

Análisis fenotípico de la resistencia a *Aeneolamia varia* (Hemiptera: Cercopidae) en una población de mapeo de *Urochloa* spp.: hacia herramientas moleculares para el mejoramiento

Paula Espitia Buitrago; Luis Miguel Hernández; Johan Aparicio; Rosa Jauregui.
Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Palmira, Colombia
Contacto: p.espitia@cgiar.org



Introducción

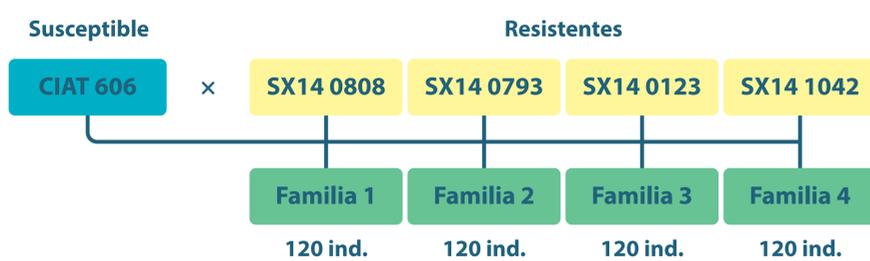
- Los pastos brachiaria (*Urochloa* spp.) son el monocultivo forrajero más extenso del mundo con 120 Mha cultivadas solo en Brasil.
- Diferentes especies de salivazos (Hemiptera: Cercopidae) son plaga clave de estas gramíneas, causando grandes pérdidas económicas en toda la cadena productiva de sistemas ganaderos en América tropical y subtropical.
- El control genético es una de las estrategias más importantes para el manejo de los salivazos en pasturas. Existe una metodología estandarizada de fenotipado de alto rendimiento para categorizar la resistencia en *Urochloa* usada en el programa de mejoramiento interespecífico.
- Integrar herramientas moleculares como la selección asistida por marcadores permite analizar un mayor número de plantas por ciclo en menor tiempo. Sin embargo, el desarrollo de los marcadores requiere asociar mapas genéticos y datos fenotípicos de alta calidad en una población.

Objetivo

Evaluar la antibiosis y tolerancia de 480 híbridos y 5 parentales de una población de mapeo de *Urochloa* interespecífico al ataque de *Aeneolamia varia* en estado ninfal mediante un protocolo estándar de fenotipado.

Materiales y métodos

Población de mapeo: Se cruzaron cuatro parentales resistentes a la característica de antibiosis y tolerancia al ataque de ninfas de *A. varia*, con un parental susceptible, para formar cuatro familias biparentales que conforman una población NAM (*Nested associated population*).



Diseño experimental y análisis: Se realizó un diseño en bloques aumentados de Federer de los 485 genotipos y 3 testigos: CIAT 6294 (resistente), CIAT 36087 (intermedio), CIAT 606 (susceptible), con cinco repeticiones en el tiempo para la variable respuesta daño y cuatro repeticiones para la variable respuesta supervivencia.

Se realizó un análisis factorial múltiple (modelo FA2) en dos etapas, tomando cada réplica en el tiempo como un ambiente (R1 a R11). Así, se obtuvieron BLUPs (*best linear unbiased prediction*) para cada genotipo para las dos variables respuesta.

Referencias

- Aparicio J. 2022. MrBean: Web application for analyzing field experiments. R package version 2.0.9
Hernández L; Espitia P; Cardoso JA. 2022. Digital imaging outperforms traditional scoring methods for spittlebug tolerance in *Urochloa humidicola* hybrids. *Tropical Grasslands-Forrajes Tropicales*, 10(3):271-279. [https://doi.org/10.17138/TGFT\(10\)271-279](https://doi.org/10.17138/TGFT(10)271-279)
Parsa S; Sotelo G; Cardona C. 2011. Characterizing herbivore resistance mechanisms: Spittlebugs on *Brachiaria* spp. as an example. *Journal of Visualized Experiments* 52:e3047. <https://doi.org/10.3791/3047>

Agradecimientos

Este trabajo fue realizado como parte de la iniciativa del CGIAR Accelerated Breeding, con el apoyo del Grupo Papalotla. Agradecemos a los donantes que apoyan nuestra investigación y contribuciones a través del CGIAR system. Las opiniones expresas en este documento no son oficialmente las de estas organizaciones.

Agradecemos a Jeison Velasco y Santiago Vargas por la participación en el montaje de los experimentos.



INITIATIVE ON Accelerated Breeding

Poster preparado para:

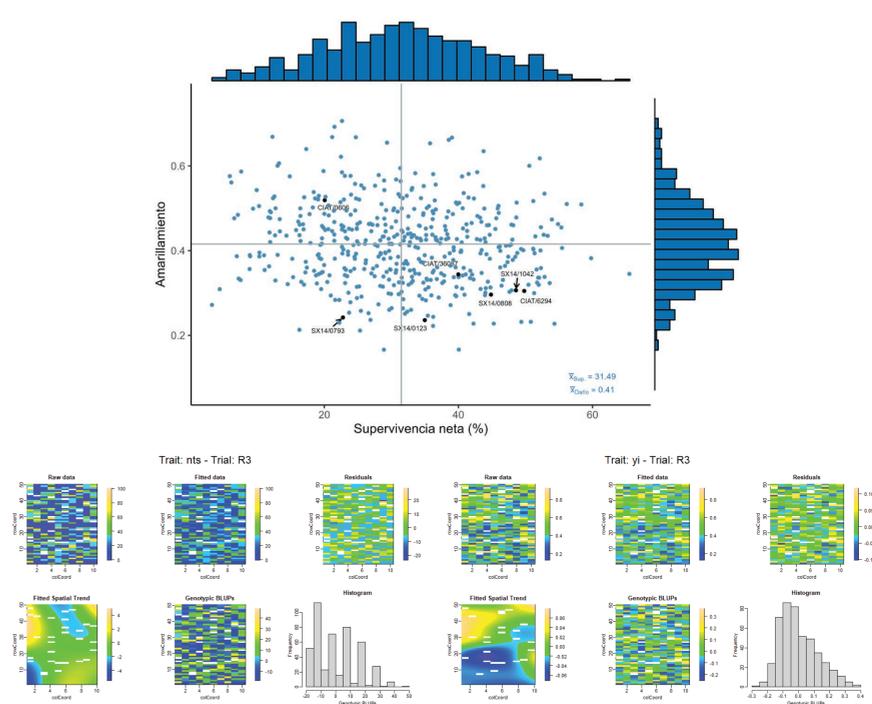


Fenotipado: Se adaptó la metodología de Parsa et al. (2011): ensayos de no escogencia en unidades experimentales de un único tallo. Cada unidad experimental se infestó con 6 huevos de *A. varia*. 35 días después de infestación (DDI) se contaron los individuos vivos para calcular la supervivencia neta y se cuantificó el daño en el software Image J a partir de imágenes digitales tomadas con una cámara reflex (Nikon D7500) y la posterior estimación de índices de amarillamiento.



Figura 1. Evaluación de supervivencia neta y análisis de daño de las plantas a los 35 DDI con ninfas de *A. varia*.

Resultados



Discusión

Se observó variabilidad espacial en los ensayos para las dos variables respuesta, aumentando la variabilidad por efectos no genotípicos. El método de análisis factorial múltiple con un modelo de dos factores, permite identificar estos ensayos, filtrarlos y así aumentar el ajuste del modelo (47% y 43% de varianza explicada por efectos genotípicos para daño y supervivencia).

La progenie mostró una amplia variabilidad en la antibiosis y tolerancia al ataque ninfal de salivazo, sugiriendo que también habrá variabilidad en los SNP encontrados, además, por ser una población multiparental, podrá aumentar el número de los mismos asociados a ambas variables.

Conclusiones

- ▶ El método de fenotipado y análisis de datos utilizados lograron capturar los efectos genotípicos en más de un 40%, siendo de utilidad para la asociación con mapas genéticos y la identificación de QTL (*quantitative trait loci*).
- ▶ La antibiosis y la tolerancia a ninfas de *A. varia*, son caracteres claves para el desarrollo de híbridos de *Urochloa* con una amplia variabilidad en su expresión, por lo que se espera que sea un carácter oligogénico o poligénico.