

Identificación de Genes Análogos de Resistencia y QTLs Asociados con Resistencia a Enfermedades de Yuca

Llano GA¹, Alvarez E¹, Loke JB¹, Fregene M¹, Muñoz JE²

¹Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali; ²Universidad Nacional de Colombia-Palmira

INTRODUCCION

La pudrición de raíces causada por varias especies de *Phytophthora*, y el Añublo Bacterial, causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *manihotis* (*Xam*), son dos enfermedades que causan pérdidas superiores a 80% de la producción de yuca (*Manihot esculenta* Crantz). Los marcadores moleculares son una herramienta importante para el mejoramiento de la resistencia de yuca a estas enfermedades.

MATERIALES Y METODOS

Identificación de QTLs. Se evaluó la resistencia de 126 individuos de la familia K de yuca, inoculados en raíces con 3 especies de *Phytophthora*. Con esta información y con el mapa genético de la misma familia (Fregene et al. 1997), se identificaron QTLs asociados con la resistencia a *P. tropicalis*, *P. melonis* y *P. palmivora*, por medio del análisis y mapeo con el programa Q-gene 3.06V (Nelson 1997). Se generó un mapa de QTLs y se estimó la varianza fenotípica explicada por cada QTL, mediante el coeficiente de regresión (r^2).

Identificación de genes análogos de resistencia (RGA). Se amplificaron regiones conservadas de ADN, mediante PCR con cebadores degenerados NBS y Pto-kinasa, a partir de genotipos resistentes a *Xam* y *Phytophthora* spp. Los fragmentos secuenciados se homologaron con genes de resistencia, mediante la herramienta Blastx del GenBank. Se diseñaron cebadores específicos con base en las secuencias de mayor homología, para amplificar regiones de ADN de individuos resistentes y susceptibles.

RESULTADOS

Identificación de QTLs. Se identificaron 15 QTLs asociados a la resistencia a *P. tropicalis*, 2 asociados a *P. palmivora* y 2 a *P. melonis*, ubicados en diferentes grupos de ligamiento, que explicaron hasta 11.0% de varianza fenotípica (Tabla 1; Figura 1).

Tabla 1. QTLs que explican valores significativos de varianza fenotípica para resistencia a tres especies de *Phytophthora*.

Especie	Grupo de ligamiento	Marcador	% Varianza fenotípica ³
<i>P. palmivora</i>	O ¹	rP1a	8.3
	O ¹	SSRy 19	0.1
<i>P. melonis</i>	G ¹	CPY 79	0.2
	H ¹	rGY 170	1.6
<i>P. tropicalis</i>	C ¹	rGY 172	5.4
	E ¹	rNS 217	7.3
	H ¹	SSRy 178	1.3
	J ¹	CDY 76	4.0
	J ¹	K2a	8.6
	N ¹	SSRy 13	4.2
	Q ¹	SSRy 911	5.7
	V ¹	NS 911	9.0
	V ¹	GY 153	4.5
	A ²	rGY 32	11.0
	D ²	SSRy 313	3.4
	I ²	SSRy 51	5.7
	I ²	GY 88	3.3
	M ²	SSRy 299	3.4
N ²	SSRy 105	4.8	

¹ Mapa de la madre; ² Mapa del padre; ³ Varianza explicada.

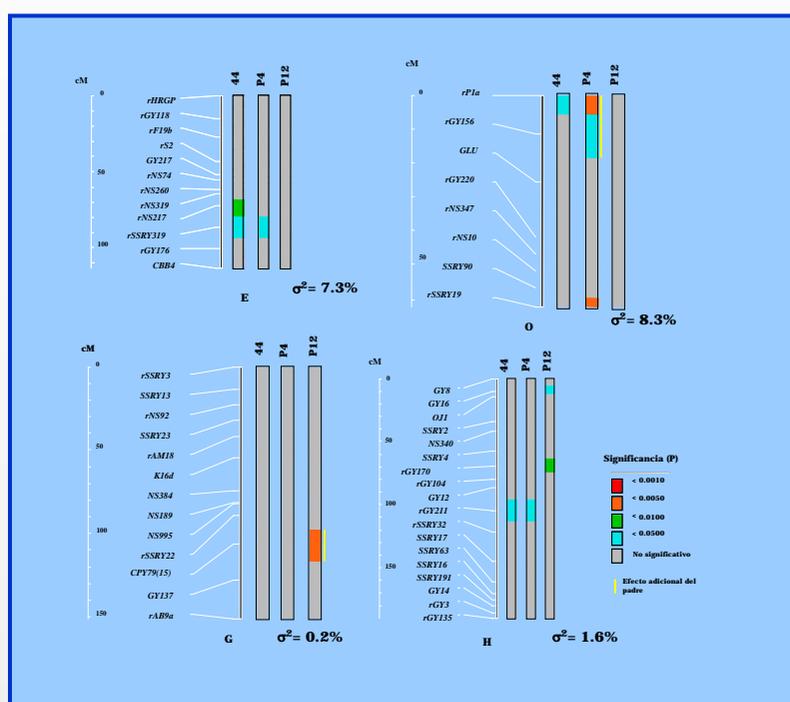


Figura 1. Mapa de algunos QTLs identificados en varios grupos de ligamiento y asociados con resistencia de la familia K de yuca a *P. tropicalis* (44), *P. palmivora* (P4) y *P. melonis* (P12).

Identificación de RGAs. Mediante PCR se obtuvieron 28 clones NBS y 2 Pto kinasa, de los cuales 4 (N33, N37, N38 y K1) mostraron regiones codificantes y secuencia homóloga con genes NBS-LRR (repeticiones ricas en leucina) de varios cultivos por lo que se consideraron como RGAs. Los RGAs se agruparon en tres clases (Figura 3). El clon N-37 tuvo homología con los genes no TIR, RPS2 (*Arabidopsis*) y Mi (tomate), mientras que los clones K-1 y N-38 mostraron homología con los genes TIR L6 (lino) y RPP5 (*Arabidopsis*). El clon N-33 fue diferente a los demás (Figura 2). Los cebadores específicos diseñados N-37 y N-38, permitieron separar individuos resistentes a *Xam*, mientras que ninguno mostró asociación con resistencia a *Phytophthora*.

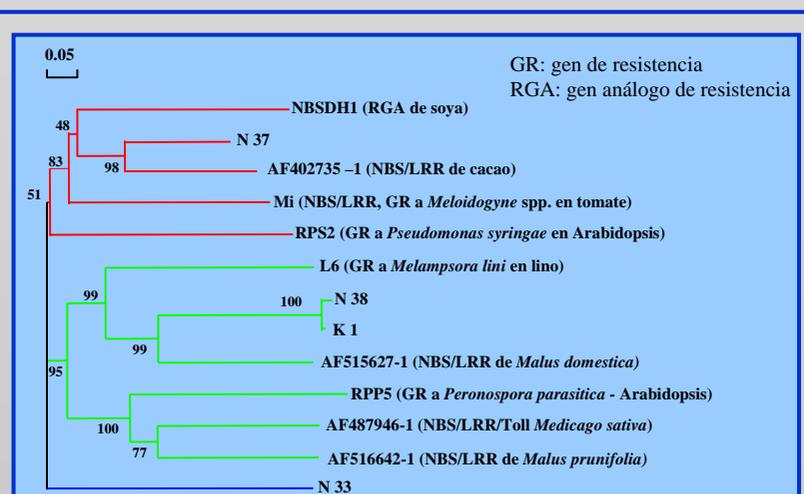


Figura 2. Arbol filogenético de RGAs (N-33, N-37, N-38 y K-1) identificados en yuca, obtenido mediante análisis de parsimonia y bootstrap (5000 réplicas). Se muestran secuencias homólogas reportadas en GenBank y genes de resistencia de otras especies.

CONCLUSIONES

- Existen varios QTLs, asociados con resistencia a *Phytophthora* spp.
- Se encontró asociación de 2 RGAs con resistencia a *Xam*, mas no a *Phytophthora* spp. en yuca.

REFERENCIAS

- Fregene M; Angel F; Gómez R; Rodríguez F; Chavarriaga P; Roca W; Tohme J; Bonierbale M. 1997. A molecular genetic map of cassava (*Manihot esculenta* Crantz). Theor Appl Genet 95(3):431-441.
- Nelson JC. 1997. Q-gene: software for marker-based genome analysis and breeding. Mol Breed 3:229-235.