



Alliance



Genoma completo, diagnóstico y resistencia a *Ralstonia solanacearum* en híbridos de plátano

López-Alvarez, D., Leiva, A. M., Barrantes, I., **Pardo, J. M.**, Dominguez, V., Ceballos, G., Alvarez, E Cuellar, W. J.

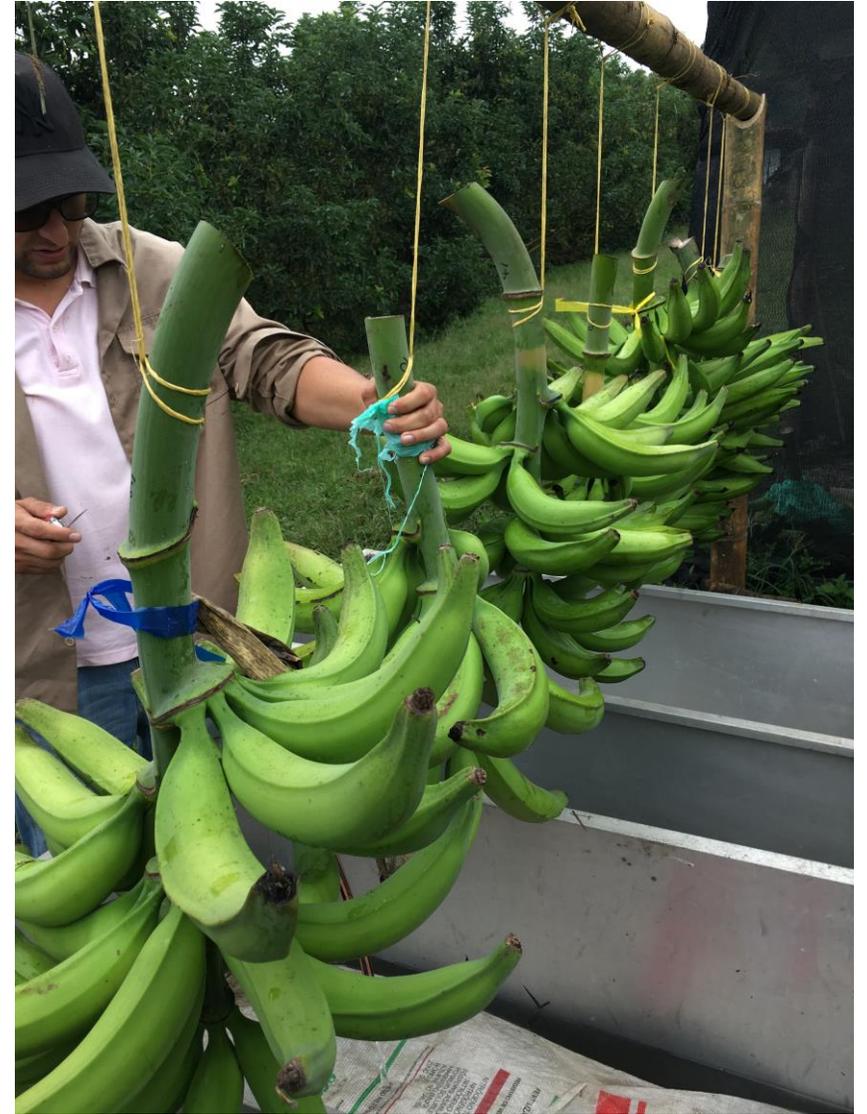
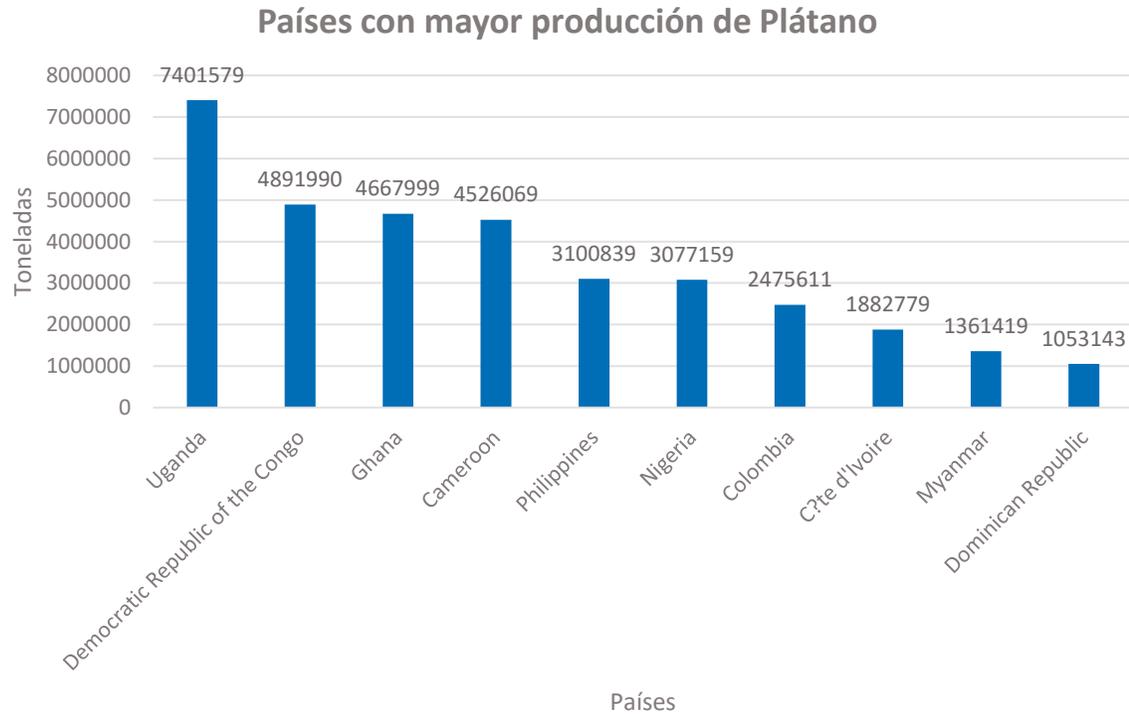
XXVIII Congreso de la Sociedad Chilena de Fitopatología

20/01/2022

jmpardo@cigar.org



Importancia del plátano:



Necesidad

- Reproducción vegetativa o asexual, mediante cormos o colinos.
- Material de siembra no certificado de la misma finca



Importancia del Diagnóstico



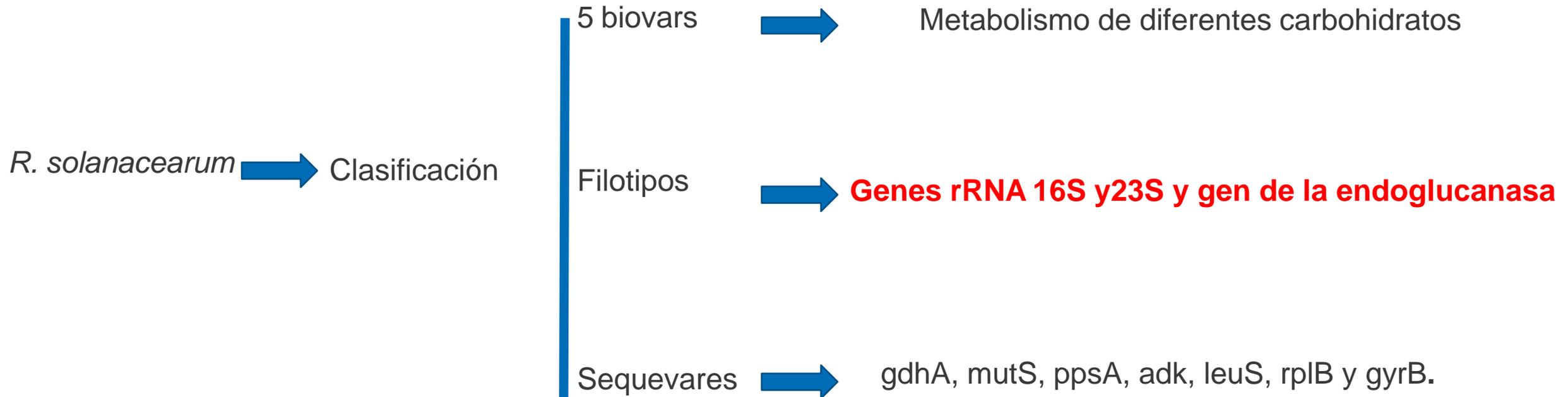
Necesidades del diagnóstico:



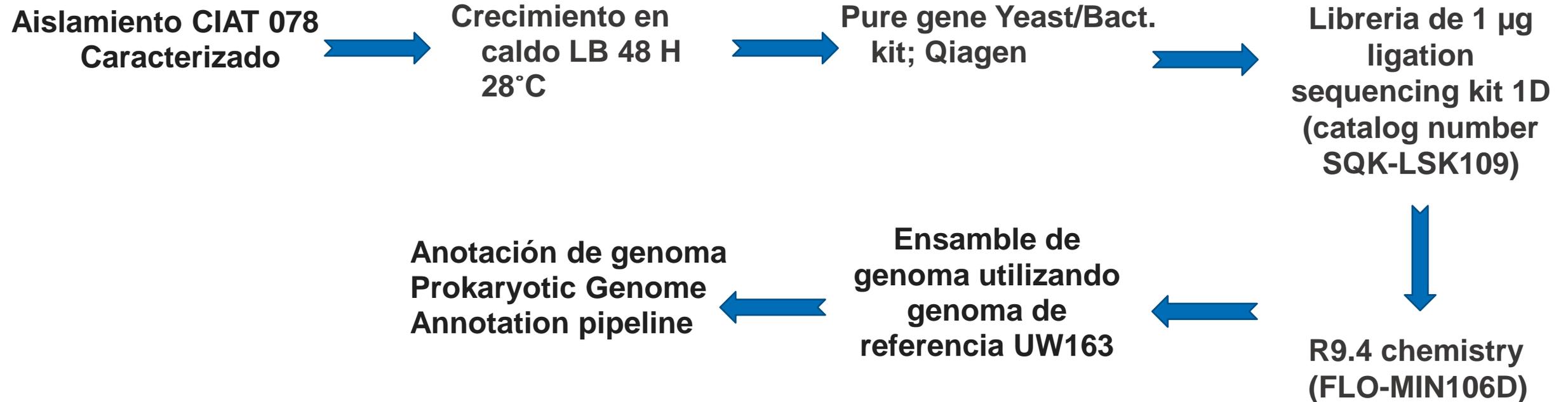
- **Específico**
- Sensible
- Rápido
- Fuera del laboratorio

Marchitez vascular causada por *Ralstonia solanacearum* (Enfermedad del Moko).

Por primera vez en Trinidad & Tobago en 1890, dispersándose por LAC, Filipinas, Malasia, y Australia



Secuenciación



ASM1256246v1Organism name: [Ralstonia solanacearum \(b-proteobacteria\)](#)Taxonomy check: [OK](#)

Infraspecific name: Strain: CIAT_078

BioSample: [SAMN14207021](#)BioProject: [PRJNA608676](#)

Submitter: International Center for Tropical Agriculture (CIAT)

Date: 2020/04/20

Assembly type: na

Assembly level: Complete Genome

Genome representation: full

Excluded from RefSeq:

- many frameshifted proteins

GenBank assembly accession: GCA_012562465.1 (latest)

RefSeq assembly accession: GCF_012562465.1 (suppressed)

RefSeq assembly and GenBank assembly identical: yes

Assembly method: Minimap2, spades v. 2

Expected final version: no

Reference guided assembly: Ralstonia solanacearum UW163

Genome coverage: 70.0x

Sequencing technology: Oxford Nanopore MinION

IDs: 6857201 [UID] 18965208 [GenBank] 19067908 [RefSeq]

History ([Show revision history](#))**Comment**

The annotation was added by the NCBI Prokaryotic Genome Annotation Pipeline (PGAP). Information about PGAP can be found here: https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/annotation_prok/

▸ [Genome-Annotation-Data](#)**Global statistics**

Total sequence length	5,389,324
Total ungapped length	5,389,324
Total number of chromosomes and plasmids	2

See [Genome](#) Information for **Ralstonia solanacearum**

There are 296 assemblies for this organism

[See more](#)

GENOME SEQUENCES



Complete Genome Sequence of the Plant Pathogen *Ralstonia solanacearum* Strain CIAT-078, Isolated in Colombia, Obtained Using Oxford Nanopore Technology

Diana López-Alvarez,^{a,b} Ana M. Leiva,^a Israel Barrantes,^c Juan M. Pardo,^a Viviana Dominguez,^a Wilmer J. Cuellar^a^aInternational Center for Tropical Agriculture (CIAT), Cali, Colombia^bFaculty of Agricultural Sciences, National University of Colombia, Palmira, Colombia^cInstitute for Biostatistics and Informatics in Medicine and Ageing Research, Rostock, Germany

Alliance



Diagnóstico

Tropical Plant Pathology
https://doi.org/10.1007/s40858-019-00282-3

SHORT COMMUNICATION

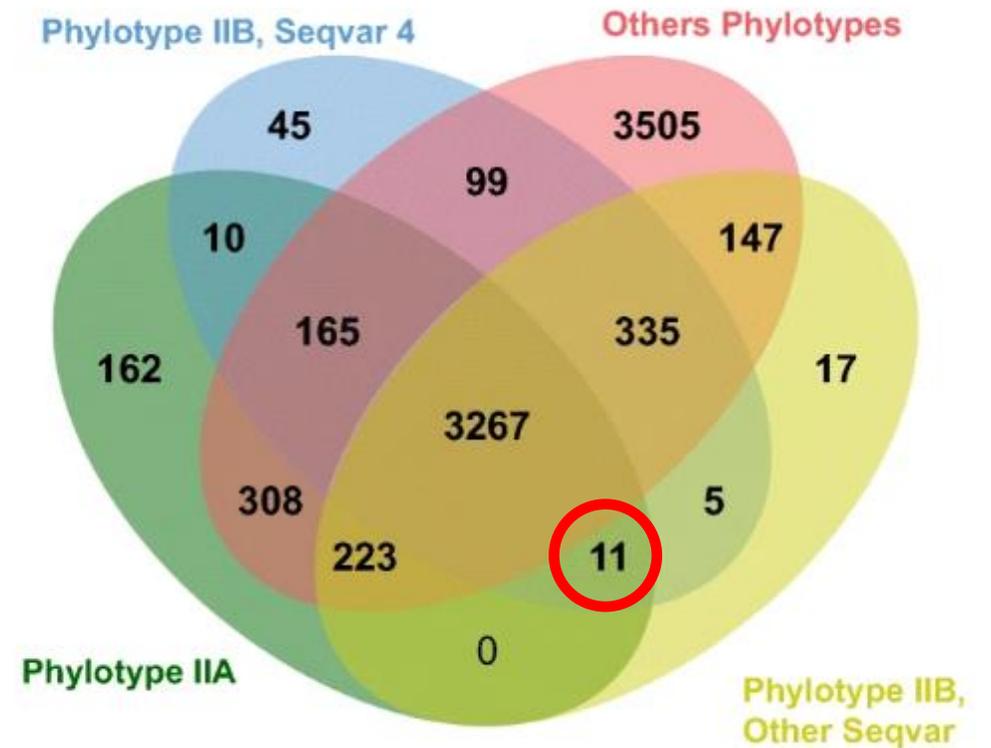


Detection of *Ralstonia solanacearum* phylotype II, race 2 causing Moko disease and validation of genetic resistance observed in the hybrid plantain FHIA-21

Juan M. Pardo¹ · Diana López-Alvarez² · German Ceballos^{1,3} · Elizabeth Alvarez¹ · Wilmer J. Cuellar¹

Received: 13 November 2018 / Accepted: 22 March 2019
© Sociedade Brasileira de Fitopatologia 2019

- Alineamiento de genomas.
- Selección de región polimórfica y conservada.

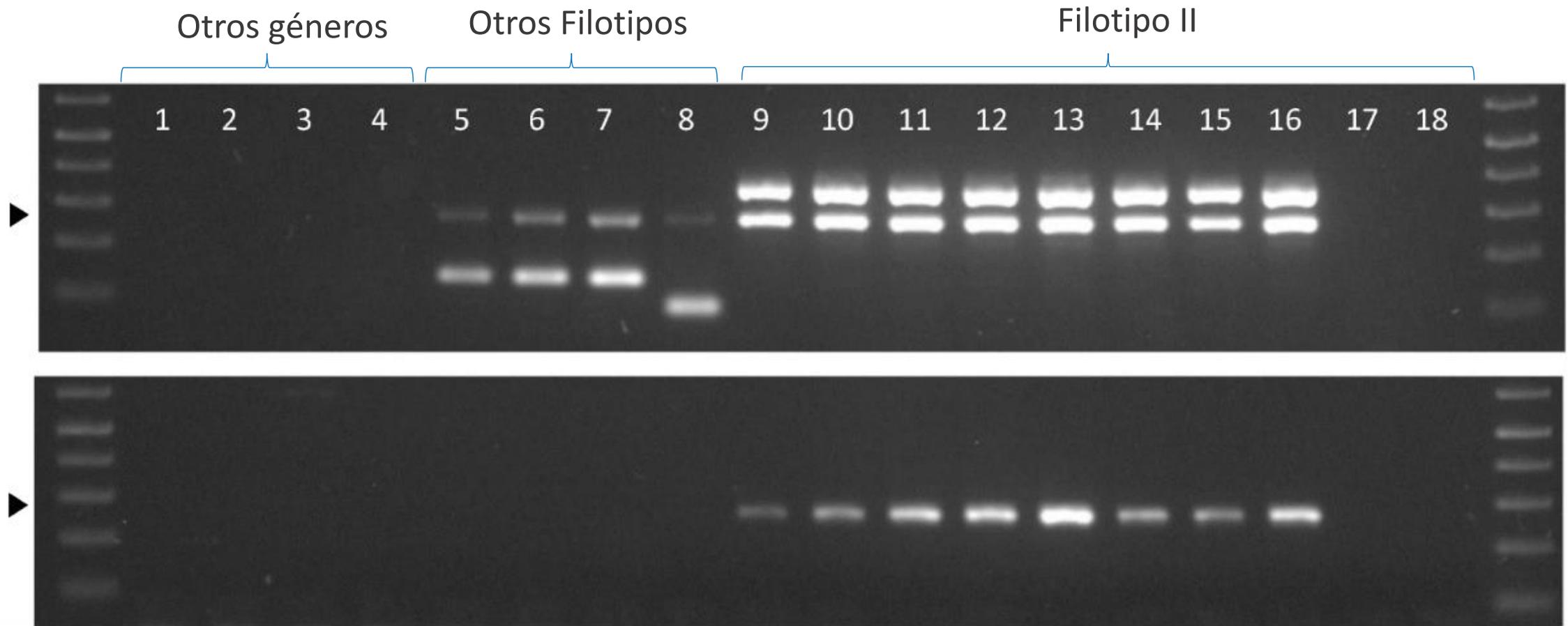


Pardo et al., 2019

Alliance



Comparación con otros métodos

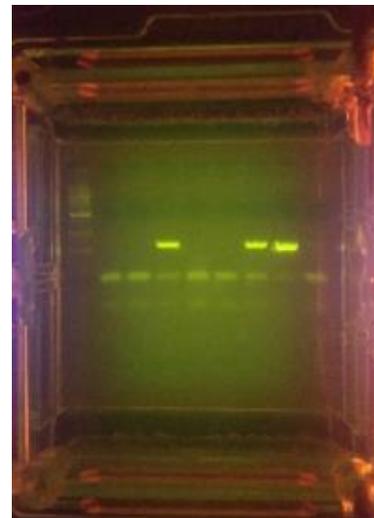
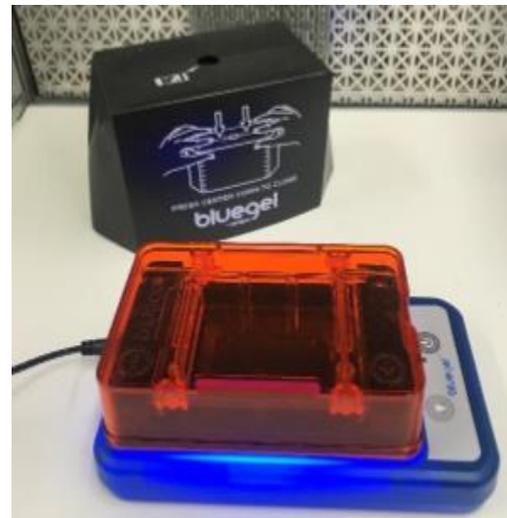


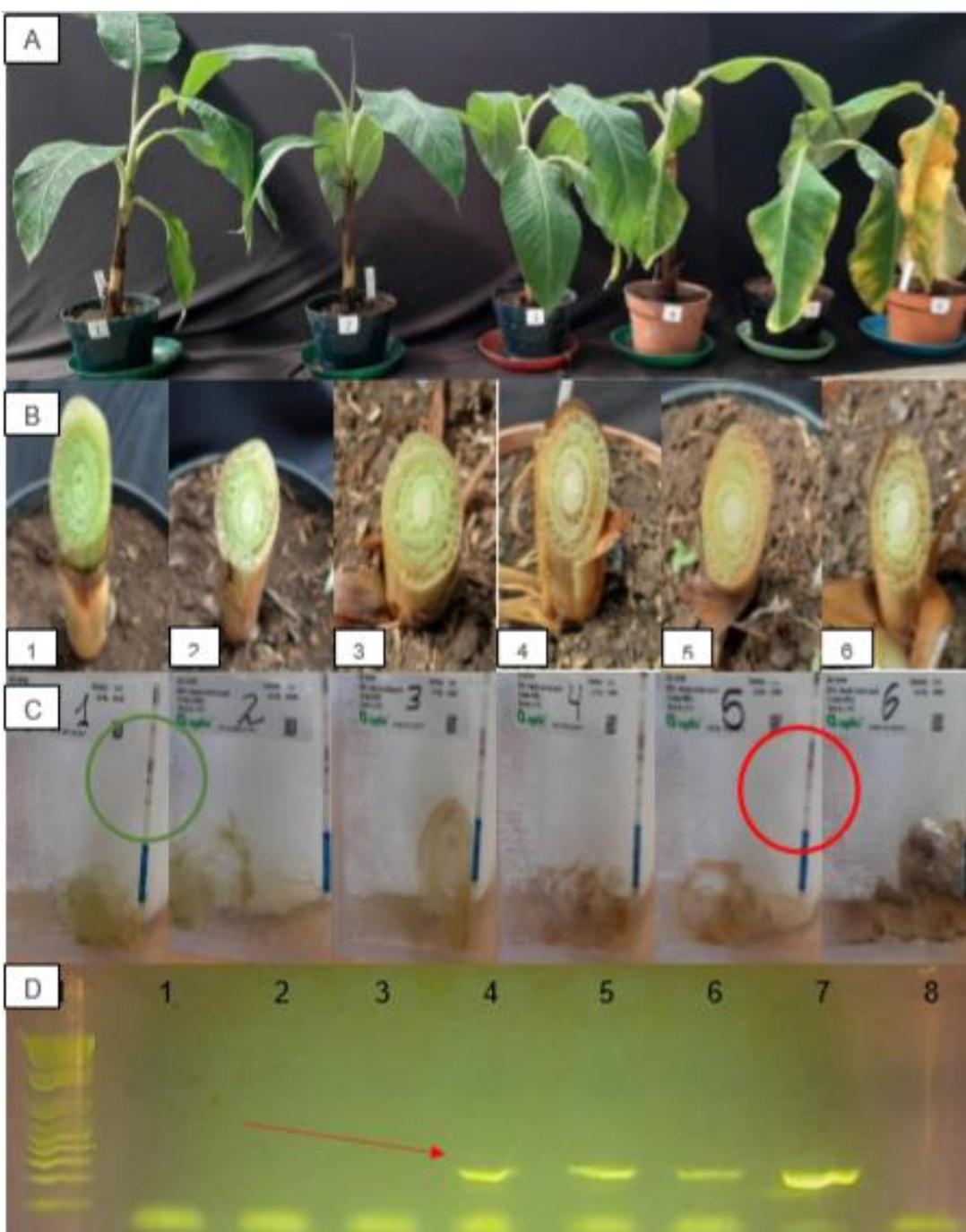
Multiplex PCR para filotipos: Fegan M, Prior P., 2005

Vs

Pardo et al., 2019

Metodología propuesta





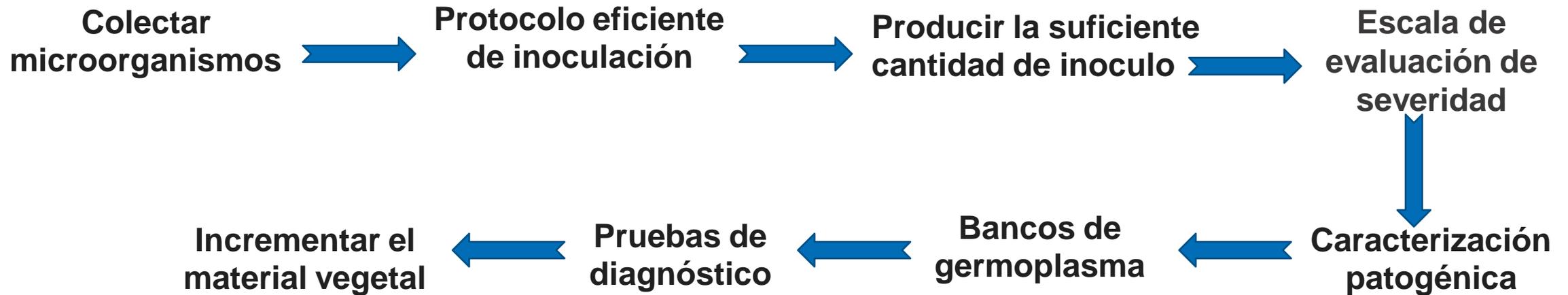
Resistencia

- *R. solanacearum* y *F. oxysporum* f. sp. *cubense* son las más limitantes en la producción de plátano y banano debido a que son **transmitidas por material de siembra, permanecen en suelo por largos periodos de tiempo**, causan la **muerte de las plantas en cualquier edad** y la **resistencia varietal en materiales comerciales es escasa** (Blomme et al., 2017; Jacobsen et al., 2019).

- La **resistencia varietal** lograda ya se sea mediante **cruces convencionales** o a **través de variaciones somaclonales** (Hwang & ko, 2004) es considerada como una de las mejores opciones debido a que **no afecta el medio ambiente**, disminuye significativamente el uso de otras prácticas de manejo como el **control químico o prácticas culturales** que requieran mano de obra que incrementan **los costos de producción** (Blomme et al., 2017; García-Bastidas et al., 2019; Subramaniam et al., 2006).

Importancia del fenotipado en invernadero

-La mayoría de las **variedades mejoradas** de banano son principalmente **mutantes** (originados por variaciones somaclonales) de **Gros michel** seleccionados en campo. Esto representa un gran **gasto de tiempo, recursos** y es poco confiable debido a que las variables **condiciones climáticas**, diferentes **concentraciones de inóculo** y **diversidad del patógeno** pueden romper la resistencia (García-Bastidas et al., 2019)



Tolerancia a Moko

- Genotipo **Pelipita** (Cooking banana) (ABB) y **Manang** (AAA) (Stover, 1972).
- Genotipos diploides (AA) de banano, en los materiales híbridos: **Babi Yadefana** ,**F2P2**, **1319-01**, **1741-01**, **SH 3362** (Oliveira et al., 2000).
- En Colombia para plátano fueron resistentes: **Fougamou** (AAB), **Cachaco**, **Maritú** (AAB), **Pelipita** (ABB), **Pisang Ceylan**, **Saba** (ABB) y **Maqueño** (AAB) y banano, fueron resistentes los genotipos **Yagambi Km 5** (AAA), **Sedita** (AA), **FHIA-17** (AAAA) (Valencia et al., 2014).



FHIA 21 ?

Metodología

1. Evaluación de métodos de inoculación. **FHIA-21 y Dominico hartón** parcelas divididas con cuatro repeticiones

2. Instituto Internacional de Agricultura Tropical (IITA): Genotipos híbridos de plátano **PITA-17, PITA-21, PITA-22, PITA-23, PITA-24, FHIA-21 y Dominico hartón** como controles Parcelas divididas con cuatro repeticiones.

$$\text{ABCPE} = \sum_{i=1}^n \left(\frac{X_i + X_{i+1}}{2} \right) (t_i - t_{i-1})$$



Porqué los genotipos PITA?:

- Excelentes características agronómicas (la fruta es similar a Dominico Hartón y podrían ser utilizados para sustituir éste genotipo susceptible).
- Facultad para el procesamiento de la fruta (Tenkouano, A & Swennen, R. 2004).
- Los híbridos de PITA-21, PITA-23 y PITA-17, tienen resistencia a Sigatoka negra.
- Ciclos cortos de crecimiento y el rendimiento es mucho mayor en comparación con los genotipos locales africanos de la región del Sub-Sahara. (Njukwe et al., 2008).

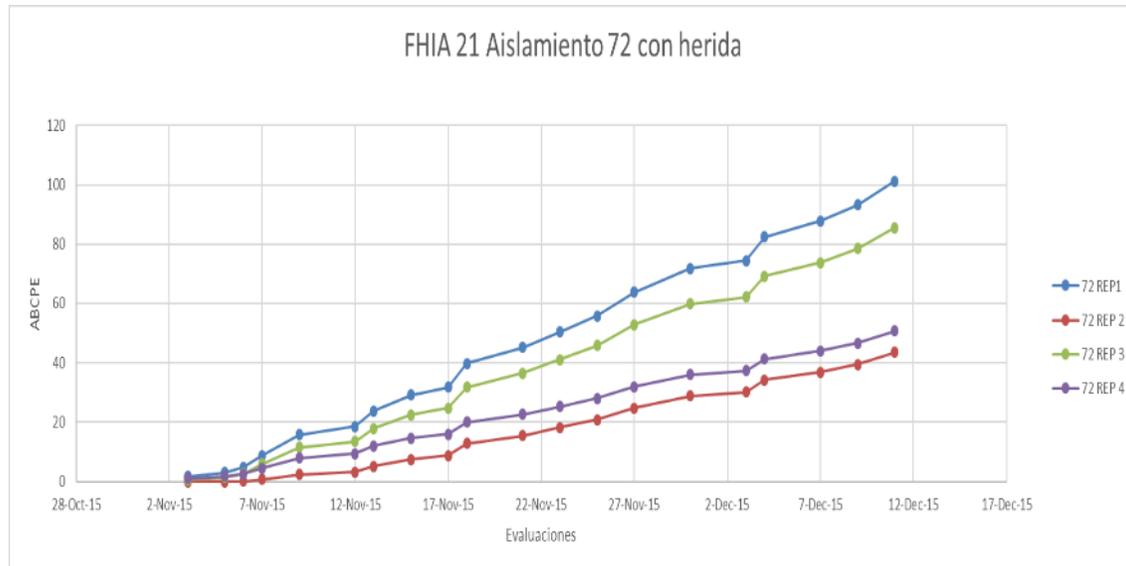
Cepas inoculadas

Cepa CIAT No.	Región	Procedencia	Cultivo	ABCPE ^a	Nivel de patogenicidad
051	Valle del Cauca	Alcalá	Banano	115.5	Alto
074	Valle del Cauca	Caicedonia	Banano	38	Media
059	Valle del Cauca	Ulloa	Banano	13	Baja
078	Quindío	Montenegro	Banano	73.38	Alto

Resultados tolerancia a Moko: Inoculación

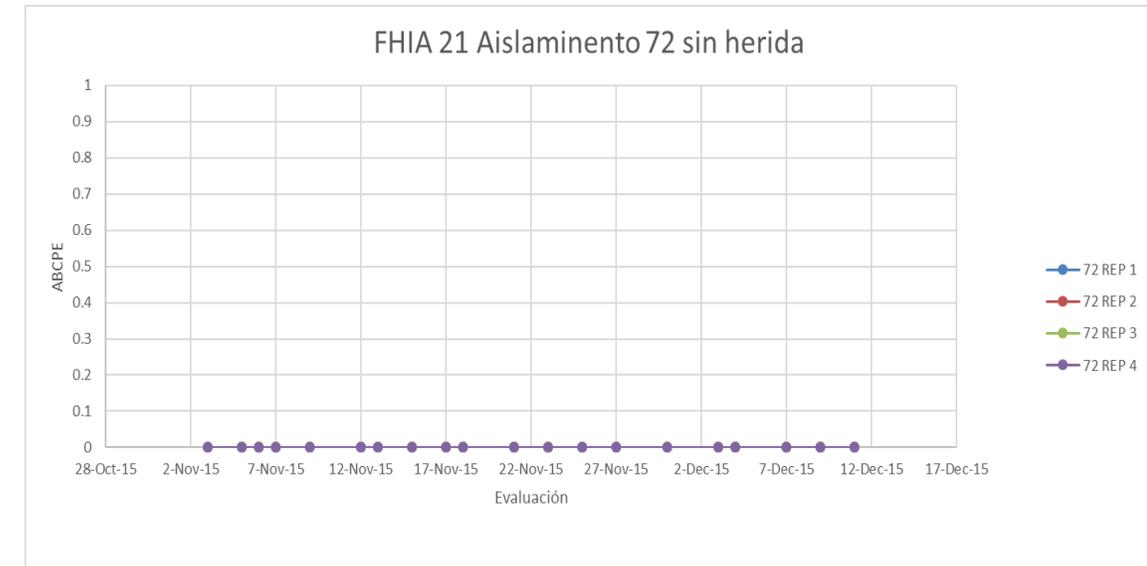
REGWQ*	Promedios	N	Tratamiento
A	71.08	48	CH
B	32.281	48	SH

Diferencia de medias para la variable ABCPE utilizando el test de REGWQ



REGWQ	Promedios	N	Genotipo*Tratamiento
A	2.53	1512	CH-D. Hartón
B	1.37	1512	SH-D. Hartón
C	0.76	1512	CH-FHIA21
D	0.03	1512	SH-FHIA21

Diferencia de medias para la variable severidad utilizando el test de REGWQ



Resultados de genotipos PITAS

REGWQ	Promedio	N	Genotipo
A	95,833	15	PITA-17 (Susceptible)
B	91,4	15	PITA-22 (Susceptible)
B	85,358	15	D. hartón (Susceptible)
B	80,983	15	PITA-24 (Susceptible)
B	73,5	15	PITA-21 (Susceptible)
C	49,167	15	PITA-23 (Tolerante)
D	20,608	15	FHIA-21 (Tolerante)

Diferencia de medias para la variable ABCPE utilizando el test de REGWQ



A. Genotipo *Dominico Hartón*. B. Genotipo Pita 22. C. Genotipo Pita 17. D. Genotipo Pita 21. E. Genotipo Pita 23. F. Genotipo Pita 24. G. Genotipo FHIA 21

Agradecimientos



**RESEARCH
PROGRAM ON
Roots, Tubers
and Bananas**



**UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA**

Alliance



Alliance





Alliance



International Center for Tropical Agriculture
Since 1967 Science to cultivate change

Gracias!

Juan Manuel Pardo
Asociado de Investigación

Jmpardo@cigar.org



Biodiversity International and the International Center for Tropical Agriculture (CIAT) are CGIAR Research Centers.
CGIAR is a global research partnership for a food-secure future.