

T2-B HACIA LA RESISTENCIA A MOSCA BLANCA EN YUCA (MANIHOT ESCULENTA, CRANTZ): MULTIÓMICAS COMO ESTRATEGIA PARA ENCONTRAR MARCADORES

Bohorquez Chau, Adriana¹, Barrera-Enriquez, Vianey¹, Gomez-Jimenez, Maria Isabel¹, Newby, Jonathan¹ y Becerra Lopez-Lavalle, Luis Augusto²

¹Alliance Bioversity-CIAT. Km 17, Recta Cali-Palmira, 6713 Cali, Colombia. ²Chief Scientist. International Center for Biosaline Agriculture. Dubai, United Arab Emirates. ABOHORQUEZ@CGIAR.ORG

Introducción.

Las moscas blancas (WF) son el principal estrés biótico que amenaza la sostenibilidad del cultivo de la yuca, causando daños directos debido a la alimentación y puede destruir el cultivo. La especie más importante en América Latina es *Aleurotrachelus socialis*. Uno de los mecanismos de resistencia más potentes a WF fue descubierto en el CIAT. Para desentrañar el mecanismo de resistencia a WF y definir las regiones genéticas involucradas en la respuesta resistente contra el ataque de *A. socialis*, propusimos adoptar los enfoques ómicos, mapeo QTL (Quantified trait Loci), y Metabolómica para identificar la base genética de la resistencia cuantitativa de la yuca a WF utilizando una población de segregantes entre ECU72 x COL2246 (CM8996). El mapa de ligamiento de alta resolución de esta población fue la base para el mapeo QTL para el rasgo de conteo de ninfas con datos de resistencia recopilados para la familia de segregación recopilados a través de 5 experimentos de fenotipado realizados durante cuatro años (2013, 2016, 2017 y 2018).

Objetivo: encontrar las regiones genómicas, y los metabolitos involucrados en la Resistencia a WF.

Métodos.

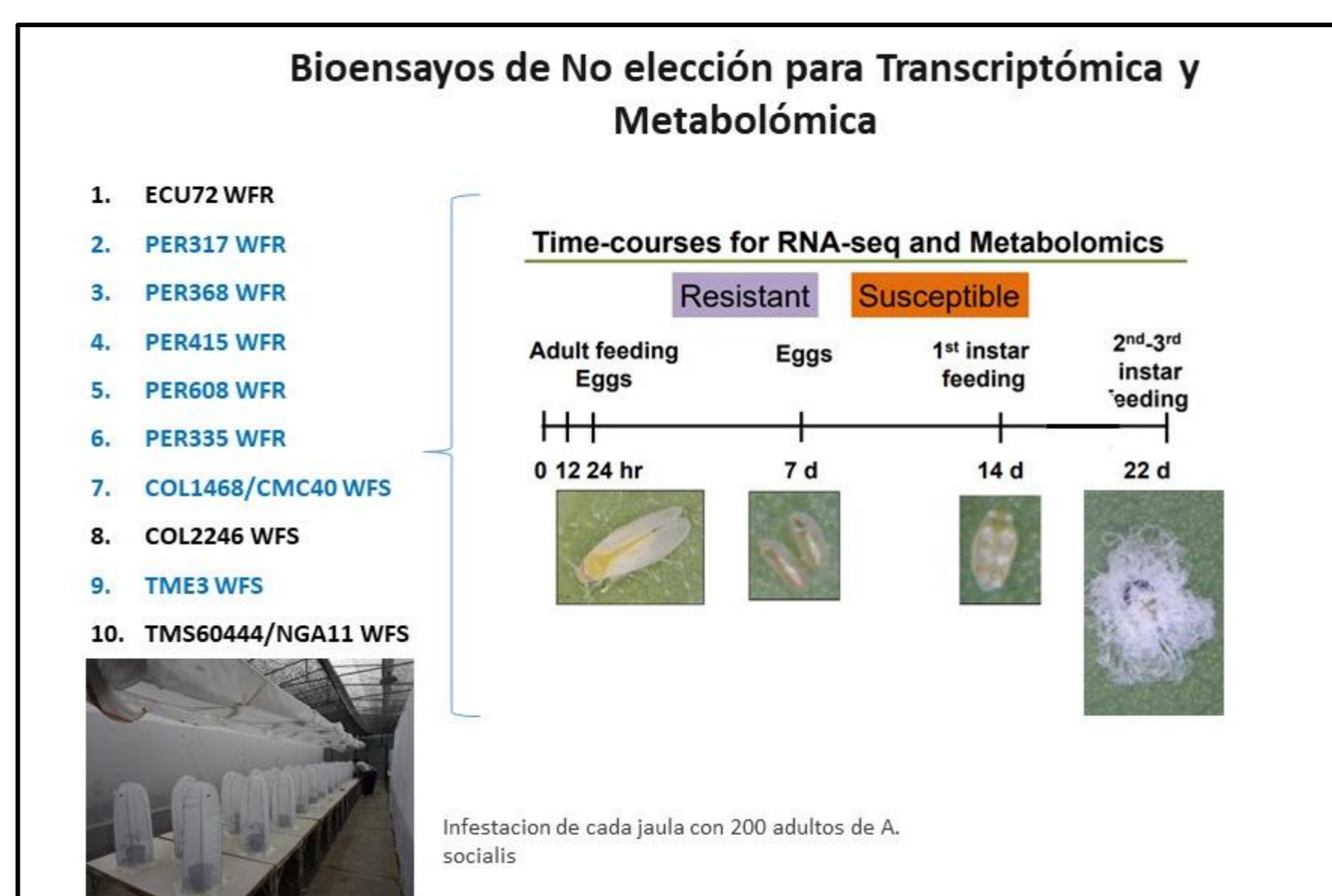


Fig.1 Descripción de Bioensayos de No elección con la WF *A. socialis*, en invernadero para Metabolómica y Transcriptómica.

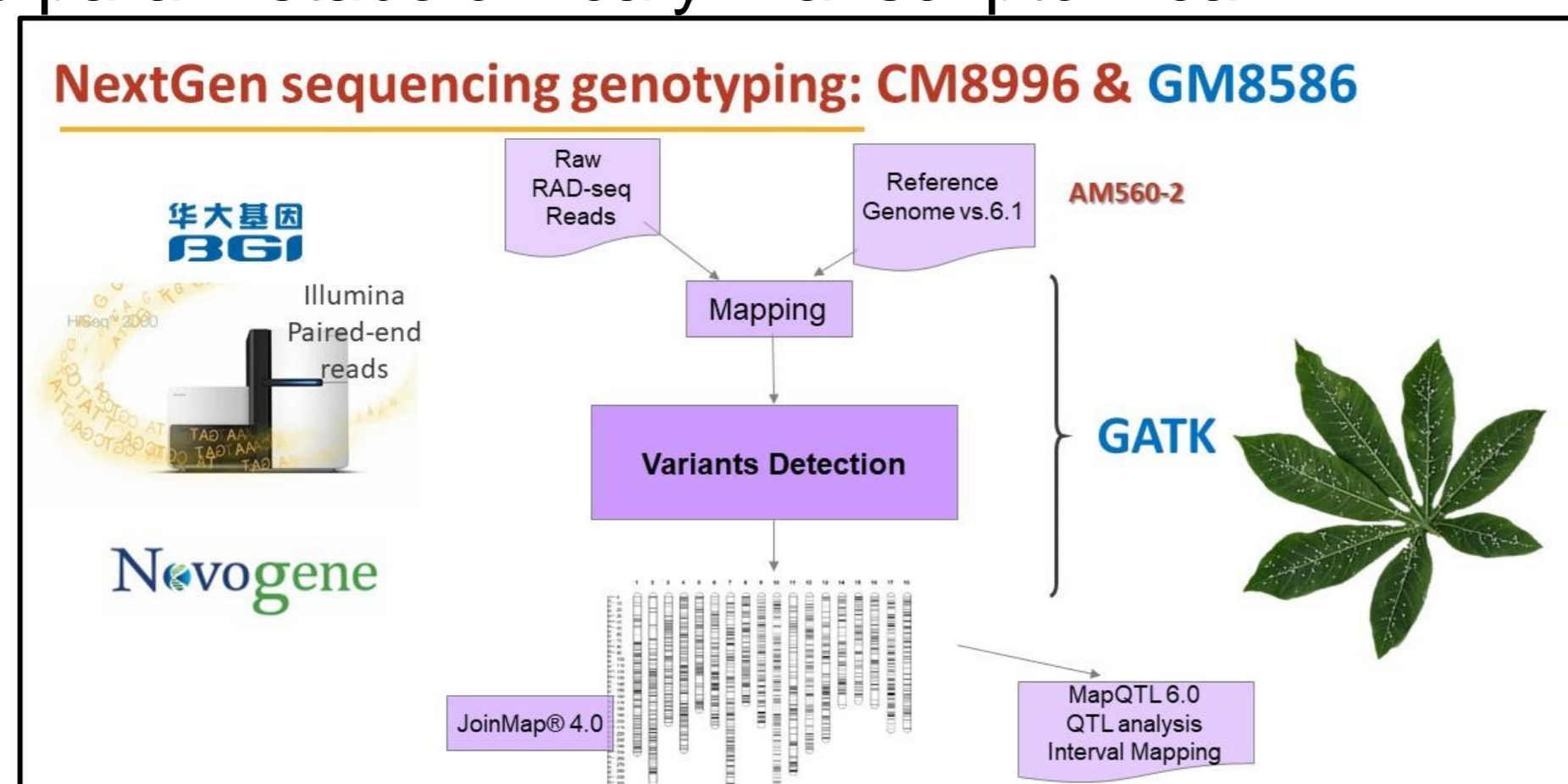


Fig.2 Descripción de Metodología para construcción de Mapas de ligamiento de las dos familias segregantes, usando el programa JoinMap (Van Ooijen, 2006).

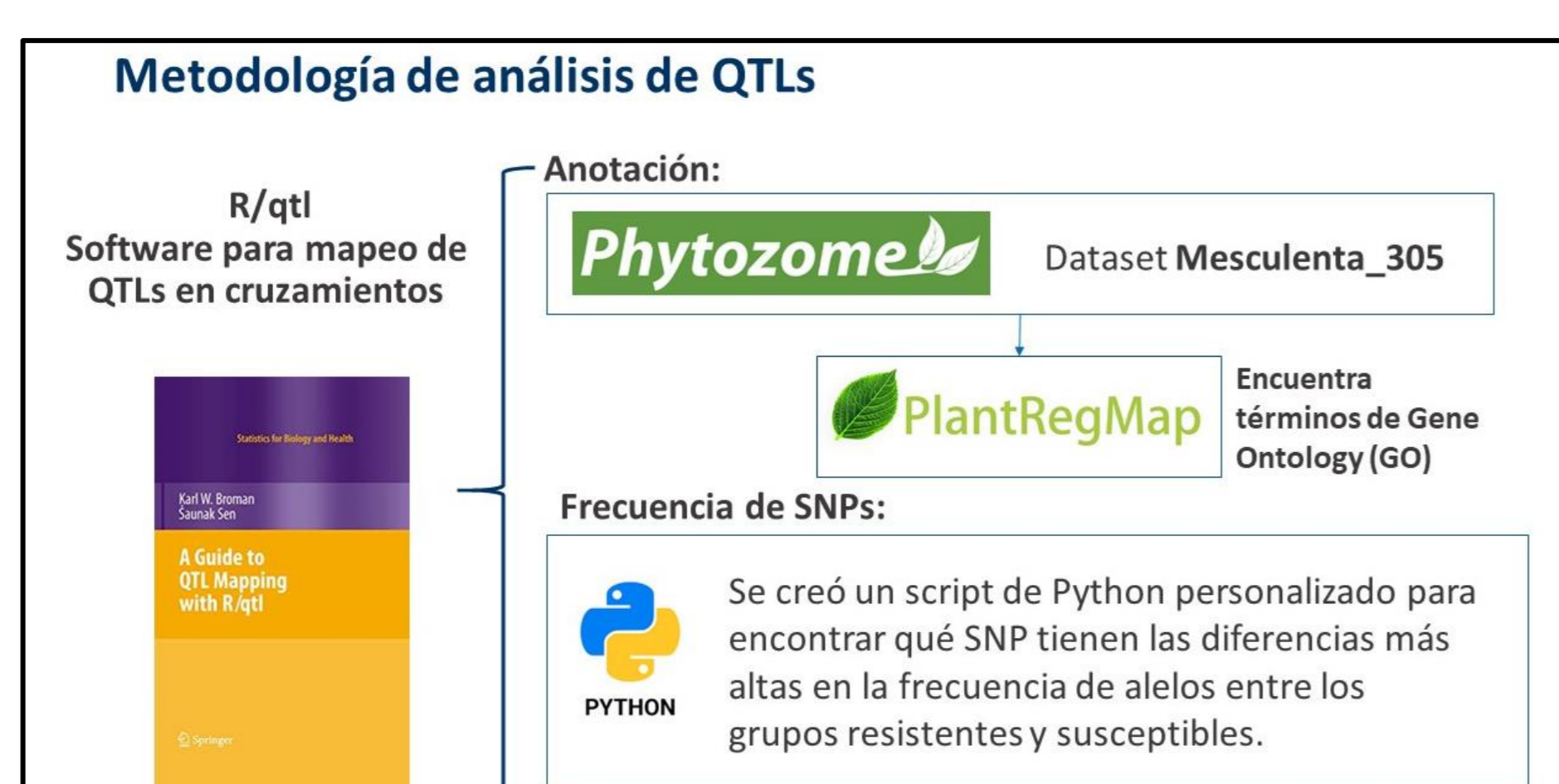


Fig.3 Descripción de la metodología de análisis de QTLs y anotación de los genes involucrados en la resistencia a WF.

Resultados y discusión.

Construimos dos mapas de ligamiento y obtuvimos 22 QTLs significativos para la característica número de ninfas de *A. sociales*, por hoja. Estas regiones genómicas relacionadas con la resistencia a WF están localizadas principalmente en los cromosomas 2, 7, 10 y 14. (Figura 4).

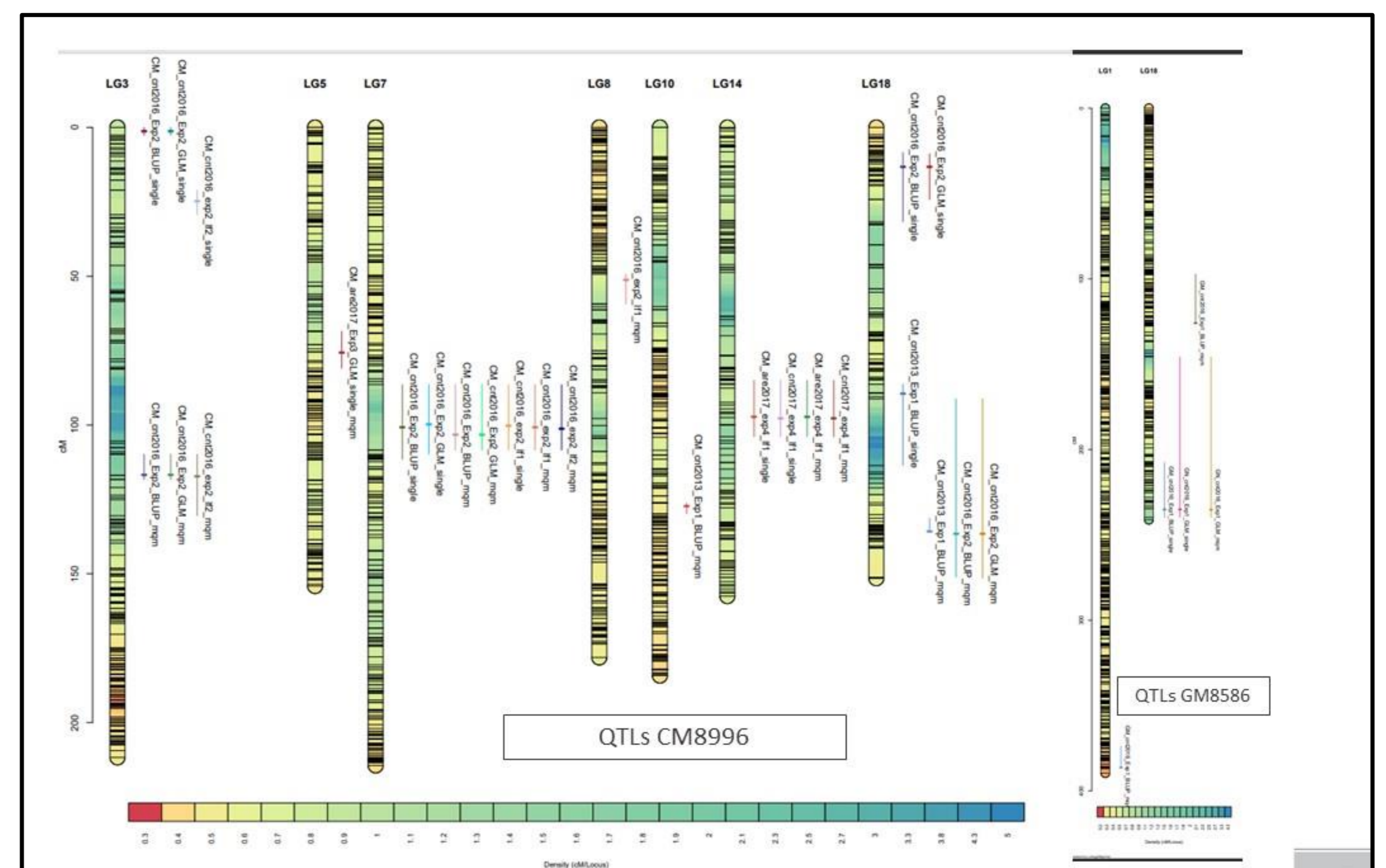


Fig. 4. Mapa de ligamiento con las regiones QTLs relacionadas con la resistencia a WF, de las dos familias segregantes.

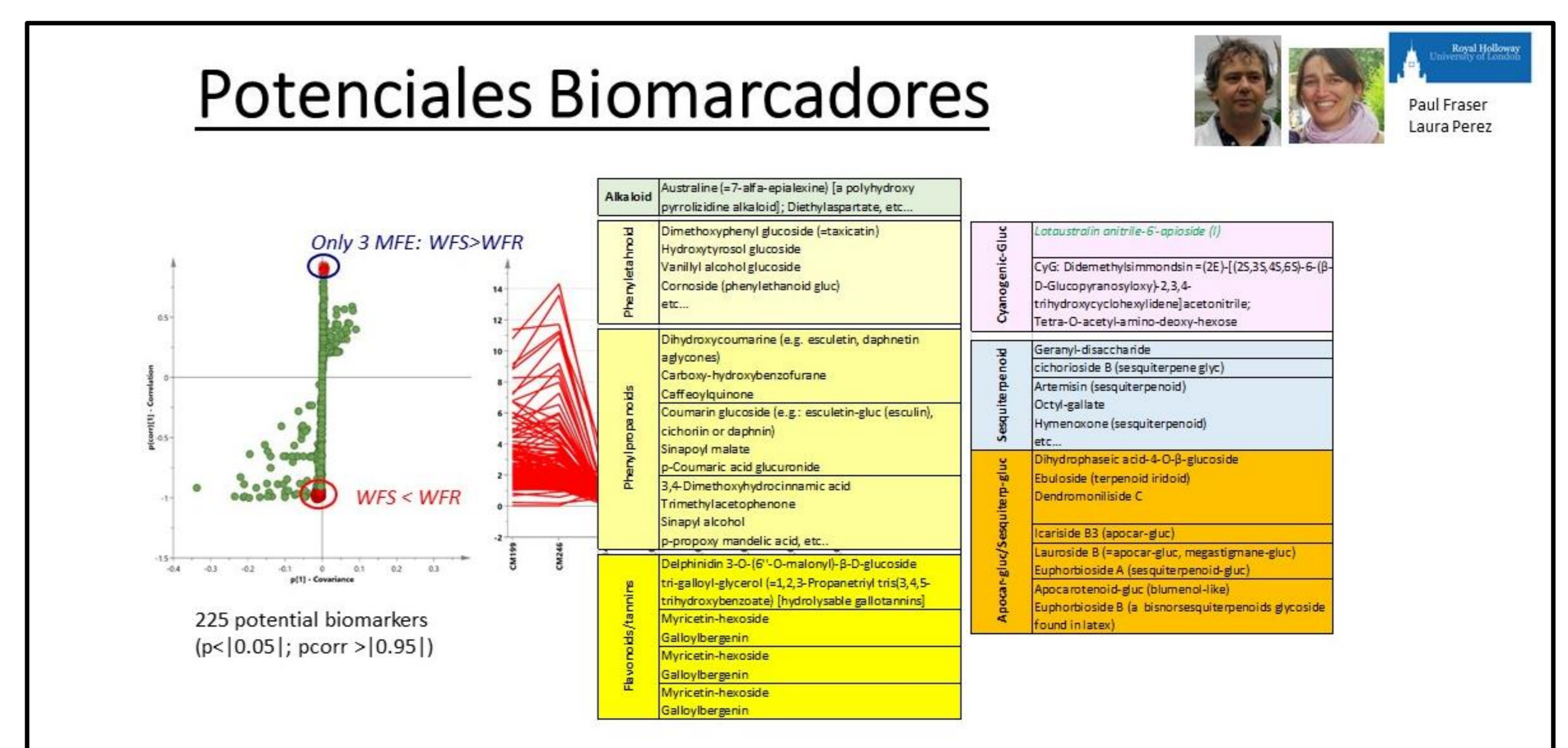


Fig. 4. Biomarcadores obtenidos a partir del análisis de metabolómica en las dos familias segregantes (Perez-Fons et al, 2019)

Conclusiones.

- Se desarrollaron mapas de ligamiento para las dos familias segregantes a la resistencia a WF.
- Se realizó análisis de QTLs, encontrándose 22 regiones asociadas con la resistencia a WF en estas dos familias segregantes.
- Se obtuvieron más de 200 biomarcadores metabolitos para resistencia a WF.

Agradecimientos. La investigación del Proyecto de Mosca Blanca en yuca (CIAT) es patrocinada por Bill and Melinda Gates Foundation.

Referencias.

1. Perez-Fons, L. et al. A metabolomics characterisation of natural variation in the resistance of cassava to whitefly. *BMC Plant Biol* 19, 518 (2019).
2. Van Ooijen, J. (2006). JoinMap R 4, Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. *Kyazma BV, Wageningen* 33, 1371.