglucan endotransglucosylase-hydrolase XTH6 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40000408]
PGSC0003DMG40000718	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40000718]
PGSC0003DMG40000862	UDP-galactose transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40000862]
PGSC0003DMG40000996	Receptor-kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40000996]
PGSC0003DMG40001172	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40001172]
PGSC0003DMG40001203	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40001203]
PGSC0003DMG40001615	SAUR family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40001615]
PGSC0003DMG40002213	Aldehyde dehydrogenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002213]
PGSC0003DMG40002217	NBS-LRR resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002217]
PGSC0003DMG40002221	Deacetylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002221]
PGSC0003DMG40002275	Cc-nbs-lrr resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002275]
PGSC0003DMG40002276	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002276]
PGSC0003DMG40002408	26S protease regulatory subunit 6B homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002408]
PGSC0003DMG40002658	Esterase/lipase superfamily protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002658]
PGSC0003DMG40002835	Homeobox protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40002835]
PGSC0003DMG40003095	Leucoanthocyanidin dioxygenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40003095]
PGSC0003DMG40003342	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40003342]
PGSC0003DMG40003446	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40003446]
PGSC0003DMG40003811	Nutrient reservoir [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40003811]
PGSC0003DMG40004564	UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40004564]
PGSC0003DMG40004597	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40004597]
PGSC0003DMG40004599	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40004599]
PGSC0003DMG40004600	Cysteine proteinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40004600]
PGSC0003DMG40004683	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40004683]

PGSC0003DMG400004730	Reverse transcriptase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004730]
PGSC0003DMG400005098	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005098]
PGSC0003DMG400005471	6-phosphogluconolactonase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005471]
PGSC0003DMG400005961	Ribose-5-phosphate isomerase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005961]
PGSC0003DMG400006075	CYP72A56 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006075]
PGSC0003DMG400006632	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006632]
PGSC0003DMG400006722	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006722]
PGSC0003DMG400006726	Storage protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006726]
PGSC0003DMG400007271	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007271]
PGSC0003DMG400007605	NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007605]
PGSC0003DMG400007639	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007639]
PGSC0003DMG400007870	NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007870]
PGSC0003DMG400007925	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007925]
PGSC0003DMG400008245	Ulp1 protease family, C-terminal catalytic domain containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008245]
PGSC0003DMG400008628	RNase H family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008628]
PGSC0003DMG400009169	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009169]
PGSC0003DMG400010186	Kunitz-type enzyme inhibitor S9C11 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010186]
PGSC0003DMG400010231	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010231]
PGSC0003DMG400010738	E3 ubiquitin ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010738]
PGSC0003DMG400010807	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010807]
PGSC0003DMG400010984	FAR1; Polynucleotidyl transferase, Ribonuclease H fold [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010984]
PGSC0003DMG400011141	Serine carboxypeptidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011141]
PGSC0003DMG400011445	DNA-directed RNA polymerase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011445]
PGSC0003DMG400012074	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012074]
PGSC0003DMG400013018	Sigma factor sigb regulation protein rsbq [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013018]
PGSC0003DMG400013036	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013036]
PGSC0003DMG400013090	Leucine-rich repeat-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013090]
PGSC0003DMG400013161	Transducin family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013161]

PGSC0003DMG400013210	Proteasome subunit beta type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013210]
PGSC0003DMG400013730	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013730]
PGSC0003DMG400014286	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014286]
PGSC0003DMG400014299	40S ribosomal protein S15a-1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014299]
PGSC0003DMG400014504	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014504]
PGSC0003DMG400014588	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014588]
PGSC0003DMG400015040	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015040]
PGSC0003DMG400015071	Single-stranded nucleic acid binding R3H [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015071]
PGSC0003DMG400015132	Defensin J1-2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015132]
PGSC0003DMG400015342	Jasmonic acid 2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015342]
PGSC0003DMG400015480	Endonuclease/exonuclease/phosphatase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015480]
PGSC0003DMG400015707	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015707]
PGSC0003DMG400015793	Short-chain dehydrogenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015793]
PGSC0003DMG400016045	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase); Ribonuclease H [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016045]
PGSC0003DMG400016050	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016050]
PGSC0003DMG400016067	Acireductone dioxygenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016067]
PGSC0003DMG400016372	Resistance protein PSH-RGH7 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016372]
PGSC0003DMG400016650	Expansin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016650]
PGSC0003DMG400016904	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016904]
PGSC0003DMG400016931	RCG54054 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016931]
PGSC0003DMG400017185	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017185]
PGSC0003DMG400017240	Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017240]
PGSC0003DMG400017323	CYP72A56 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017323]
PGSC0003DMG400017452	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017452]
PGSC0003DMG400017640	Homeobox protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017640]
PGSC0003DMG400017997	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017997]
PGSC0003DMG400018169	Cyclin D2.1 protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018169]
PGSC0003DMG400018264	Leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018264]
PGSC0003DMG400018290	Serine/threonine-protein kinase Haspin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018290]

PGSC0003DMG400018462	Disease resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018462]
PGSC0003DMG400018713	Carbonyl reductase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018713]
PGSC0003DMG400018822	Cyclin-dependent kinases regulatory subunit [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018822]
PGSC0003DMG400019080	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019080]
PGSC0003DMG400019604	Protein phosphatase 2c [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019604]
PGSC0003DMG400019773	Sesquiterpene synthase 2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019773]
PGSC0003DMG400019774	Cytochrome P450 hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019774]
PGSC0003DMG400020153	DENN domain containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020153]
PGSC0003DMG400020636	60S ribosomal protein L10 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020636]
PGSC0003DMG400020898	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020898]
PGSC0003DMG400021247	Glutathione S-transferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021247]
PGSC0003DMG400021289	DNA-directed RNA polymerases I, II, and III 7.0 kDa polypeptide [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021289]
PGSC0003DMG400021567	UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021567]
PGSC0003DMG400021690	UDP-glucosyltransferase family 1 protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021690]
PGSC0003DMG400021728	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021728]
PGSC0003DMG400021822	Multidrug resistance protein 1, 2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021822]
PGSC0003DMG400021874	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021874]
PGSC0003DMG400021875	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021875]
PGSC0003DMG400021956	Leucine-rich repeat resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021956]
PGSC0003DMG400021985	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021985]
PGSC0003DMG400022070	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022070]
PGSC0003DMG400022094	Major latex [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022094]
PGSC0003DMG400022170	ATNMNAT (A. THALIANA NICOTINATE/NICOTINAMIDE MONONUCLEOTIDE ADENYLTRANSFERASE) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022170]
PGSC0003DMG400022592	ATP binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022592]
PGSC0003DMG400022744	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022744]
PGSC0003DMG400022818	UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022818]
PGSC0003DMG400023126	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023126]

PGSC0003DMG400023479	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023479]
PGSC0003DMG400024128	Signal recognition particle subunit srp72 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024128]
PGSC0003DMG400024134	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024134]
PGSC0003DMG400024432	Exocyst subunit EXO70 A1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024432]
PGSC0003DMG400024457	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024457]
PGSC0003DMG400024829	F-box family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024829]
PGSC0003DMG400025862	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025862]
PGSC0003DMG400026863	SET domain protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026863]
PGSC0003DMG400027259	Glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027259]
PGSC0003DMG400027455	Ribonuclease t2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027455]
PGSC0003DMG400027929	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027929]
PGSC0003DMG400028085	TNP2-like transposon protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028085]
PGSC0003DMG400028167	Stress-associated protein 9 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028167]
PGSC0003DMG400028435	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028435]
PGSC0003DMG400029128	Kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029128]
PGSC0003DMG400029129	Stress-induced receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029129]
PGSC0003DMG400029132	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029132]
PGSC0003DMG400029474	Cytochrome P450 monooxygenase CYP82E3 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029474]
PGSC0003DMG400029504	Hero resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029504]
PGSC0003DMG400029523	Major latex [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029523]
PGSC0003DMG400029801	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029801]
PGSC0003DMG400030210	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030210]
PGSC0003DMG400030804	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030804]
PGSC0003DMG400031000	Nucleoredoxin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031000]
PGSC0003DMG400031156	Ankyrin repeat-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031156]
PGSC0003DMG400031423	Cytochrome P450-dependent fatty acid hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031423]
PGSC0003DMG400031515	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031515]
PGSC0003DMG400031850	2-Hydroxyisoflavanone dehydratase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031850]
PGSC0003DMG400032496	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400032496]

PGSC0003DMG400032516	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400032516]
PGSC0003DMG400033340	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033340]
PGSC0003DMG400033348	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033348]
PGSC0003DMG400033641	Multidrug resistance-associated protein 1, 3 (Mrp1, 3), abc-transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033641]
PGSC0003DMG400033643	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033643]
PGSC0003DMG400034531	Leucine-rich repeat receptor kinase PEPR2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034531]
PGSC0003DMG400035539	Sugar transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400035539]
PGSC0003DMG400037235	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037235]
PGSC0003DMG400037309	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037309]
PGSC0003DMG400037460	Pto [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037460]
PGSC0003DMG400037923	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037923]
PGSC0003DMG400042461	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400042461]
PGSC0003DMG400047102	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400047102]
PGSC0003DMG401007871	NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401007871]
PGSC0003DMG401012062	Bacterial spot disease resistance protein 4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401012062]
PGSC0003DMG401013613	RWP-RK domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401013613]
PGSC0003DMG401014189	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401014189]
PGSC0003DMG401015009	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401015009]
PGSC0003DMG401019239	ATP binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401019239]
PGSC0003DMG401022708	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401022708]
PGSC0003DMG401023369	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401023369]
PGSC0003DMG401024222	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401024222]
PGSC0003DMG401025785	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401025785]
PGSC0003DMG401030805	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401030805]
PGSC0003DMG401030815	Alcohol dehydrogenase-like 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401030815]
PGSC0003DMG401032256	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401032256]
PGSC0003DMG401032501	RWP-RK domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401032501]
PGSC0003DMG402007888	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402007888]

PGSC0003DMG402012062	N protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402012062]
PGSC0003DMG402016602	Tospovirus resistance protein C [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402016602]
PGSC0003DMG402017239	Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402017239]
PGSC0003DMG402017241	Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402017241]
PGSC0003DMG402017380	NOI [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402017380]
PGSC0003DMG402022579	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402022579]
PGSC0003DMG402023368	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402023368]
PGSC0003DMG402024222	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402024222]
PGSC0003DMG402025828	Beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402025828]
PGSC0003DMG402030822	Glycosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402030822]
PGSC0003DMG402032256	Pre-pro-cysteine proteinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402032256]
PGSC0003DMG403029631	F-box family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG403029631]

#### 223 DEG DOWN 00 hpi

name	description
PGSC0003DMG400000325	Ultraviolet-B-repressible protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400000325]
PGSC0003DMG400000511	Class III peroxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400000511]
PGSC0003DMG400000655	Serine/threonine-protein phosphatase 7 long form homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400000655]
PGSC0003DMG400000771	Protein MKS1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400000771]
PGSC0003DMG400001074	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001074]
PGSC0003DMG400001269	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001269]
PGSC0003DMG400001430	SPX, N-terminal; EXS, C-terminal [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001430]
PGSC0003DMG400001546	F-box family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001546]
PGSC0003DMG400001559	Transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001559]
PGSC0003DMG400001700	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001700]
PGSC0003DMG400002288	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002288]
PGSC0003DMG400002296	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002296]
PGSC0003DMG400002427	Bacterial spot disease resistance protein 4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002427]
PGSC0003DMG400002433	F-Box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002433]
PGSC0003DMG400002847	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002847]
PGSC0003DMG400002871	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002871]

PGSC0003DMG400002886	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002886]
PGSC0003DMG400003084	Two-component response regulator ARR8 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003084]
PGSC0003DMG400003345	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003345]
PGSC0003DMG400003380	Late blight resistance protein homolog R1A-4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003380]
PGSC0003DMG400003812	Hydrolase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003812]
PGSC0003DMG400004109	Xyloglucan endotransglycosylase hydrolase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004109]
PGSC0003DMG400004420	Transposon protein, CACTA, En/Spm sub-class [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004420]
PGSC0003DMG400004465	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004465]
PGSC0003DMG400004667	Rhg4-like receptor kinase II [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004667]
PGSC0003DMG400004690	Metal ion binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004690]
PGSC0003DMG400004979	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004979]
PGSC0003DMG400005577	NB-ARC domain containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005577]
PGSC0003DMG400005590	Disease resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005590]
PGSC0003DMG400005666	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005666]
PGSC0003DMG400006101	Acyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006101]
PGSC0003DMG400007302	Heat shock protein binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007302]
PGSC0003DMG400007389	CBL-interacting protein kinase 6 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007389]
PGSC0003DMG400007469	NRC1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007469]
PGSC0003DMG400007664	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007664]
PGSC0003DMG400007666	Orf120a protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007666]
PGSC0003DMG400007679	Lipase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007679]
PGSC0003DMG400007741	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007741]
PGSC0003DMG400007755	SFBBbeta protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007755]
PGSC0003DMG400007876	Ethylene-inducing xylanase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007876]
PGSC0003DMG400007960	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007960]
PGSC0003DMG400008035	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008035]
PGSC0003DMG400008166	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008166]
PGSC0003DMG400008368	Beta-1,3-glucanase, acidic [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008368]
PGSC0003DMG400008593	Flavonoid glucosyltransferase UGT73E2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008593]

PGSC0003DMG400008596	Cc-nbs-lrr resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008596]
PGSC0003DMG400009035	Heat shock protein binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009035]
PGSC0003DMG400009638	Sinapyl alcohol dehydrogenase 2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009638]
PGSC0003DMG400009689	Protein kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009689]
PGSC0003DMG400009837	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009837]
PGSC0003DMG400010050	Proline oxidase/dehydrogenase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010050]
PGSC0003DMG400010320	11S globulin isoform 4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010320]
PGSC0003DMG400010464	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010464]
PGSC0003DMG400010923	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010923]
PGSC0003DMG400011033	Abscisic acid receptor PYL4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011033]
PGSC0003DMG400011355	UPF0497 membrane protein 6 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011355]
PGSC0003DMG400011517	HJTR2GH1 protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011517]
PGSC0003DMG400011639	Amino acid transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011639]
PGSC0003DMG400011670	Transposon protein, CACTA, En/Spm sub-class [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011670]
PGSC0003DMG400011724	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011724]
PGSC0003DMG400012083	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012083]
PGSC0003DMG400012398	NADPH oxidoreductase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012398]
PGSC0003DMG400012466	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012466]
PGSC0003DMG400012502	Non-LTR retroelement reverse transcriptase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012502]
PGSC0003DMG400012527	Dehydration-responsive element-binding protein 1B [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012527]
PGSC0003DMG400012577	Erg-1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012577]
PGSC0003DMG400012950	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012950]
PGSC0003DMG400013009	Mob1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013009]
PGSC0003DMG400013109	Metal transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013109]
PGSC0003DMG400013225	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013225]
PGSC0003DMG400013478	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013478]
PGSC0003DMG400013559	UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013559]
PGSC0003DMG400013975	Xyloglucan endotransglycosylase/hydrolase XTH-6 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013975]

PGSC0003DMG400014369	Dimethylallyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014369]
PGSC0003DMG400014384	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014384]
PGSC0003DMG400014468	MtN19 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014468]
PGSC0003DMG400014589	Calmodulin binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014589]
PGSC0003DMG400014644	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014644]
PGSC0003DMG400014657	Glutathione S-transferase/peroxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014657]
PGSC0003DMG400014770	N-hydroxycinnamoyl-CoA:tyramine N-hydroxycinnamoyl transferase THT7-8 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014770]
PGSC0003DMG400015123	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015123]
PGSC0003DMG400015355	Monoxygenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015355]
PGSC0003DMG400015413	Ndr kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015413]
PGSC0003DMG400015687	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015687]
PGSC0003DMG400015727	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015727]
PGSC0003DMG400015878	NRC1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015878]
PGSC0003DMG400016015	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016015]
PGSC0003DMG400016257	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016257]
PGSC0003DMG400016324	ATBET12 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016324]
PGSC0003DMG400016551	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016551]
PGSC0003DMG400017234	Auxin-induced protein 5NG4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017234]
PGSC0003DMG400017246	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017246]
PGSC0003DMG400017550	Glycine-rich protein TomR2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017550]
PGSC0003DMG400017974	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017974]
PGSC0003DMG400018253	Leucine rich repeat-type serine/threonine receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018253]
PGSC0003DMG400018417	UDP-glucosyltransferase family 1 protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018417]
PGSC0003DMG400018635	Expansin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018635]
PGSC0003DMG400018934	Anthranilate N-hydroxycinnamoyl/benzoyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018934]
PGSC0003DMG400019210	DELLA domain GRAS family transcription factor rga [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019210]
PGSC0003DMG400019267	Serine/threonine-specific protein kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019267]
PGSC0003DMG400019558	Stromal antigen [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019558]
PGSC0003DMG400020376	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020376]

PGSC0003DMG400020377	70 kDa subunit of replication protein A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020377]
PGSC0003DMG400020391	Multidrug resistance pump [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020391]
PGSC0003DMG400020588	Rpi-vnt1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020588]
PGSC0003DMG400021397	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021397]
PGSC0003DMG400021574	21kD protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021574]
PGSC0003DMG400021726	Furin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021726]
PGSC0003DMG400021749	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021749]
PGSC0003DMG400021783	Non-LTR retroelement reverse transcriptase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021783]
PGSC0003DMG400022069	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022069]
PGSC0003DMG400022252	GPI-anchored protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022252]
PGSC0003DMG400022608	Transferase, transferring glycosyl groups [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022608]
PGSC0003DMG400022699	Resistance gene [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022699]
PGSC0003DMG400022859	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022859]
PGSC0003DMG400022869	Membrane protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022869]
PGSC0003DMG400022888	Salt responsive protein 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022888]
PGSC0003DMG400023288	Rpi protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023288]
PGSC0003DMG400023419	Receptor kinase THESEUS 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023419]
PGSC0003DMG400023485	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023485]
PGSC0003DMG400023680	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023680]
PGSC0003DMG400023762	Globulin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023762]
PGSC0003DMG400023764	Globulin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023764]
PGSC0003DMG400023826	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023826]
PGSC0003DMG400023949	Abscisic acid receptor PYL4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023949]
PGSC0003DMG400024097	Sterol glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024097]
PGSC0003DMG400024120	Peptide transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024120]
PGSC0003DMG400024243	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024243]
PGSC0003DMG400024277	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024277]
PGSC0003DMG400024287	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024287]
PGSC0003DMG400024363	Rpi-vnt1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024363]
PGSC0003DMG400024364	Rpi-vnt1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024364]

PGSC0003DMG400024677	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024677]
PGSC0003DMG400024749	Rapid alkalization factor 2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024749]
PGSC0003DMG400024786	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024786]
PGSC0003DMG400024980	Polyprotein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024980]
PGSC0003DMG400025108	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025108]
PGSC0003DMG400025303	MYBR domain class transcription factor [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025303]
PGSC0003DMG400025418	Retrotransposon protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025418]
PGSC0003DMG400025470	Aspartic proteinase nepenthesin-1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025470]
PGSC0003DMG400025547	Late blight resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025547]
PGSC0003DMG400025686	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025686]
PGSC0003DMG400025772	Tip120 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025772]
PGSC0003DMG400026063	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026063]
PGSC0003DMG400026188	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026188]
PGSC0003DMG400026289	Lipid binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026289]
PGSC0003DMG400026359	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026359]
PGSC0003DMG400026411	Ubiquitin-associated uba/ubx domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026411]
PGSC0003DMG400026434	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026434]
PGSC0003DMG400026566	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026566]
PGSC0003DMG400026750	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026750]
PGSC0003DMG400026876	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026876]
PGSC0003DMG400026877	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026877]
PGSC0003DMG400026892	Poly(A) polymerase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026892]
PGSC0003DMG400027225	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027225]
PGSC0003DMG400027530	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027530]
PGSC0003DMG400027638	Mutator transposase-like polypeptide [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027638]
PGSC0003DMG400027639	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027639]
PGSC0003DMG400027759	U-box domain-containing protein 16 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027759]
PGSC0003DMG400027852	Glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027852]

PGSC0003DMG400028185	Metal ion binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028185]
PGSC0003DMG400028254	SAUR family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028254]
PGSC0003DMG400028873	TNP2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028873]
PGSC0003DMG400029246	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029246]
PGSC0003DMG400029750	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029750]
PGSC0003DMG400029752	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029752]
PGSC0003DMG400029822	Replication factor A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029822]
PGSC0003DMG400029852	Type-a response regulator [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029852]
PGSC0003DMG400030140	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030140]
PGSC0003DMG400030220	Protein cbxX, chromosomal [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030220]
PGSC0003DMG400030581	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030581]
PGSC0003DMG400030663	Hydroxyproline-rich glycoprotein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030663]
PGSC0003DMG400030994	Polygalacturonase-1 non-catalytic subunit beta [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030994]
PGSC0003DMG400031019	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031019]
PGSC0003DMG400031032	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031032]
PGSC0003DMG400031267	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031267]
PGSC0003DMG400031271	AAA ATPase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031271]
PGSC0003DMG400031274	S haplotype-specific F-box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031274]
PGSC0003DMG400031277	F-box domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031277]
PGSC0003DMG400031278	F-box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031278]
PGSC0003DMG400031279	F-box domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031279]
PGSC0003DMG400031303	F-box domain containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031303]
PGSC0003DMG400031310	Cyclin-dependent protein kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031310]
PGSC0003DMG400031420	Cytokinin oxidase/dehydrogenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031420]
PGSC0003DMG400031541	TNP2-like transposon protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031541]
PGSC0003DMG400031547	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031547]
PGSC0003DMG400031548	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031548]
PGSC0003DMG400031758	Phospholipase A1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031758]

PGSC0003DMG400032590	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400032590]
PGSC0003DMG400033160	TMV resistance protein N [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033160]
PGSC0003DMG400033357	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033357]
PGSC0003DMG400034093	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034093]
PGSC0003DMG400034710	Purine transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034710]
PGSC0003DMG400035643	Drought-induced protein SDi [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400035643]
PGSC0003DMG400036554	F-box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400036554]
PGSC0003DMG400037701	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037701]
PGSC0003DMG400038425	CG15040 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400038425]
PGSC0003DMG400040013	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040013]
PGSC0003DMG400040510	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040510]
PGSC0003DMG400040729	FERONIA receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040729]
PGSC0003DMG400042297	Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400042297]
PGSC0003DMG400043830	Autoinhibited calcium ATPase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400043830]
PGSC0003DMG400045937	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400045937]
PGSC0003DMG401013738	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401013738]
PGSC0003DMG401015362	ATORC3/ORC3 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401015362]
PGSC0003DMG401017089	NBS-LRR type resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401017089]
PGSC0003DMG401018257	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401018257]
PGSC0003DMG401021841	Replication factor A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401021841]
PGSC0003DMG401026585	ATP binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401026585]
PGSC0003DMG401029613	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401029613]
PGSC0003DMG401030580	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401030580]
PGSC0003DMG401031520	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401031520]
PGSC0003DMG401033165	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401033165]
PGSC0003DMG402002919	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402002919]
PGSC0003DMG402009818	RGC1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402009818]
PGSC0003DMG402013738	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402013738]
PGSC0003DMG402017089	NBS-coding resistance gene analog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402017089]

PGSC0003DMG402018777	LEDI-5c protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402018777]
PGSC0003DMG402019255	Pectinesterase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402019255]
PGSC0003DMG402023052	F-box domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402023052]
PGSC0003DMG402028118	FK506-binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402028118]
PGSC0003DMG402031520	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402031520]
PGSC0003DMG403029613	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG403029613]

### 135 DEG UP 48 hpi

name	description
PGSC0003DMG40000325	Ultraviolet-B-repressible protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40000325]
PGSC0003DMG40000655	Serine/threonine-protein phosphatase 7 long form homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG40000655]
PGSC0003DMG400001269	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001269]
PGSC0003DMG400001845	Purine transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001845]
PGSC0003DMG400002427	Bacterial spot disease resistance protein 4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002427]
PGSC0003DMG400002433	F-Box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002433]
PGSC0003DMG400002847	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002847]
PGSC0003DMG400002871	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002871]
PGSC0003DMG400002886	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002886]
PGSC0003DMG400003345	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003345]
PGSC0003DMG400003380	Late blight resistance protein homolog R1A-4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003380]
PGSC0003DMG400003936	Primary amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003936]
PGSC0003DMG400004420	Transposon protein, CACTA, En/Spm sub-class [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004420]
PGSC0003DMG400004465	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004465]
PGSC0003DMG400004979	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004979]
PGSC0003DMG400005060	Anthranilate N-benzoyltransferase protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005060]
PGSC0003DMG400005577	NB-ARC domain containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005577]
PGSC0003DMG400005590	Disease resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005590]
PGSC0003DMG400005731	Lipid transfer protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005731]
PGSC0003DMG400006727	Cyclic nucleotide-gated ion channel 15 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006727]
PGSC0003DMG400006933	SET protein, phosphatase 2A inhibitor [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006933]

PGSC0003DMG400007066	Gamma-glutamylhydrolase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007066]
PGSC0003DMG400007469	NRC1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007469]
PGSC0003DMG400007664	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007664]
PGSC0003DMG400007666	Orf120a protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007666]
PGSC0003DMG400007755	SFBBbeta protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007755]
PGSC0003DMG400008593	Flavonoid glucosyltransferase UGT73E2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008593]
PGSC0003DMG400008596	Cc-nbs-lrr resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008596]
PGSC0003DMG400009326	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009326]
PGSC0003DMG400010320	11S globulin isoform 4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010320]
PGSC0003DMG400010867	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010867]
PGSC0003DMG400011517	HJTR2GH1 protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011517]
PGSC0003DMG400011670	Transposon protein, CACTA, En/Spm sub-class [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011670]
PGSC0003DMG400011724	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011724]
PGSC0003DMG400011989	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011989]
PGSC0003DMG400012083	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012083]
PGSC0003DMG400012466	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012466]
PGSC0003DMG400012950	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012950]
PGSC0003DMG400013109	Metal transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013109]
PGSC0003DMG400013120	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013120]
PGSC0003DMG400013171	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013171]
PGSC0003DMG400013225	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013225]
PGSC0003DMG400013346	RNApol24 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013346]
PGSC0003DMG400013478	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013478]
PGSC0003DMG400013559	UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013559]
PGSC0003DMG400014369	Dimethylallyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014369]
PGSC0003DMG400014468	MtN19 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014468]
PGSC0003DMG400014589	Calmodulin binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014589]
PGSC0003DMG400014736	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014736]
PGSC0003DMG400014767	CND41, chloroplast nucleoid DNA binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014767]

PGSC0003DMG400015727	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015727]
PGSC0003DMG400015872	NBS-LRR type resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015872]
PGSC0003DMG400017234	Auxin-induced protein 5NG4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017234]
PGSC0003DMG400017246	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017246]
PGSC0003DMG400017330	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017330]
PGSC0003DMG400017508	UDP-glucose:solanidine glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017508]
PGSC0003DMG400018253	Leucine rich repeat-type serine/threonine receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018253]
PGSC0003DMG400019558	Stromal antigen [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019558]
PGSC0003DMG400020377	70 kDa subunit of replication protein A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020377]
PGSC0003DMG400021397	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021397]
PGSC0003DMG400021726	Furin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021726]
PGSC0003DMG400021749	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021749]
PGSC0003DMG400021831	Inositol-3-phosphate synthase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021831]
PGSC0003DMG400021882	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021882]
PGSC0003DMG400022069	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022069]
PGSC0003DMG400022699	Resistance gene [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022699]
PGSC0003DMG400022859	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022859]
PGSC0003DMG400023485	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023485]
PGSC0003DMG400023762	Globulin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023762]
PGSC0003DMG400023826	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023826]
PGSC0003DMG400024005	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024005]
PGSC0003DMG400024277	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024277]
PGSC0003DMG400024287	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024287]
PGSC0003DMG400024363	Rpi-vnt1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024363]
PGSC0003DMG400024364	Rpi-vnt1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024364]
PGSC0003DMG400024980	Polyprotein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024980]
PGSC0003DMG400025108	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025108]
PGSC0003DMG400025418	Retrotransposon protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025418]
PGSC0003DMG400025444	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025444]

PGSC0003DMG400025547	Late blight resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025547]
PGSC0003DMG400025686	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025686]
PGSC0003DMG400025772	Tip120 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025772]
PGSC0003DMG400026063	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026063]
PGSC0003DMG400026556	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026556]
PGSC0003DMG400026566	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026566]
PGSC0003DMG400026876	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026876]
PGSC0003DMG400026877	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026877]
PGSC0003DMG400027530	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027530]
PGSC0003DMG400027638	Mutator transposase-like polypeptide [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027638]
PGSC0003DMG400027639	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027639]
PGSC0003DMG400028873	TNP2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028873]
PGSC0003DMG400029750	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029750]
PGSC0003DMG400029752	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029752]
PGSC0003DMG400029822	Replication factor A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029822]
PGSC0003DMG400030149	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030149]
PGSC0003DMG400030581	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030581]
PGSC0003DMG400031032	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031032]
PGSC0003DMG400031267	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031267]
PGSC0003DMG400031271	AAA ATPase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031271]
PGSC0003DMG400031274	S haplotype-specific F-box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031274]
PGSC0003DMG400031277	F-box domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031277]
PGSC0003DMG400031278	F-box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031278]
PGSC0003DMG400031279	F-box domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031279]
PGSC0003DMG400031303	F-box domain containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031303]
PGSC0003DMG400031541	TNP2-like transposon protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031541]
PGSC0003DMG400031547	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031547]
PGSC0003DMG400033357	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033357]
PGSC0003DMG400034093	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034093]

PGSC0003DMG400034710	Purine transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034710]
PGSC0003DMG400036554	F-box protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400036554]
PGSC0003DMG400036825	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400036825]
PGSC0003DMG400037701	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037701]
PGSC0003DMG400038425	CG15040 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400038425]
PGSC0003DMG400040013	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040013]
PGSC0003DMG400040086	Regulator of ribonuclease activity A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040086]
PGSC0003DMG400040510	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040510]
PGSC0003DMG400040729	FERONIA receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040729]
PGSC0003DMG400042297	Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400042297]
PGSC0003DMG400045937	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400045937]
PGSC0003DMG401004946	S-locus-specific glycoprotein S13 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401004946]
PGSC0003DMG401013738	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401013738]
PGSC0003DMG401017241	Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401017241]
PGSC0003DMG401021681	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401021681]
PGSC0003DMG401021841	Replication factor A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401021841]
PGSC0003DMG401022140	Mitochondrial import receptor subunit TOM20 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401022140]
PGSC0003DMG401028834	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401028834]
PGSC0003DMG401029613	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401029613]
PGSC0003DMG401031172	PRA1 family protein F3 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401031172]
PGSC0003DMG401031520	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401031520]
PGSC0003DMG402015976	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402015976]
PGSC0003DMG402018777	LEDI-5c protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402018777]
PGSC0003DMG402028118	FK506-binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402028118]
PGSC0003DMG402031520	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402031520]
PGSC0003DMG403029613	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG403029613]
PGSC0003DMG404008678	Protein kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG404008678]

166 DEG DOWN 48 hpi

name	description
------	-------------

PGSC0003DMG400000862	UDP-galactose transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400000862]
PGSC0003DMG400000996	Receptor-kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400000996]
PGSC0003DMG400001172	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001172]
PGSC0003DMG400001681	Phosphatidylinositol n-acetylglucosaminyltransferase subunit p [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001681]
PGSC0003DMG400001915	Flavonoid 3-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001915]
PGSC0003DMG400002091	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002091]
PGSC0003DMG400002217	NBS-LRR resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002217]
PGSC0003DMG400002221	Deacetylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002221]
PGSC0003DMG400002276	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002276]
PGSC0003DMG400002408	26S protease regulatory subunit 6B homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002408]
PGSC0003DMG400002658	Esterase/lipase superfamily protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002658]
PGSC0003DMG400003342	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003342]
PGSC0003DMG400003446	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003446]
PGSC0003DMG400003544	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003544]
PGSC0003DMG400003811	Nutrient reservoir [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003811]
PGSC0003DMG400004599	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004599]
PGSC0003DMG400004600	Cysteine proteinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004600]
PGSC0003DMG400004683	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004683]
PGSC0003DMG400004730	Reverse transcriptase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004730]
PGSC0003DMG400005098	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005098]
PGSC0003DMG400005471	6-phosphogluconolactonase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400005471]
PGSC0003DMG400006075	CYP72A56 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006075]
PGSC0003DMG400006296	Tospovirus resistance protein A [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006296]
PGSC0003DMG400006632	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006632]
PGSC0003DMG400006722	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006722]
PGSC0003DMG400006737	Cold-induced glucosyl transferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400006737]
PGSC0003DMG400007271	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007271]
PGSC0003DMG400007547	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007547]

PGSC0003DMG400007605	NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007605]
PGSC0003DMG400007639	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007639]
PGSC0003DMG400007870	NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007870]
PGSC0003DMG400007925	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400007925]
PGSC0003DMG400008628	RNase H family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400008628]
PGSC0003DMG400009169	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009169]
PGSC0003DMG400009959	Ornithine decarboxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009959]
PGSC0003DMG400010213	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010213]
PGSC0003DMG400010427	Kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010427]
PGSC0003DMG400010738	E3 ubiquitin ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400010738]
PGSC0003DMG400012074	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012074]
PGSC0003DMG400012174	ATP binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012174]
PGSC0003DMG400013036	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013036]
PGSC0003DMG400013090	Leucine-rich repeat-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013090]
PGSC0003DMG400013161	Transducin family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013161]
PGSC0003DMG400013210	Proteasome subunit beta type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013210]
PGSC0003DMG400013730	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013730]
PGSC0003DMG400014286	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014286]
PGSC0003DMG400014299	40S ribosomal protein S15a-1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014299]
PGSC0003DMG400014588	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014588]
PGSC0003DMG400015040	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015040]
PGSC0003DMG400015071	Single-stranded nucleic acid binding R3H [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015071]
PGSC0003DMG400015307	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015307]
PGSC0003DMG400015480	Endonuclease/exonuclease/phosphatase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015480]
PGSC0003DMG400015707	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400015707]
PGSC0003DMG400016023	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016023]
PGSC0003DMG400016045	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase); Ribonuclease H [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016045]
PGSC0003DMG400016067	Acireductone dioxygenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016067]

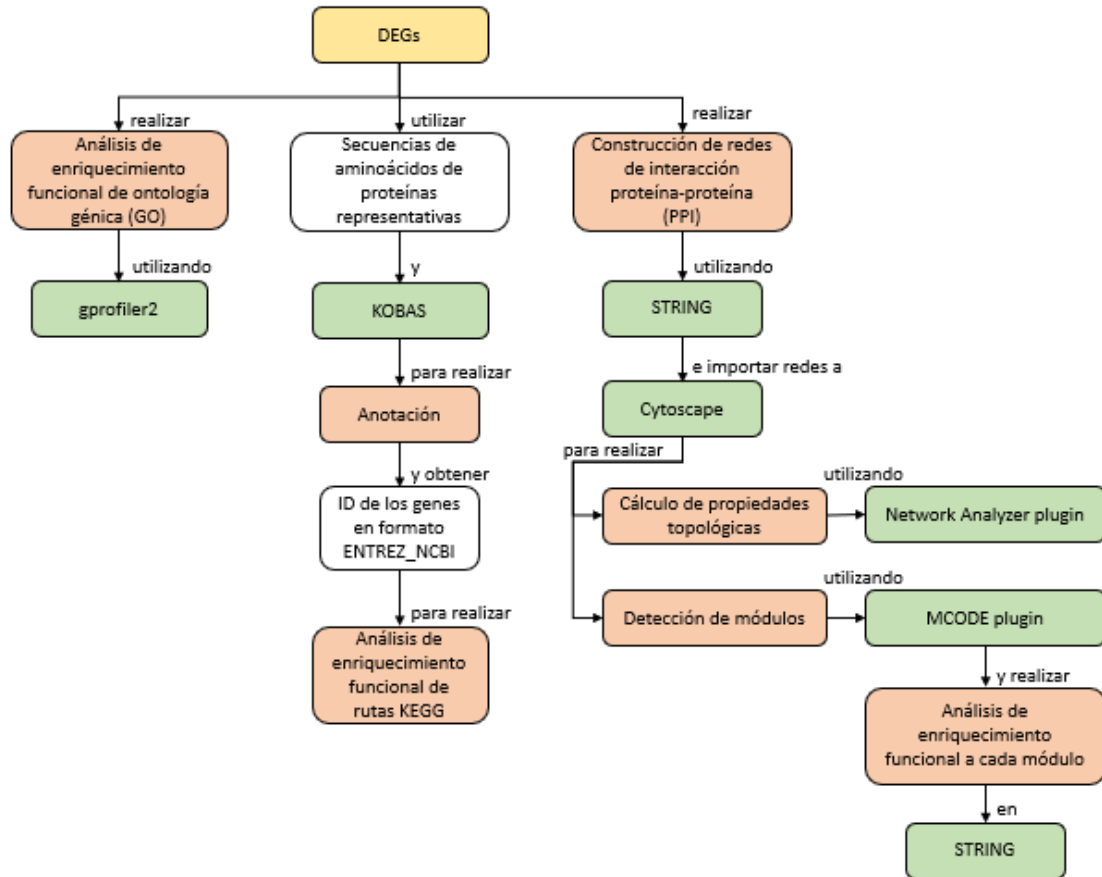
PGSC0003DMG400016372	Resistance protein PSH-RGH7 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016372]
PGSC0003DMG400016517	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016517]
PGSC0003DMG400016518	Succinic semialdehyde reductase isoform2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016518]
PGSC0003DMG400016904	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400016904]
PGSC0003DMG400017185	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017185]
PGSC0003DMG400017240	Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017240]
PGSC0003DMG400017277	Receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017277]
PGSC0003DMG400017323	CYP72A56 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017323]
PGSC0003DMG400017452	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400017452]
PGSC0003DMG400018000	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018000]
PGSC0003DMG400018169	Cyclin D2.1 protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018169]
PGSC0003DMG400018290	Serine/threonine-protein kinase Haspin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018290]
PGSC0003DMG400018462	Disease resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018462]
PGSC0003DMG400018822	Cyclin-dependent kinases regulatory subunit [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018822]
PGSC0003DMG400019080	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019080]
PGSC0003DMG400019506	Thioredoxin II [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019506]
PGSC0003DMG400019604	Protein phosphatase 2c [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019604]
PGSC0003DMG400019774	Cytochrome P450 hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019774]
PGSC0003DMG400020153	DENN domain containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020153]
PGSC0003DMG400020636	60S ribosomal protein L10 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020636]
PGSC0003DMG400021247	Glutathione S-transferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021247]
PGSC0003DMG400021270	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021270]
PGSC0003DMG400021289	DNA-directed RNA polymerases I, II, and III 7.0 kDa polypeptide [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021289]
PGSC0003DMG400021567	UDP-glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021567]
PGSC0003DMG400021728	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021728]
PGSC0003DMG400021822	Multidrug resistance protein 1, 2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021822]
PGSC0003DMG400021867	Cyprosin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021867]
PGSC0003DMG400021874	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021874]

PGSC0003DMG400021875	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021875]
PGSC0003DMG400021956	Leucine-rich repeat resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021956]
PGSC0003DMG400021985	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021985]
PGSC0003DMG400022070	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022070]
PGSC0003DMG400022083	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022083]
PGSC0003DMG400022094	Major latex [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022094]
PGSC0003DMG400022170	ATNMNAT (A. THALIANA NICOTINATE/NICOTINAMIDE MONONUCLEOTIDE ADENYLTRANSFERASE) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022170]
PGSC0003DMG400022355	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022355]
PGSC0003DMG400022592	ATP binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022592]
PGSC0003DMG400022744	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022744]
PGSC0003DMG400022961	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022961]
PGSC0003DMG400023126	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023126]
PGSC0003DMG400023479	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023479]
PGSC0003DMG400024134	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024134]
PGSC0003DMG400024377	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024377]
PGSC0003DMG400024432	Exocyst subunit EXO70 A1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024432]
PGSC0003DMG400024644	101 kDa heat shock protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024644]
PGSC0003DMG400024829	F-box family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400024829]
PGSC0003DMG400025333	Short chain alcohol dehydrogenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025333]
PGSC0003DMG400026863	SET domain protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026863]
PGSC0003DMG400026864	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026864]
PGSC0003DMG400026872	Splicing factor 3B subunit [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026872]
PGSC0003DMG400027455	Ribonuclease t2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027455]
PGSC0003DMG400027614	Cell wall peroxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027614]
PGSC0003DMG400027929	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400027929]
PGSC0003DMG400028085	TNP2-like transposon protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028085]
PGSC0003DMG400028435	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028435]
PGSC0003DMG400029128	Kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029128]

PGSC0003DMG400029129	Stress-induced receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029129]
PGSC0003DMG400029132	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029132]
PGSC0003DMG400029362	Potassium transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029362]
PGSC0003DMG400029474	Cytochrome P450 monooxygenase CYP82E3 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029474]
PGSC0003DMG400029504	Hero resistance protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029504]
PGSC0003DMG400029523	Major latex [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029523]
PGSC0003DMG400029801	Ubiquitin-protein ligase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029801]
PGSC0003DMG400030470	RAB6-interacting protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030470]
PGSC0003DMG400031156	Ankyrin repeat-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031156]
PGSC0003DMG400031515	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031515]
PGSC0003DMG400031521	Tospovirus resistance protein B [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031521]
PGSC0003DMG400031522	Peptidylprolyl isomerase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031522]
PGSC0003DMG400031557	Translocation transactivator/inclusion body protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031557]
PGSC0003DMG400031822	Kinesin heavy chain [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400031822]
PGSC0003DMG400032496	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400032496]
PGSC0003DMG400032516	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400032516]
PGSC0003DMG400033042	Abc transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033042]
PGSC0003DMG400033348	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033348]
PGSC0003DMG400033641	Multidrug resistance-associated protein 1, 3 (Mrp1, 3), abc- transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033641]
PGSC0003DMG400034531	Leucine-rich repeat receptor kinase PEPR2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034531]
PGSC0003DMG400035539	Sugar transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400035539]
PGSC0003DMG400037235	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037235]
PGSC0003DMG400037309	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037309]
PGSC0003DMG400037627	F-box family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037627]
PGSC0003DMG400037923	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037923]
PGSC0003DMG400042128	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400042128]
PGSC0003DMG400042461	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400042461]
PGSC0003DMG400043507	Cation-transporting atpase plant [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400043507]

PGSC0003DMG400047102	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400047102]
PGSC0003DMG401007871	NBS-LRR protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401007871]
PGSC0003DMG401012062	Bacterial spot disease resistance protein 4 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401012062]
PGSC0003DMG401013613	RWP-RK domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401013613]
PGSC0003DMG401014864	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401014864]
PGSC0003DMG401015009	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401015009]
PGSC0003DMG401019771	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401019771]
PGSC0003DMG401022708	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401022708]
PGSC0003DMG401023369	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401023369]
PGSC0003DMG401024222	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401024222]
PGSC0003DMG401025785	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401025785]
PGSC0003DMG401030805	UDP-glucose:glucosyltransferase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401030805]
PGSC0003DMG401030815	Alcohol dehydrogenase-like 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401030815]
PGSC0003DMG401032256	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase) [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401032256]
PGSC0003DMG401032501	RWP-RK domain-containing protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401032501]
PGSC0003DMG402007888	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402007888]
PGSC0003DMG402012062	N protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402012062]
PGSC0003DMG402016602	Tospovirus resistance protein C [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402016602]
PGSC0003DMG402017239	Desacetoxyvindoline 4-hydroxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402017239]
PGSC0003DMG402017380	NOI [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402017380]
PGSC0003DMG402022579	Gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402022579]
PGSC0003DMG402023368	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402023368]
PGSC0003DMG402024222	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402024222]
PGSC0003DMG402025828	Beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402025828]
PGSC0003DMG402032256	Pre-pro-cysteine proteinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402032256]
PGSC0003DMG403029631	F-box family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG403029631]

## ANEXO 2: Flujograma de la metodología



**ANEXO 3: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sobre expresados a las 0 hpi (WP00-SP00 UP).** Solo se muestran los términos GO significativos (p-value adj. < 0.05)

GO: Proceso Biológico DEG 00 UP

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_BP	metabolic process	GO:0008152	0.0015	PGSC0003DMG400019773, PGSC0003DMG400016050, PGSC0003DMG400037235, PGSC0003DMG400029132, PGSC0003DMG400027259, PGSC0003DMG401030805, PGSC0003DMG400031850, PGSC0003DMG400021567, PGSC0003DMG400022818, PGSC0003DMG402030822, PGSC0003DMG400021690, PGSC0003DMG400025862, PGSC0003DMG400030804
GO_BP	programmed cell death	GO:0012501	0.0015	PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG400029504, PGSC0003DMG401007871
GO_BP	defense response	GO:0006952	0.0060	PGSC0003DMG400029523, PGSC0003DMG400022094, PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400002275, PGSC0003DMG400002276, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG400029504, PGSC0003DMG401007871
GO_BP	histone deacetylation	GO:0016575	0.0068	PGSC0003DMG402023368, PGSC0003DMG400023479

GO: Componente Celular DEG 00 UP

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_CC	intracellular membrane-bounded organelle	GO:0043231	0.0033	PGSC0003DMG402023368, PGSC0003DMG400002213, PGSC0003DMG400023479, PGSC0003DMG402032256, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG402025828, PGSC0003DMG400005471

GO: Función Molecular DEG 00 UP

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_MF	oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen	GO:0016705	0.0022	PGSC0003DMG400019774, PGSC0003DMG400021875, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400031423, PGSC0003DMG400003342, PGSC0003DMG400017997
GO_MF	hexosyltransferase activity	GO:0016758	0.0043	PGSC0003DMG400016050, PGSC0003DMG400037235, PGSC0003DMG400029132, PGSC0003DMG401030805, PGSC0003DMG400021567, PGSC0003DMG400004564, PGSC0003DMG400022818, PGSC0003DMG400021690
GO_MF	oxidoreductase activity, acting on the CH-NH2 group of donors	GO:0016638	0.0043	PGSC0003DMG402023368, PGSC0003DMG400023479
GO_MF	trans-zeatin O-beta-D-glucosyltransferase activity	GO:0050403	0.0045	PGSC0003DMG400027259, PGSC0003DMG402030822, PGSC0003DMG400030804
GO_MF	monooxygenase activity	GO:0004497	0.0057	PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400003342, PGSC0003DMG400017997
GO_MF	ADP binding	GO:0043531	0.0057	PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400007605, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400002275, PGSC0003DMG400013090, PGSC0003DMG400002276, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG400029504, PGSC0003DMG401007871

GO_MF	heme binding	GO:0020037	0.0068	PGSC0003DMG400021874, PGSC0003DMG400019774, PGSC0003DMG400021875, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400031423, PGSC0003DMG400003342, PGSC0003DMG400017997
GO_MF	electron transfer activity	GO:0009055	0.0106	PGSC0003DMG400021874, PGSC0003DMG400019774, PGSC0003DMG400021875, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400031423, PGSC0003DMG400003342, PGSC0003DMG400017997
GO_MF	glucuronosyltransferase activity	GO:0015020	0.0334	PGSC0003DMG402030822, PGSC0003DMG400030804
GO_MF	limonoid glucosyltransferase activity	GO:0050645	0.0334	PGSC0003DMG400025862
GO_MF	cis-zeatin O-beta-D-glucosyltransferase activity	GO:0050502	0.0334	PGSC0003DMG402030822, PGSC0003DMG400030804
GO_MF	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase activity	GO:0016706	0.0334	PGSC0003DMG402017239, PGSC0003DMG400017185, PGSC0003DMG402017241, PGSC0003DMG400017240, PGSC0003DMG400003095
GO_MF	histone kinase activity (H3-T11 specific)	GO:0035402	0.0334	PGSC0003DMG400018290
GO_MF	nicotinamide-nucleotide adenylyltransferase activity	GO:0000309	0.0334	PGSC0003DMG400022170
GO_MF	nicotinate-nucleotide adenylyltransferase activity	GO:0004515	0.0334	PGSC0003DMG400022170
GO_MF	secologanin synthase activity	GO:0050616	0.0426	PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400006075
GO_MF	transcription cis-regulatory region binding	GO:0000976	0.0436	PGSC0003DMG400002835, PGSC0003DMG400017640

**ANEXO 4: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sub expresados a las 0 hpi (WP00-SP00 DOWN).** Solo se muestran los términos GO significativos (p-value adj. < 0.05)

GO: Proceso Biológico DEG 00 DOWN

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_BP	post-embryonic development	GO:0009791	0.0235	PGSC0003DMG400040729, PGSC0003DMG400023419, PGSC0003DMG400018253, PGSC0003DMG400009689
GO_BP	defense response	GO:0006952	0.0235	PGSC0003DMG400008596, PGSC0003DMG400024363, PGSC0003DMG400023949, PGSC0003DMG400015878, PGSC0003DMG400011033, PGSC0003DMG400012466, PGSC0003DMG402017089, PGSC0003DMG400007469, PGSC0003DMG400008368, PGSC0003DMG402009818, PGSC0003DMG400022888, PGSC0003DMG400026359
GO_BP	DNA metabolic process	GO:0006259	0.0235	PGSC0003DMG400029822, PGSC0003DMG401021841, PGSC0003DMG400020377
GO_BP	RNA-templated DNA biosynthetic process	GO:0006278	0.0235	PGSC0003DMG400031032, PGSC0003DMG400007664, PGSC0003DMG400025418, PGSC0003DMG400012502
GO_BP	plant-type hypersensitive response	GO:0009626	0.0260	PGSC0003DMG400002427, PGSC0003DMG400003380, PGSC0003DMG400011517, PGSC0003DMG400023288, PGSC0003DMG400022699
GO_BP	fruit ripening	GO:0009835	0.0260	PGSC0003DMG400017246, PGSC0003DMG402019255, PGSC0003DMG400030994
GO_BP	induced systemic resistance	GO:0009682	0.0318	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	indole glucosinolate biosynthetic process	GO:0009759	0.0318	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	pollen tube reception	GO:0010483	0.0318	PGSC0003DMG400040729, PGSC0003DMG400022252
GO_BP	proline catabolic process	GO:0006562	0.0485	PGSC0003DMG400010050
GO_BP	adventitious root development	GO:0048830	0.0485	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	coenzyme M biosynthetic process	GO:0019295	0.0485	PGSC0003DMG400021726

GO_BP	biological regulation	GO:0065007	0.0485	PGSC0003DMG400029822, PGSC0003DMG401021841, PGSC0003DMG400020377
GO_BP	cellular response to stimulus	GO:0051716	0.0485	PGSC0003DMG400001430, PGSC0003DMG400014657

GO: Función Molecular DEG 00 DOWN

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_MF	ADP binding	GO:0043531	0.0004	PGSC0003DMG400008596, PGSC0003DMG400002427, PGSC0003DMG400003380, PGSC0003DMG400024363, PGSC0003DMG400015878, PGSC0003DMG400011517, PGSC0003DMG400023288, PGSC0003DMG400012466, PGSC0003DMG400005577, PGSC0003DMG402017089, PGSC0003DMG400033160, PGSC0003DMG400007469, PGSC0003DMG402009818, PGSC0003DMG400022699
GO_MF	RNA-directed DNA polymerase activity	GO:0003964	0.0334	PGSC0003DMG400031032, PGSC0003DMG400007664, PGSC0003DMG400025418, PGSC0003DMG400012502

**ANEXO 5: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sobre expresados a las 48 hpi (WP00-SP00 UP).** Solo se muestran los términos GO significativos (p-value adj. < 0.05)

GO: Proceso Biológico DEG 48 UP

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_BP	DNA metabolic process	GO:0006259	0.0001	PGSC0003DMG400029822, PGSC0003DMG401021841, PGSC0003DMG400020377, PGSC0003DMG400006933
GO_BP	RNA-templated DNA biosynthetic process	GO:0006278	0.0001	PGSC0003DMG400025418, PGSC0003DMG400031032, PGSC0003DMG400007664, PGSC0003DMG401028834, PGSC0003DMG400013171
GO_BP	indole glucosinolate biosynthetic process	GO:0009759	0.0114	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	biological regulation	GO:0065007	0.0114	PGSC0003DMG400029822, PGSC0003DMG401021841, PGSC0003DMG400020377
GO_BP	induced systemic resistance	GO:0009682	0.0114	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	plant-type hypersensitive response	GO:0009626	0.0114	PGSC0003DMG400011517, PGSC0003DMG400003380, PGSC0003DMG400002427, PGSC0003DMG400022699
GO_BP	post-embryonic development	GO:0009791	0.0118	PGSC0003DMG400018253, PGSC0003DMG400040729, PGSC0003DMG400021831
GO_BP	adventitious root development	GO:0048830	0.0164	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	shade avoidance	GO:0009641	0.0184	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	coenzyme M biosynthetic process	GO:0019295	0.0184	PGSC0003DMG400021726
GO_BP	regulation of growth	GO:0040008	0.0184	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	tryptophan biosynthetic process	GO:0000162	0.0184	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	defense response by callose deposition in cell wall	GO:0052544	0.0184	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	indoleacetic acid biosynthetic process	GO:0009684	0.0334	PGSC0003DMG401031520, PGSC0003DMG402031520
GO_BP	nitric oxide biosynthetic process	GO:0006809	0.0347	PGSC0003DMG400003936
GO_BP	tetrahydrofolylpolyglutamate metabolic process	GO:0046900	0.0347	PGSC0003DMG400007066
GO_BP	regulation of RNA metabolic process	GO:0051252	0.0347	PGSC0003DMG400040086

GO_BP	protein phosphorylation	GO:0006468	0.0347	PGSC0003DMG400018253, PGSC0003DMG400011989, PGSC0003DMG400001269, PGSC0003DMG404008678, PGSC0003DMG400012083, PGSC0003DMG401004946, PGSC0003DMG402015976, PGSC0003DMG400030581, PGSC0003DMG400017330
GO_BP	post-transcriptional regulation of gene expression	GO:0010608	0.0347	PGSC0003DMG400021726
GO_BP	phosphatidylserine biosynthetic process	GO:0006659	0.0347	PGSC0003DMG400021831
GO_BP	protein insertion into mitochondrial outer membrane	GO:0045040	0.0402	PGSC0003DMG401022140
GO_BP	regulation of abscisic acid-activated signaling pathway	GO:0009787	0.0402	PGSC0003DMG401021681
GO_BP	histone peptidyl-prolyl isomerization	GO:0000412	0.0402	PGSC0003DMG402028118

GO: Función Molecular DEG 48 UP

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_MF	RNA-directed DNA polymerase activity	GO:0003964	0.0003	PGSC0003DMG400025418, PGSC0003DMG400031032, PGSC0003DMG400007664, PGSC0003DMG401028834, PGSC0003DMG400013171
GO_MF	ADP binding	GO:0043531	0.0008	PGSC0003DMG400008596, PGSC0003DMG400024363, PGSC0003DMG400011517, PGSC0003DMG400003380, PGSC0003DMG400015872, PGSC0003DMG400002427, PGSC0003DMG400022699, PGSC0003DMG400012466, PGSC0003DMG400007469, PGSC0003DMG400005577

**ANEXO 6: Análisis de enriquecimiento GO de los genes sub expresados a las 48 hpi (WP00-SP00 DOWN).** Solo se muestran los términos GO significativos (p-value adj. < 0.05)

GO: Proceso Biológico DEG 48 DOWN

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_BP	programmed cell death	GO:0012501	5.9E-06	PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400006296, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400029504, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG401007871, PGSC0003DMG400031521
GO_BP	defense response	GO:0006952	0.0002	PGSC0003DMG400022094, PGSC0003DMG400029523, PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400006296, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400029504, PGSC0003DMG400010427, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG401007871, PGSC0003DMG400031521, PGSC0003DMG400002276
GO_BP	histone deacetylation	GO:0016575	0.0082	PGSC0003DMG402023368, PGSC0003DMG400023479

GO: Componente Celular DEG 48 DOWN

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
GO_CC	intracellular membrane-bounded organelle	GO:0043231	0.0152	PGSC0003DMG402023368, PGSC0003DMG402032256, PGSC0003DMG400023479, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG402025828, PGSC0003DMG400005471

GO: Función Molecular DEG 48 DOWN

source	Term name	Term ID	P-value	Intersection
--------	-----------	---------	---------	--------------

GO_MF	ADP binding	GO:0043531	0.0009	PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400006296, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400007605, PGSC0003DMG400013090, PGSC0003DMG400029504, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG401007871, PGSC0003DMG400031521, PGSC0003DMG400002276
GO_MF	heme binding	GO:0020037	0.0009	PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400021874, PGSC0003DMG400019774, PGSC0003DMG400021875, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG401019771, PGSC0003DMG400027614, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400001915, PGSC0003DMG400003342
GO_MF	oxidoreductase activity, acting on paired donors, with incorporation or reduction of molecular oxygen	GO:0016705	0.0009	PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400019774, PGSC0003DMG400021875, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG401019771, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400003342
GO_MF	electron transfer activity	GO:0009055	0.0011	PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400021874, PGSC0003DMG400019774, PGSC0003DMG400021875, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG401019771, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400001915, PGSC0003DMG400003342, PGSC0003DMG400019506
GO_MF	oxidoreductase activity, acting on the CH-NH2 group of donors	GO:0016638	0.0011	PGSC0003DMG402023368, PGSC0003DMG400023479

GO_MF	monooxygenase activity	GO:0004497	0.0015	PGSC0003DMG400031515, PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400029474, PGSC0003DMG400022744, PGSC0003DMG400007639, PGSC0003DMG401019771, PGSC0003DMG400006075, PGSC0003DMG400003342
GO_MF	ATP binding	GO:0005524	0.0179	PGSC0003DMG402016602, PGSC0003DMG400016372, PGSC0003DMG400034531, PGSC0003DMG400000996, PGSC0003DMG400033042, PGSC0003DMG400021822, PGSC0003DMG400006296, PGSC0003DMG400017277, PGSC0003DMG400028435, PGSC0003DMG400007870, PGSC0003DMG400002217, PGSC0003DMG400018290, PGSC0003DMG400029128, PGSC0003DMG402024222, PGSC0003DMG400002408, PGSC0003DMG400013090, PGSC0003DMG400043507, PGSC0003DMG400029504, PGSC0003DMG400010427, PGSC0003DMG400024644, PGSC0003DMG400018462, PGSC0003DMG401007871, PGSC0003DMG400012174, PGSC0003DMG400031521, PGSC0003DMG400031822, PGSC0003DMG400033641, PGSC0003DMG400002276
GO_MF	nicotinamide-nucleotide adenylyltransferase activity	GO:0000309	0.0382	PGSC0003DMG400022170
GO_MF	histone kinase activity (H3-T11 specific)	GO:0035402	0.0382	PGSC0003DMG400018290
GO_MF	nicotinate-nucleotide adenylyltransferase activity	GO:0004515	0.0382	PGSC0003DMG400022170
GO_MF	secologanin synthase activity	GO:0050616	0.0408	PGSC0003DMG400017323, PGSC0003DMG400006075

**ANEXO 7: Módulos, hubs y bottlenecks de la red PPI de los genes sobre expresados a las 0 hpi (WP00-SP00)**

	GENE_ID	00h	48h	Descripción PGSC_GENE
MÓDULO 1	PGSC0003DMG400019604	up	down	Protein phosphatase 2c [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019604]
	PGSC0003DMG401019239	up	-	ATP binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401019239]
	PGSC0003DMG402024222	up	down	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402024222]
	PGSC0003DMG400018264	up	-	Leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018264]
	PGSC0003DMG400028435	up	down	Serine-threonine protein kinase, plant-type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400028435]
	PGSC0003DMG400000996	up	down	Receptor-kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400000996]
	PGSC0003DMG400037460	up	-	Pto [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400037460]
	PGSC0003DMG400029128	up	down	Kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029128]
	PGSC0003DMG400034531	up	down	Leucine-rich repeat receptor kinase PEPR2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034531]
	PGSC0003DMG400029129	up	down	Stress-induced receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029129]
	PGSC0003DMG400020898	up	-	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020898]
	PGSC0003DMG400018169	up	down	Cyclin D2.1 protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018169]
PGSC0003DMG401015009	up	down	Conserved gene of unknown function [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401015009]	
MÓDULO 2	PGSC0003DMG400020636	up	down	60S ribosomal protein L10 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020636]
	PGSC0003DMG400014299	up	down	40S ribosomal protein S15a-1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014299]
	PGSC0003DMG400011445	up	-	DNA-directed RNA polymerase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400011445]
MÓDULO 3	PGSC0003DMG402023368	up	down	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402023368]
	PGSC0003DMG400023479	up	down	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023479]
	PGSC0003DMG402025828	up	down	Beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402025828]
	PGSC0003DMG400026863	up	down	SET domain protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026863]
	PGSC0003DMG400002213	up	-	Aldehyde dehydrogenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002213]
	PGSC0003DMG400013018	up	-	Sigma factor sigb regulation protein rsbq [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013018]
BN	PGSC0003DMG400003342	up	down	Cytochrome P450 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400003342]

BN: Bottlenecks. Los hubs se muestran resaltados en la tabla.

**ANEXO 8: Módulos, hubs y bottlenecks de la red PPI de los genes sub expresados a las 0 hpi (WP00-SP00)**

	GENE_ID	00h	48h	Descripción PGSC_GENE
MÓDULO 1	PGSC0003DMG400019210	down	-	DELLA domain GRAS family transcription factor rga [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019210]
	PGSC0003DMG400022608	down	-	Transferase, transferring glycosyl groups [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400022608]
	PGSC0003DMG400001430	down	-	SPX, N-terminal; EXS, C-terminal [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001430]
	PGSC0003DMG400035643	down	-	Drought-induced protein SDi [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400035643]
hubs	PGSC0003DMG400030220	down	-	Protein cbxX, chromosomal [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030220]
	PGSC0003DMG400009689	down	-	Protein kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009689]
	PGSC0003DMG400001269	down	up	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001269]
	PGSC0003DMG400040729	down	up	FERONIA receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040729]
	PGSC0003DMG400012083	down	up	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012083]
	PGSC0003DMG400030581	down	up	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030581]
	PGSC0003DMG400019267	down	-	Serine/threonine-specific protein kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400019267]
	PGSC0003DMG400023419	down	-	Receptor kinase THESEUS 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023419]
	PGSC0003DMG401030580	down	up	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401030580]
BN	PGSC0003DMG400026359	down	-	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400026359]
	PGSC0003DMG400004109	down	-	Xyloglucan endotransglycosylase hydrolase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400004109]
	PGSC0003DMG400018635	down	-	Expansin [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018635]

BN: Bottlenecks

**ANEXO 9: Hubs y bottlenecks identificados en la red PPI de los genes sobre expresados a las 48 hpi (WP00-SP00)**

	GENE_ID	00h	48h	Descripción PGSC_GENE
++	PGSC0003DMG400001269	down	up	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400001269]
	PGSC0003DMG400040729	down	up	FERONIA receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400040729]
	PGSC0003DMG400012083	down	up	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012083]
	PGSC0003DMG400030581	down	up	Receptor kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400030581]

++Se identificaron como hubs y bottlenecks a la vez.

**ANEXO 10: Módulos, hubs y bottlenecks identificados en la red PPI de los genes sub expresados a las 48 hpi (WP00-SP00)**

	GENE_ID	00h	48h	Descripción PGSC_GENE
MÓDULO 1	PGSC0003DMG400018822	up	down	Cyclin-dependent kinases regulatory subunit [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400018822]
	PGSC0003DMG400002408	up	down	26S protease regulatory subunit 6B homolog [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400002408]
	PGSC0003DMG400009959	-	down	Ornithine decarboxylase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400009959]
	<u>PGSC0003DMG400013210</u>	up	down	Proteasome subunit beta type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013210]
MÓDULO 2	PGSC0003DMG400025333	-	down	Short chain alcohol dehydrogenase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400025333]
	PGSC0003DMG402023368	up	down	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402023368]
	PGSC0003DMG400023479	up	down	Amine oxidase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400023479]
	PGSC0003DMG401030815	up	down	Alcohol dehydrogenase-like 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG401030815]
MÓDULO 3	PGSC0003DMG400021822	up	down	Multidrug resistance protein 1, 2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400021822]
	PGSC0003DMG400012174	-	down	ATP binding protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400012174]
	PGSC0003DMG400033641	up	down	Multidrug resistance-associated protein 1, 3 (Mrp1, 3), abc-transporter [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400033641]
MÓDULO 4	PGSC0003DMG400013161	up	down	Transducin family protein [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013161]
	PGSC0003DMG400020636	up	down	60S ribosomal protein L10 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400020636]
	PGSC0003DMG400014299	up	down	40S ribosomal protein S15a-1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400014299]
hubs	PGSC0003DMG400029129	up	down	Stress-induced receptor-like kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029129]
	PGSC0003DMG400034531	up	down	Leucine-rich repeat receptor kinase PEPR2 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400034531]
	PGSC0003DMG402024222	up	down	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402024222]
	PGSC0003DMG400029128	up	down	Kinase [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400029128]
BN	PGSC0003DMG400013210	up	down	Proteasome subunit beta type [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG400013210]
	PGSC0003DMG402025828	up	down	Beta-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase 1 [Source:PGSC_GENE;Acc:PGSC0003DMG402025828]

BN: Bottlenecks. Se muestra subrayado el bottleneck que se encontró dentro de un módulo.

**ANEXO 11: Selección de DEGs por ser considerados importantes en el mecanismo de resistencia de Wira Pasña a *P. infestans* cepa POX-67**

GENE_ID	log <sub>2</sub> FC		Regulación		Descripción PGSC_GENE	Loc. genoma ref.	Selección por
	0 h	48 h	0 h	48 h			
PGSC0003DMG402016602	8.21	-11.12	up	down	Tospovirus resistance protein C	chr09	GO
PGSC0003DMG400016372	6.71	-10.37	up	down	Resistance protein PSH-RGH7	chr01	
PGSC0003DMG400007870	5.29	-6.62	up	down	NBS-LRR protein	chr12	
PGSC0003DMG400002217	5.57	-6.03	up	down	NBS-LRR resistance protein	chr04	
PGSC0003DMG400029504	2.96	-3.54	up	down	Hero resistance protein	chr04	
PGSC0003DMG400018462	3.78	-3.05	up	down	Disease resistance protein	chr08	
PGSC0003DMG401007871	2.23	-2.94	up	down	NBS-LRR protein	chr12	
PGSC0003DMG400029129	9.92	-9.01	up	down	Stress-induced receptor-like kinase	chr00	PPI
PGSC0003DMG400034531	9.72	-9.44	up	down	Leucine-rich repeat receptor kinase PEPR2	chr06	
PGSC0003DMG402024222	3.76	-4.68	up	down	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1	chr08	
PGSC0003DMG400029822	-11.52	11.89	down	up	Replication factor A	chr10	GO y KEGG
PGSC0003DMG401021841	-8.00	6.36	down	up	Replication factor A	chr01	
PGSC0003DMG400020377	-6.90	4.96	down	up	70 kDa subunit of replication protein A	chr12	
PGSC0003DMG400025418	-9.26	10.08	down	up	Retrotransposon protein	chr05	GO
PGSC0003DMG400031032	-10.21	9.85	down	up	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase)	chr03	
PGSC0003DMG400007664	-9.54	9.75	down	up	RNA-directed DNA polymerase (Reverse transcriptase)	chr06	
PGSC0003DMG400008596	-8.29	8.45	down	up	Cc-nbs-lrr resistance protein	chr10	GO
PGSC0003DMG400024363	-3.72	4.32	down	up	Rpi-vnt1	chr09	
PGSC0003DMG400024364	-9.33	8.93	down	up	Rpi-vnt1	chr09	
PGSC0003DMG400003380	-3.88	3.38	down	up	Late blight resistance protein homolog R1A-4	chr05	

**ANEXO 12: Localización de los genes seleccionados en el genoma de referencia de la papa.**

Los genes que se muestran al lado izquierdo del cromosoma se encuentran en la hebra forward y los que se muestran al lado derecho se encuentran en la hebra reverse.

