

# Análisis de la diversidad genética de poblaciones de Cryphonectria parasitica en Galicia mediante microsatélites

Aguin, O., Montenegro, D., Mansilla, J.P.

Estación Fitopatolóxica do Areeiro. Subida a la Robleda s/n. 36153 Pontevedra. E-mail: olga.aguin@depo.es

## Introducción

En la actualidad el único sistema que se muestra eficaz en el control de del cancro del castaño causado por Cryphonectria parasitica (Murrill) M.E. Barr, es la aplicación de cepas hipovirulentas. En el éxito de este control influyen significativamente la variabilidad y la estructura genética de la población. Tradicionalmente la variabilidad genética de las poblaciones de C. parasitica se ha estudiado mediante la determinación del número de tipos de compatibilidad, pero este sistema es limitado. Actualmente existen marcadores basados en ADN de tipo microsatélite (SSR, simple sequence repeats), que permiten el estudio directo del genotipo y posibilitan la identificación de individuos y el establecimiento de las relaciones existentes entre los miembros de una población.

Recientemente se han aislado 66 loci microsatélites que han sido utilizados con éxito en el estudio de la diversidad genética de poblaciones europeas y americanas de *C. parasitica*. Por eso el objetivo de este trabajo fue determinar esta diversidad en las poblaciones gallegas de *C. parasitica* mediante el estudio de 4 secuencias microsatélites.

### Material y métodos

Muestreo de Cryphonectria

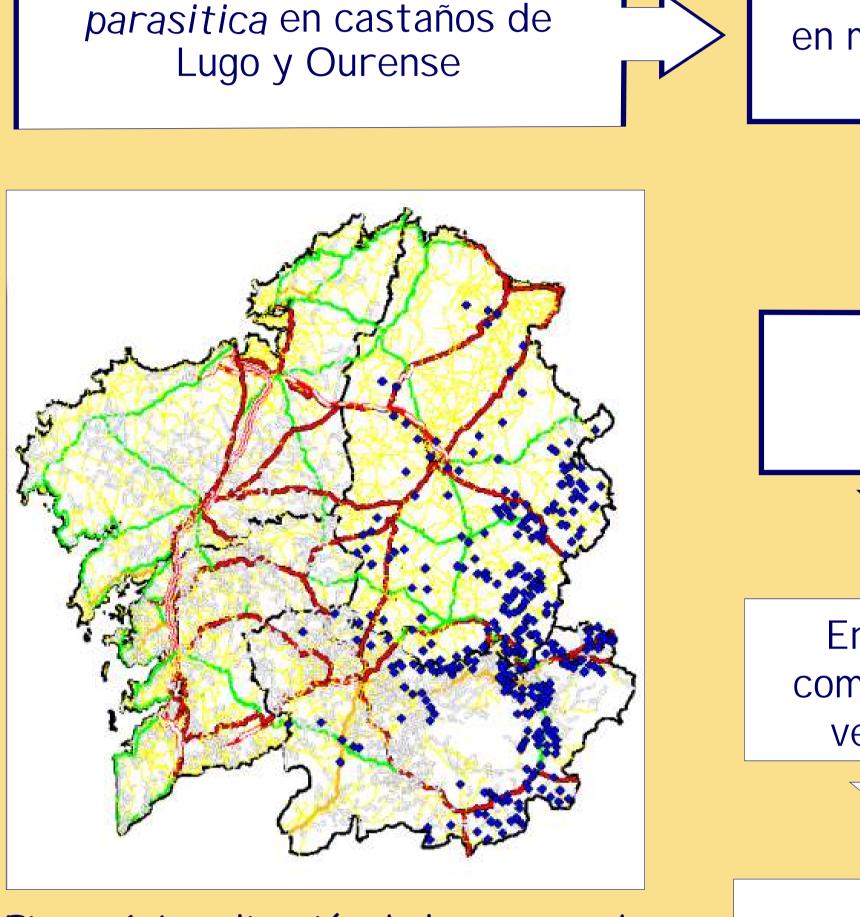


Figura 1. Localización de los puntos de muestreo de *Cryphonectria parasitica* en las provincias de Lugo y Ourense.

# Aislamiento de Cryphonectria parasitica en medio PDA a partir de muestras de corteza sintomática 585 aislados: 241 de Lugo y 344 de Ourense Ensayos de compatibilidad vegetativa Extracción de ADN Análisis de microsatélites

### ANÁLISIS DE MICROSATÉLITES

- 1. Extracción de ADN: EZNA Fungal DNA KIT (Omega Biotek), a partir de 40 mg de micelio fresco.
- 2. Amplificación: G4, E4 y E8 utilizando el primer directo marcado. G14 utilizando una cola de M13 marcada (Schuelke, 2000) (tabla 1).
- 3. Análisis de fragmentos: secuenciador ABIPrism 3130 (Applied Biosystems).
- 4. Asignación del tamaño de alelos: GeneScan V3.5 (Applied Biosystems).
- 5. Análisis de datos: programa POPGENE V1.32.
  - > Frecuencias alélicas.
  - Indice de Nei.
  - > Indice de diversidad de Shannon.

Tabla 1. Loci microsatélites analizados, referencia bibliográfica, motivo de repetición y fluoróforo utilizado para su marcaje.

Locus	Referencia	Core	Marcaje	
CpG4	Breullin et al., 2006	(GA) <sub>16</sub>	VIC	
CpE4	Breullin et al., 2006	(GT) <sub>19</sub>	NED	
CpE8	Breullin et al., 2006	(AAC) <sub>15</sub>	PET	
CpG14	Kubisiak et al., 2007	(AGGAAG) <sub>6</sub>	6-FAM	

### Resultados

Los 4 microsatélites estudiados fueron polimórficos detectándose de 3 a 5 alelos por locus. En la figura 2 se muestra el electroferograma de una de las muestras analizadas. La diversidad genética de los loci varió desde 0,05 a 0,5 (tabla 2). Los tamaños de los alelos obtenidos para cada locus y las frecuencias alélicas estimadas en el conjunto de todos los individuos se muestran en la tabla 3.

Tabla 2. Características de los 4 loci microsatélite analizados. Rango de los alelos detectados (expresado en nucleótidos), número de alelos observados y diversidad genética de cada locus en el conjunto de la población (He).

Locus	Rango	Número alelos	H <sub>e</sub>	
CpG4	182-208	4	0,41	
CpE4	219-231	3	0,05	
CpE8	97-118	5	0,05	
<b>CpG14</b> 255-285		4	0,50	

Tabla 4. Diversidad genética de los 4 loci microsatélite y diversidad de tipos de compatibilidad vegetativa (tipos VC) en las poblaciones de Lugo y Ourense.

Población	Lugo	Ourense		
N° individuos	241	344		
Loci microsatélite				
N° medio alelos	3,25	3,75		
He	$0,26 \pm 0,27$	$0,23 \pm 0,20$		
N° haplotipos	8	10		
Hs	1,10	1,10		
Tipos VC				
N° tipos	7	7		
Hs	0,93	0,98		

He: índice de Nei. En paréntesis se indica la desviación estándar.

Hs: índice de Shannon.

### 

Figura 2. Electroferograma en el que se observan los picos correspondientes a los 4 loci estudiados.

Tabla 3. Tamaño y frecuencia de los alelos encontrados en cada locus.

Locus							
G4		E4		<b>E</b> 8		<i>G</i> 14	
Tamaño (n)	Frecuencia alélica	Tamaño (n)	Frecuencia alélica	Tamaño (n)	Frecuencia alélica	Tamaño (n)	Frecuencia alélica
208	0,72	231	0,98	118	0,01	285	0,6
190	0,27	225	0,014	115	0,98	273	0,4
188	0,014	219	0,01	106	0,01	263	0,01
182	0,02			103	0,01	255	0,01
				97	0,01		

La riqueza alélica y la diversidad genética, He, fue similar en Lugo y Ourense (tabla 4). En cada provincia el número de haplotipos observados fue superior al número de tipos VC. La comparación de haplotipos y tipos VC entre poblaciones mostró que en el conjunto de todos los individuos existen más haplotipos microsatélites diferentes (12) que tipos vc distintos (9) (datos no mostrados). La diversidad de tipos VC estimada mediante el índice de Shannon (Hs) fue inferior a la de los haplotipos microsatélites (tabla 4). En las dos provincias se obtuvieron valores similares de Hs.

Los resultados del análisis de los 4 loci microsatélites son consistentes con los resultados de los tipos de compatibilidad vegetativa y sugieren que las poblaciones de *C. parasitica* de Galicia presentan poca variabilidad. La baja diversidad detectada indica que las posibilidades de éxito del control del cancro con cepas hipovirulentas pueden ser elevadas.

### Referencias

BREUILLIN, F., DUTECH, C. y ROBIN, C. 2006. Genetic diversity of the chestnut blight fungus Cryphonectria parasitica in four French populations assessed by microsatellite markers. Mycological Research, 110:288-296. KUBISIAK, T. L., DUTECH, C. y MILGROOM, M. G. 2007. Fifty-three polymorphic microsatellite loci in the chestnut blight fungus, Cryphonectria parasitica. Molecular Ecology Notes, 7: 428-432. SCHUELKE, M. 2000. An economic method for the fluorescent labelling of PCR fragments. Nature Biotechnology 18: 233-234.