

## Caracterización genética de la resistencia a *Meloidogyne incognita* de la línea de pimiento P26

F. Sánchez-Solana, C. Ros-Ibáñez, M.C. Martínez, A. Lacasa

Dpto. Biotecnología y Protección de Cultivos. IMIDA, C/ Mayor s/n, 30150 La Alberca (Murcia)  
fulgencio.sanchez8@carm.es

### RESUMEN

*Meloidogyne incognita* es uno de los principales patógenos del pimiento. En los últimos años las limitaciones en el uso de desinfectantes químicos han motivado el empleo de alternativas, como las resistencias genéticas. Se conocen tres genes mayores de resistencia frente al nematodo (Me1, Me3 y N). Se han encontrado variedades con resistencia parcial de naturaleza genética desconocida, como el caso de la línea P26 y cuya caracterización genética es el objetivo de este trabajo. Para ello P26 se ha cruzado con una línea susceptible (DLL) obteniéndose la F1, F2, y retrocruces BC1 y BC2, y se ha evaluado su nivel de resistencia frente a *M. incognita*. Los resultados revelan que se trata de una resistencia monogénica, de tipo cuantitativo con efectos aditivos, y con posibles interacciones con otros genes que modifican su expresión.

**Palabras clave:** nematodos, *Capsicum annuum*, mejora genética

### 1. Introducción

*Meloidogyne incognita* es un nematodo considerado como uno de los principales patógenos edáficos a escala mundial que afecta, entre otros cultivos, al pimiento (*Capsicum annuum* L.) provocándole daños en las raíces y ocasionando descensos importantes en sus cosechas [1]. En los últimos años, las restricciones en el uso de nematocidas y desinfectantes químicos han motivado el uso de resistencias genéticas como alternativa para el control del patógeno [2,3]. Consecuentemente, en la actualidad se están desarrollando programas de mejora genética con el fin de introducir los genes de resistencia en porta-injertos y variedades élite.

En pimiento se han identificado tres genes mayores de resistencia frente a *M. incognita*, denominados *Me1*, *Me3* y *N*, y localizados en la misma región cromosómica [4]. Sin embargo, tanto en condiciones controladas como en cultivo en campo, se han encontrado casos de poblaciones virulentas a algunos de estos genes que comprometen la eficacia de estas resistencias [3,5]. Además se han encontrado variedades con resistencia parcial [6,7] aunque no caracterizadas genéticamente, como el caso de la línea P26 (una selección del IMIDA). En trabajos anteriores, el comportamiento de dicha línea frente a *M. incognita* se ha testado en diferentes condiciones, observándose

diferencias funcionales respecto a las líneas portadoras de los genes *Me1*, *Me3* y *N* [6].

El objetivo del presente trabajo es conocer la naturaleza genética de la resistencia observada en la línea P26, tratando de averiguar si se trata de una resistencia mono o poligénica y su grado de aditividad y dominancia.

### 2. Materiales y Métodos

#### 2.1 Material vegetal

Partiendo de la línea resistente P26 y de una línea susceptible a *M. incognita*, DLL (Doux Long des Landes), se obtuvieron, mediante cruzamientos, las generaciones siguientes: F1 (P26xDLL); F2 (autofecundación de F1); y los retrocruces de la F1 con cada parental, BC1 ((P26xDLL)xP26) y BC2 ((P26xDLL)xDLL).

#### 2.2 Evaluación de la resistencia

Para conocer el valor fenotípico se testaron frente a *M. incognita* 10 plantas de las líneas parentales y F1, 136 plantas de la F2 y 73 plantas en el caso de las generaciones BC1 y BC2 (tabla 1). Cada planta, que se cultivó individualmente en maceta, se inoculó con una dosis de 400 juveniles de segundo estadio del nematodo y mantenida durante 8 semanas en condiciones ambientales controladas (temperatura 24±2 °C y

fotoperiodo de 16 h. de luz). Al cabo de este tiempo (duración de un ciclo del nematodo) se examinaron las raíces de cada planta obteniéndose el número total de masas de huevos, utilizado como parámetro de resistencia, ya que es equivalente al número de nematodos capaces de infestar a la planta.

### 2.3 Análisis estadístico

Los resultados encontrados para las generaciones F2, BC1 y BC2 se analizaron con el test de  $\chi^2$  para comprobar su ajuste al tipo de segregación mendeliana. La estimación de los parámetros genéticos de aditividad, dominancia y epistasia se llevó a cabo según el método descrito por Mather y Jinks [8]

### 3. Resultados y Discusión

Los valores medios del número de masas de huevos por planta en la línea P26 y DLL fueron 33 y 219 respectivamente El híbrido F1 (P26 X DLL) mostró un valor intermedio entre los dos parentales (111 masas de huevos), lo que indica el carácter cuantitativo-aditivo de la resistencia, y que contrasta con el carácter cualitativo-dominante de los genes Me y N [1,4].

El análisis de las clases fenotípicas obtenidas en las generaciones F2 y BC1 mostró un ajuste al modelo mendeliano con un solo gen implicado en el carácter resistente (tabla 1), y no por la acción de varios genes menores tal y como es el caso para la mayoría de caracteres cuantitativos [8,9]. Sin embargo en BC2 se obtuvieron diferencias significativas respecto al modelo propuesto explicables al incluir en el análisis de los datos posibles interacciones genéticas.

### 4. Conclusiones

Se ha determinado que la resistencia portada por la línea P26 es de tipo cuantitativo y naturaleza monogénica, considerando interesante llevar a cabo estudios más profundos, como la localización genómica y sus posibles interacciones con otros genes.

### 5. Agradecimientos

Equipos de Protección de Cultivos y de Horticultura del IMIDA, por su colaboración técnica y la proporción de P26. Dr. Rafael Fernández Muñoz por su asesoramiento en la interpretación de los datos. INIA por la financiación de la beca predoctoral de F. Sánchez-Solana.

### 6. Referencias bibliográficas

- [1] Djian-Caporalino C., Fazari A., Arguel M. J., Vernie T., VandeCastele C., Faure I., et al. 2007. Root-knot nematode (*Meloidogyne* spp.) Me resistance genes in pepper (*Capsicum annuum* L.) are clustered on the P9 chromosome. Theor Appl Genet 114: 473-486.
- [2] Djian-Caporalino C., et al.: Pyramiding, alternating or mixing: comparative performances of deployment strategies of nematode resistance genes to promote plant resistance efficiency and durability. BMC Plant Biology 2014 14:53.
- [3] Ros-Ibáñez C., Robertson L., Martínez-Lluch MC., Cano-García A., Lacasa-Plasencia A. 2014. Development of virulence to *Meloidogyne incognita* on resistant pepper rootstocks. Span J Agric Res 12(1): 225-232.
- [4] Fazari A., Palloix A., Wang L.H., Hua M. Y., Sage-Palloix A. M., Zhang B. X., Djian-Caporalino C. 2012. The root-knot nematode resistance N-gene co-localizes in the Me-genes cluster on the pepper (*Capsicum annuum* L.) P9 chromosome. Plant Breed. 131: 665-673.
- [5] Castagnone-Sereno P., Bongiovanni M., Palloix A., Dalmasso A. 1996. Selection for *Meloidogyne incognita* virulence against resistance genes from tomato and pepper and specificity of the virulence/resistance determinants. Eur. J. Plant Pathol. 102: 585-590.
- [6] Sánchez F., Ros C., Torres J., Hernández A., Martínez M. C., Bielza P., Costa J. 2012. Evaluación de genotipos de pimiento para su utilización en la mejora genética de porta-injertos resistentes a *Meloidogyne incognita*. Actas de Horticultura 62: 97-98.
- [7] Barbary A., Palloix A., Fazari A., Marteu N., P. Castagnone-Sereno P., C. Djian-Caporalino C. 2014. The plant genetic background affects the efficiency of the pepper major nematode resistance genes Me1 and Me3. Theor Appl Genet 127:499-507
- [8] Mather K., Jinks JL. 1971. Biometrical Genetics. The Study of Continuous Variation. 2nd ed. Chapman Et Hall, Great Britain. 382pp.
- [9] Cuartero J., Gómez-Guillamón M.L., Fernández-Muñoz R. 2012. Métodos clásicos en la mejora de caracteres cuantitativos en especies autóгамas. En J.J. Ferreira, A. Ordás y M. Pérez de la Vega (Eds.). La genética de los caracteres cuantitativos en la mejora vegetal del siglo XXI. SEG y SECH. Madrid. Págs 121-148.

**Tabla 1.** Número de plantas de cada fenotipo observadas para cada generación y comparación con los valores esperados.

Generación	Número de plantas				Ratio de segregación esperada	Valor $\chi^2$		Valor P
	Total	R	MR	S				
P26	10	10	-	-				
DLL	10	-	-	10				
F1	10	-	10	-				
F2	136	45	57	34	1:2:1 (R:MR:S)	5.34	< 5.99 (df = 2, $\alpha$ = 0.05)	0,069
BC1	73	37	36	-	1:1 (R:MR)	0.0001	< 3.84 (df = 1, $\alpha$ = 0.05)	1
BC2	73	-	46	27	1:1 (MR:S)	4.92*	> 3.84 (df = 1, $\alpha$ = 0.05)	0,026

R= resistentes; MR= parcialmente resistentes; S= susceptibles.

\* indica diferencias significativas entre valores observados y esperados.