



XXV SIMPOSIO
LATINOAMERICANO
DE CAFICULTURA
- EL SALVADOR -



CSC
CONSEJO
SALVADOREÑO
DEL CAFÉ



Selección asistida mediante marcadores moleculares para resistencia múltiple a la roya del café (*Hemileia vastatrix*)

Ing. Alejandra Robles Ch.
Unidad de Investigación
ICAFFE



Selección asistida marcadores moleculares para identificación de resistencia a la roya del café



- Selección de individuos desde etapas tempranas
- No hay afectación del ambiente
- Reducción de tiempo de evaluación y costo de los procesos de selección
- Se puede aplicar aún en ausencia del patógeno



Objetivo

Implementar el uso de marcadores moleculares para la identificación de resistencia a la roya del café en cultivares de alta producción y una población F1 descendencia de un cruce entre una planta *C.arabica* introgresada con la especie *C.liberica* y un genotipo *C.arabica* susceptible a la roya del café con alta calidad de taza.



Metodología

Extracción de ADN

Material vegetal:



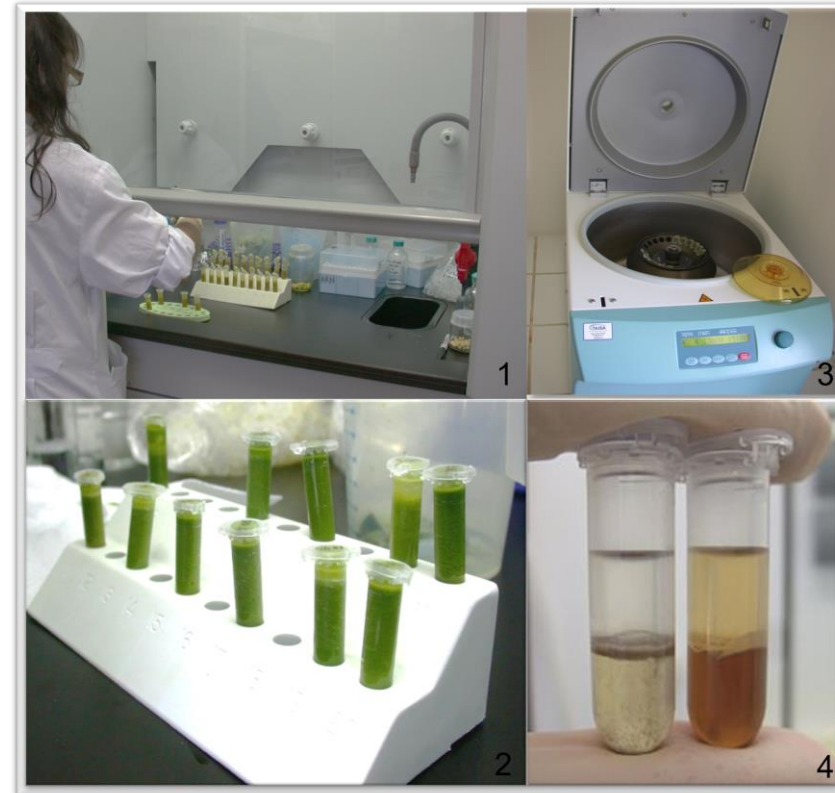
Grupo 1:

Selección de 43 plantas de una Población F1 *C.arabica* introgrado con *C.liberica* x *C.arabica* susceptible

Grupo 2:

30 plantas de cada cultivar:

- Obatá 1669-20
- Catiguá MG2
- ParaísoMG1
- Obatá Amarillo 4739
- T8667



1. Lisis de tejidos
2. Macerado de tejidos
3. Centrifugación
4. Separación clorofomo

Procedimiento para extracción de ADN genómico de café¹:

¹Procedimiento según Diniz *et al* (2005)¹ modificado por ICAFE (2021). Diniz *et al*, 2005.

Metodología

Amplificación de marcadores moleculares

Marcadores moleculares analizados:

Grupo de análisis	Marcador molecular	Resistencia ligada
1	<i>BA-124-12K</i> ¹	Gen <i>SH3</i>
	<i>Sat 244</i> ¹	
	<i>BA-48-210-f</i> ¹	
2	<i>CaRHv8</i> ³	<i>Locus A</i>
	<i>SSR-016</i> ³	
	<i>CaRHv9</i> ³	<i>Locus B</i>
	<i>CaRHv10</i> ³	
	<i>RF 005</i> ²	<i>Locus C</i>

Amplificación mediante reacción en cadena de la polimerasa

ADN

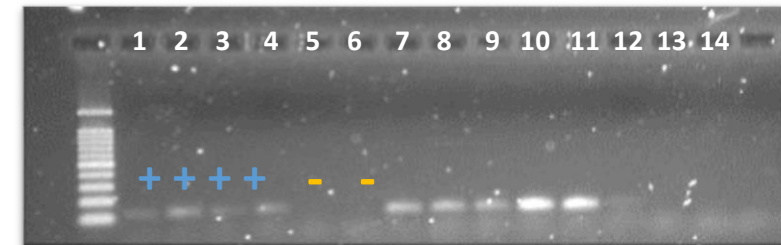
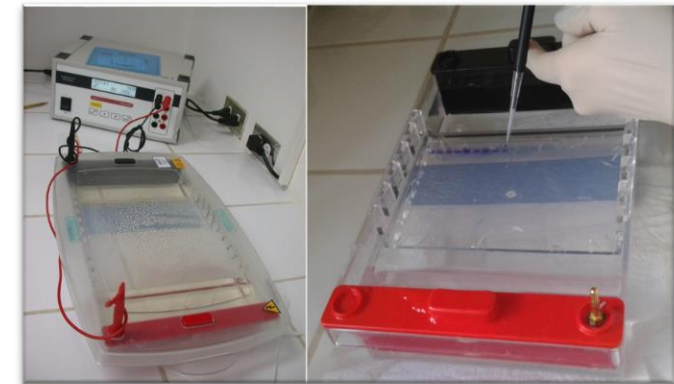
Taq polimerasa

Primers

DNtps



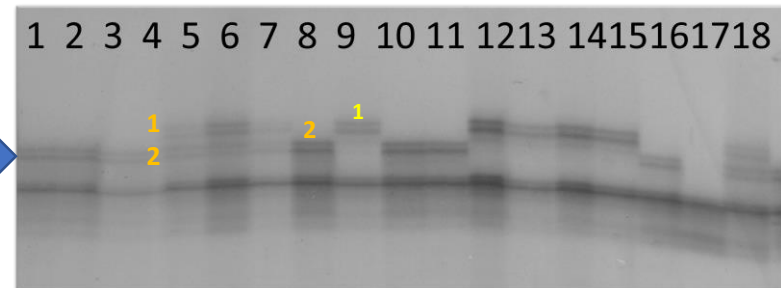
Electroforesis



Planta 1



Planta 5



Planta 9



Planta 4



1

1

1

1

1

1

AA

1

1

1

2

2

2

Aa

¹Mahé, *et al*; 2008. DOI:10.1007/s11032-007-9112-z

²Alvarenga *et al*; 2011doi.org/10.1590/S0100-204X2011000800015

³Almeida *et al* 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11091763>

Resultados

Presencia del gen *SH3* de resistencia a la roya del café en población F1 progenie de cruce *C.arabica* introgresado con *C.liberica* x *C.arabica* (%)

Marcador molecular	Plantas con Presencia del Marcador molecular (%)	Polimorfismo
<i>BA-124-12K-F</i>	100	A ₋
<i>BA-48-210-f</i>	100	Aa
<i>Sat244</i>	100	Aa



- La identificación de individuos en la F1 con el gen *SH3* heterocigota es lo esperable producto de un cruce entre un individuo con el gen dominante y un individuo con ausencia del gen (aa). Aunque esto individuos presentan resistencia esta no será heredable en la totalidad de su descendencia.

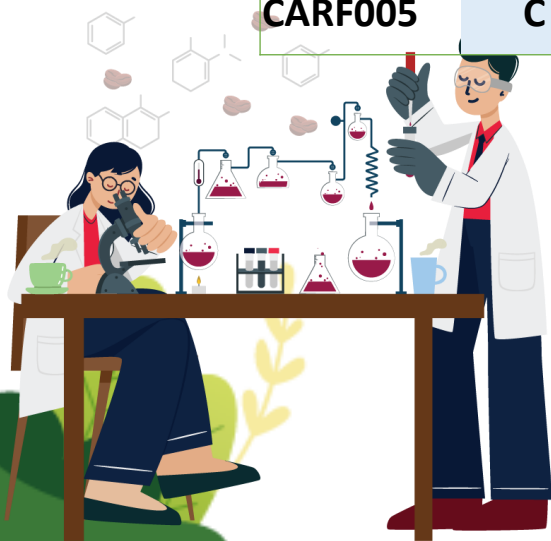


Resultados

Presencia del otros genes de resistencia a la roya del café en cultivares de alta producción *C.arabica* (%)

Marcador	Locus	Obatá 1669-20	Catiguá MG2	Paraíso MG1	Obatá Amarillo	T8667	Caturra	Catuaí
CaRHv8	A	100	100	100	0	96.4	0	0
SSR16								
CaRHv9	B	100	100	96.4	100	100	0	0
CaRHv10								
CARF005	C	100	100	96.4	100	0	0	0

- No todos los cultivares analizados presentan estas regiones de resistencia. Por lo que podrían estar enfermarse con ciertas razas de roya.
- La variabilidad observada entre individuos de un mismo cultivar indica heterogeneidad.



Conclusiones

- Los marcadores moleculares analizados tienen potencial para que sean utilizados dentro de los programas de mejoramiento para la selección asistida por técnicas moleculares de plantas con resistencia a la roya.
- La identificación de individuos con el gen *SH3* e individuos con otros genes de resistencia son una fuente de resistencia genética importante dentro de la estrategia de piramidación.



Gracias

