

Selección genética: gestión de los nematodos del quiste de la patata que han superado las resistencias actuales de las plantas hospedadoras

La mejor solución para controlar las poblaciones de *Globodera pallida* es cultivar variedades resistentes de patata, pero la mayoría de las variedades resistentes contienen el mismo factor de resistencia procedente de *Solanum vernei*. Este gen de resistencia ha sido eficaz durante muchos años, pero ahora hemos descubierto que ya no es efectivo para detener algunas poblaciones (virulentas) de nematodos del quiste de la patata (PCN).

Esta “ruptura de la resistencia” solo puede resolverse si comprendemos lo que ha sucedido. Para ello, necesitamos saber más sobre el propio nematodo, sobre su propagación y sobre la planta hospedadora.

En primer lugar, identificaremos las regiones genómicas relacionadas con la virulencia del nematodo y desarrollaremos una herramienta molecular de diagnóstico para cartografiar la propagación de las poblaciones virulentas de PCN. Para ello, secuenciaremos poblaciones de *G. pallida* capaces de superar la resistencia y realizaremos un escaneo del genoma. En el marco de NEM-EMERGE, hemos identificado regiones genómicas candidatas utilizando poblaciones virulentas obtenidas en el laboratorio. También hemos recolectado poblaciones naturales con diversos niveles de virulencia, y actualmente las estamos analizando.

En una segunda fase, desarrollaremos un modelo de proliferación que proporcionará información sobre cómo de virulentos pueden volverse los nematodos bajo diferentes regímenes de gestión. En 2024 publicamos un modelo demogenético que tiene en cuenta las características genéticas de las poblaciones de *G. pallida*, y ahora el trabajo consiste en integrar este modelo en los actuales sistemas de apoyo a la toma de decisiones para los agricultores.

Por último, pero no por ello menos importante, nuestro objetivo es identificar nuevas fuentes de resistencia para controlar las poblaciones virulentas emergentes. Hemos decidido estudiar en profundidad la resistencia del *Solanum sparsipilum*, que viene dada por una combinación de dos pequeñas regiones genómicas. Tras una etapa de enriquecimiento, que permite centrar la secuenciación en los genes de resistencia, se secuenciarán genotipos de patata procedentes del cruce inicial entre progenitores susceptibles y resistentes para identificar marcadores vinculados a cada una de las regiones.



Figura 1: Test de resistencia realizado en los invernaderos

AUTOR(ES/AS)

Montarry Josselin – josselin.montarry@inrae.fr
Kiewnick Sebastian – sebastian.kiewnick@julius-kuehn.de

PAÍS/REGIÓN

INRAE – Francia
JKI - Alemania



Funded by
the European Union

Funded by the European Union under G.A. NO 101083727. Views and opinions expressed are however those of the author(s) only and do not necessarily reflect those of the European Union or European Commission. Neither the European Union nor the European Commission can be held responsible for them.