

## LA RESISTENCIA DE LA VID A LOS PATÓGENOS: UN PUNTO DE VISTA GENOMICO

G. MALACARNE, F. MOREIRA, M. PERAZZOLLI, M. S. GRANDO, R. VELASCO

*Fondazione Edmund Mach, Istituto agrario di San Michele all'Adige (Iasma), 38010 San Michele all'Adige (TN), Italia; riccardo.velasco@iasma*

### Resumen

La vid (*Vitis vinifera* L.) representa uno de los principales cultivos por la extensión de la superficie cultivada y por la importancia económica de la uva y de sus derivados. Pero las variedades cultivadas son susceptibles al ataque de numerosos patógenos que dañan la productividad y la calidad. Como consecuencia de ello existe un empleo importante de productos antiparasitarios, cuya utilización además de representar un coste elevado tiene consecuencias negativas sobre el hombre y sobre el medio ambiente. En consecuencia, se iniciaron varias estrategias para combinar rasgos cualitativos de las variedades cultivadas con los caracteres de resistencia de las especies salvajes. La aplicación de la mejora genética no tuvo sin embargo un gran éxito por las características biológicas de la vid (largo ciclo de generación, elevada heterocigosidad y depresión por consanguinidad), por la baja calidad de la uva producida de los híbridos obtenidos y por la complejidad genética de los rasgos de resistencia.

La reciente secuenciación del genoma de la Pinot Noir representa un paso importante porque permite definir y caracterizar con precisión las regiones genómicas asociadas a los caracteres cuantitativos (Quantitative Trait Loci, QTL) responsables de la resistencia.

### Los genes de resistencia en el genoma de la Pinot Noir

Las plantas están sometidas a ataques constrictos por parte de microorganismos patógenos y han desarrollado complejos mecanismos de defensa que se basan en barreras preexistentes o en procesos inducidos por la presencia del patógeno. Son capaces de reconocer tanto las moléculas comunes a patógenos diferentes como elicitores específicos de particulares cepas de patógenos a través de una interacción llamada gen-por-gen. Este último mecanismo está presente en las variedades que poseen genes que codifican los receptores de señales, constituidos por un dominio de transducción de señal (NBS) y por un dominio receptor rico en aminoácidos leucina (LRR). El dominio LRR reconoce de forma específica los elicitores del patógeno y, a través del dominio NBS, desencadena los procesos celulares que impiden la invasión del patógeno.

Durante la búsqueda de estos dominios en la secuencia del genoma de Pinot Nero, se identificaron 341 genes NBS, un número similar al de genes de defensa identificados en otras plantas, como *Arabidopsis* (207) y Álamo (398). El análisis filogenético de estos genes permitió agruparlos en 5 clases principales (Figura 1), que presentan una buena correlación con la clasificación obtenida en base a la composición de dominios proteicos.

La colocación de los genes NBS en el genoma evidenció una colocación principal en los cromosomas 5, 7, 9, 12, 13, 18, 19, agrupados en secciones restringidas de ADN (cluster, Figura 1), como ya se observó en otras especies vegetales. Los miembros del mismo cluster pertenecen generalmente a la misma clase filogenética, esto sugiere que son originados principalmente por duplicación.

### Utilización del genoma para la mejora genética de la vid

La variedad Pinot Noir, así como otras muchas variedades cultivadas, es susceptible al ataque de muchos patógenos, a pesar de que su genoma está dotado de una proporción importante de genes de resistencia. La susceptibilidad, sin embargo, está provocada por la ausencia de reconocimiento de los patógenos debido a la falta de co-evolución de los alelos de resistencia sometidos a presión selectiva. No obstante, la colocación de los genes de resistencia en el genoma de la Pinot Noir es

de gran interés a la hora de transferir esta información a los híbridos de vid, dada la correspondencia (sintenia) de estas regiones entre las diferentes especies del género *Vitis*. Se comparó a continuación la posición de los genes NBS en el genoma de Pinot Nero con la de los QTL para la resistencia al mildiu. Los experimentos para la identificación de QTL en el IASMA se llevaron a cabo utilizando dos progenies híbridas obtenidas del cruce 'Moscato blanco' x *V. riparia* y del cruce 'VRH3082 1-42' (*V. rotundifolia* x *V. vinifera*) x 'Sk77 5/3' (*V. amurensis* x *V. vinifera*), segregantes de la resistencia al mildiu (Figura 2). Se evidenció que algunos QTL están situados en correspondencia con cluster de genes NBS (Figura 1). Es interesante señalar que el principal QTL para la resistencia al mildiu, identificado en el híbrido 'Regent', co-ubicado con un cluster de genes de resistencia en la fracción distal del LG 18 (Fisher et al., 2004 Theor Appl Genet 108: 501-515).

Conocer la ubicación exacta de los genes de resistencia representa una ventaja importante para la identificación de genes candidatos responsables de la resistencia o de otros rasgos de interés.

### **Conclusiones**

La secuenciación del genoma de la vid ofrece la oportunidad de un nuevo enfoque para la mejora genética de esta planta cultivada. Los cluster de los genes de resistencia colocados en el genoma pueden estar asociados a los QTL responsables de los rasgos de resistencia o tolerancia a las enfermedades. Esta valiosa información puede ser utilizada eficazmente mediante la transferencia de cluster de genes de resistencia de los genomas de especies salvajes a los de las variedades cultivadas utilizando marcadores moleculares adecuados asociados a ellos. Esta transferencia dirigida permitirá evitar la trasmisión simultánea de rasgos indeseados de la especie salvaje utilizada como fuente de resistencia.

**Figura 1**

Análisis filogenético de los genes de resistencia de Pinot Nero. La subdivisión de los genes NBS en familias filogenéticas corresponde a la clasificación sobre la base de los dominios proteicos : TIR-NBS-LRR (azul), CC-NBS-LRRa (verde), CC-NBS-LRRb (amarillo), NBS-LRR (azul claro), CC-NBS-LRR (rojo). B, localización de los genes de resistencia en los cromosomas (Linkage groups-LG) de Pinot Nero. Los genes NBS están representados por puntos de color de acuerdo con el análisis filogenético. A la izquierda de cada LG están indicados los marcadores moleculares del mapa genético (<http://genomics.research.iasma.it>) junto con el intervalo, expresado en cM, comprendido entre los dos marcadores más asociados a cada cluster de genes (Velasco et al., 2007 PLoS ONE 2: e1326). Los principales QTL para la resistencia al mildiu (DM) están indicados con barras a la izquierda de los LG 13 y 18.

