



Universidad de Concepción
Dirección de Postgrado
Facultad de Ciencias Forestales-Programa de Doctorado

Desarrollo de mapa de ligamiento genético y detección de QTLs asociados a la resistencia *contra Fusarium circinatum* Nirenberg & O'Donnell en *Pinus radiata* D. Don.

PRISCILA ESTER MORAGA SUAZO
CONCEPCIÓN-CHILE
2012

Profesor Guía: Sofía Valenzuela Aguila
Departamento de Silvicultura, Facultad de Ciencias Forestales
Universidad de Concepción

RESUMEN

Pinus radiata es considerada una de las especies más susceptibles al cancro resinoso, enfermedad causada por el hongo patógeno *Fusarium circinatum*. En Chile, la problemática causada por este patógeno ha sido detectada hasta el momento sólo a nivel de viveros, y en forma aislada en plantaciones jóvenes, donde no se ha detectado diseminación secundaria. Debido a la importancia de *P. radiata* en Chile y el riesgo potencial que significa la presencia del patógeno, se han implementado diferentes medidas de control, entre las cuales la búsqueda de resistencia genética se constituye en la única alternativa aplicable a plantaciones. La resistencia genética al cancro resinoso ha sido demostrada en todas las especies de *Pinus* estudiadas, estimándose la herencia poligénica del carácter, sin embargo aún no existen trabajos enfocados en dilucidar acerca de los posibles loci asociados a resistencia y su distribución en el genoma de *P. radiata*. En este sentido, una de las estrategias más adecuadas es el mapeo de loci de carácter cuantitativo (QTL), que involucra el desarrollo de técnicas de marcadores moleculares, una población segregante para el carácter en estudio y herramientas estadísticas para llevar a cabo la asociación entre los datos fenotípicos y genotípicos obtenidos de la población seleccionada.

De acuerdo a lo anterior, un mapa de ligamiento genético fue desarrollado empleando la estrategia de pseudocruzas de prueba de dos vías, en una familia de *P. radiata* (XOxXP) seleccionada por la distribución continua de la respuesta a la infección por *F. circinatum*, la cual estaba compuesta por 86 hermanos completos. Tanto los parentales como la progenie fue posteriormente genotipificada, para lo cual se empleó un total de 787 marcadores moleculares. El análisis de ligamiento fue realizado empleando un LOD score > 4 , frecuencia de recombinación máxima de 0.3 y la función de Kosambi para estimación de la distancia relativa. Para la detección de QTL fue empleado el criterio de información bayesiana (BIC).

Cuatro metodologías de marcadores fueron establecidas: SSR, AFLP, SAMPL e ISSR. De estos marcadores los más informativos fueron SSR y se logró establecer un protocolo eficiente y reproducible a través de detección de fragmentos vía electroforesis capilar, tanto para AFLP, SAMPL e ISSR, estas últimas dos metodologías no habían

sido implementadas previamente en la especie. De los 787 marcadores moleculares empleados, 458 marcadores fueron mapeados sobre 12 grupos de ligamiento en XO y XP, lo cual es igual al número de cromosomas haploides presentes en *P. radiata*. A través del análisis de ligamiento se obtuvo un mapa de mediana a alta densidad para cada parental, con 1.060 cM y 1.258 cM de cobertura para XO y XP, respectivamente. La detección de QTL mediante BIC mostró que LG-2 y LG-8 en XO tenían probabilidad significativa para la presencia de uno o más QTL, mientras que sólo LG-8 en XP resultó significativo para la presencia de QTL. Tanto el LG-8 de XO y XP, presentan marcadores con una alta probabilidad de selección, mayor a 80% y cuyo efecto estimado es negativo, por lo que estarían asociados a resistencia frente al patógeno. Los resultados indican que la resistencia es heredada de ambos padres, entregando la base para posteriores estudios focalizados en ahondar en el conocimiento de los genes que estarían detrás de estos QTL, y enriquecer la información contenida en el presente mapa de QTL, incorporando información reciente acerca de EST asociado a resistencia a pitch canker en *P. taeda*, lo cual permitirá futuras aplicaciones de selección asistida.

