



Cinética de activación de alelos infecciosos de *Banana Streak Virus* (BSV-OL1 y BSV-GF7) en FHIA-21 y MxH en República Dominicana

Reina Teresa Martínez¹, Xiomara Cayetano¹,
Domingo Renjifo ¹, Rosalba Rodríguez²
Luis Minier² & Pierre-Yves Teycheney⁴

¹IDIAF, ²Ministerio de Agricultura, ³CIRAD

Plan de la presentación

1. Introducción
2. Virus del rayado del banano (BSV)
3. Evaluación de la activación de eBSV infecciosas de BSV
4. Conclusiones

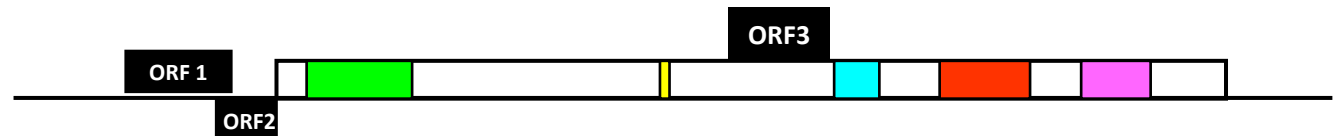


Virus del rayado del banano (BSV)

- El Virus del rayado del banano, esta presente en la mayoría de las plantaciones de banano
 - Pertenece al genero *Badnavirus* de la familia *Caulimoviridae*
 - Partículas baciliformes
 - Genoma ADN doble cadena circular, 7.3 kbp
 - Utiliza una etapa de transcripción inversa del genoma



200 nm © J. Vo, the University of Queensland

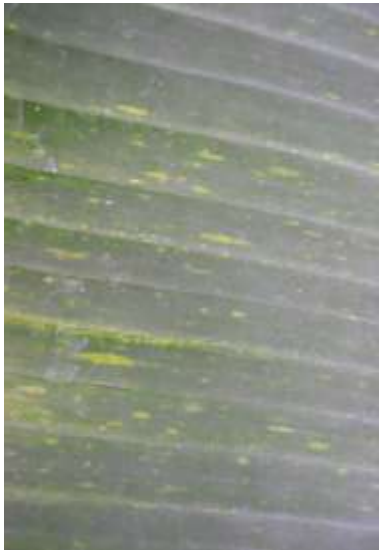


- Existen 9 especies de BSV distinta, reconocida por el comité internacional de taxonomía de virus (ICTV)
- Mode de transmisión semi persistente , trasmitido al menos por 6 especies de cochinillas

Virus del rayado del banano (BSV)

Síntomas:

- Foliares (rayado clorótico) y rajadura del pseudotallo (frecuentes)
- Emergencia anormal de inflorescencias y síntomas en frutos



© P.-Y. Teycheney, CIRAD



© P.-Y. Teycheney, CIRAD



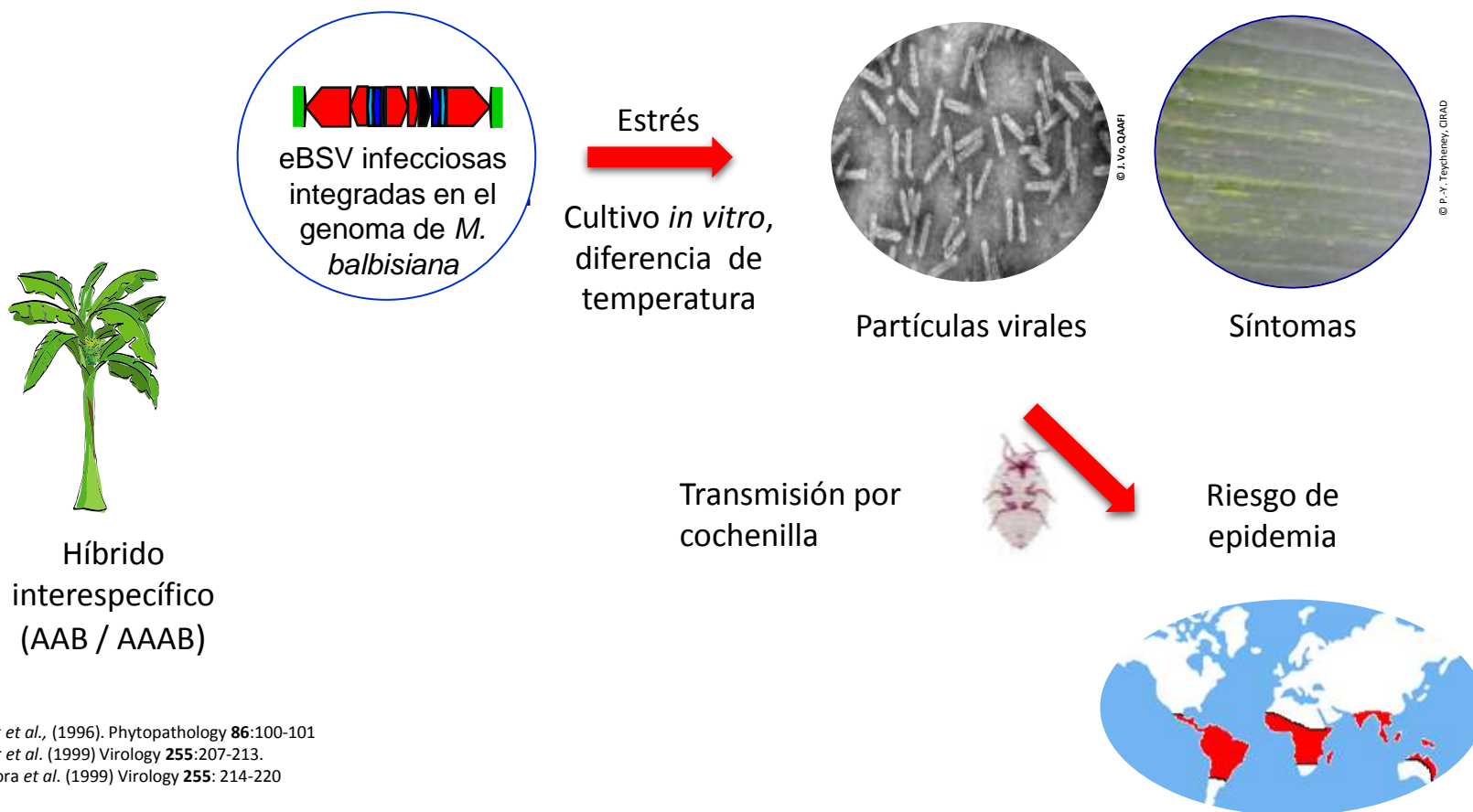
© P.-Y. Teycheney, CIRAD



© M.-L. Iskra Caruana, CIRAD

La activación de secuencias endógenas infecciosas originan infecciones espontáneas en híbridos interespecíficos de banano

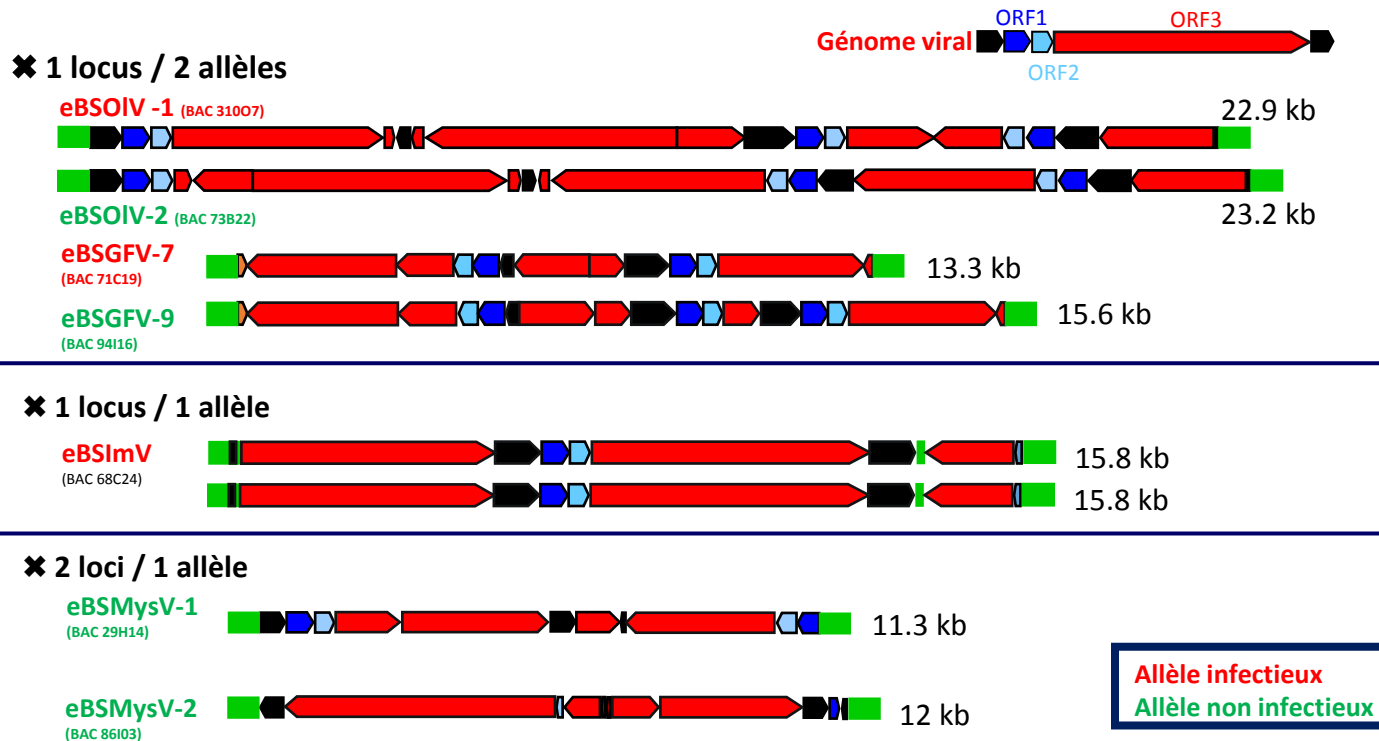
- Presencia en el genoma de eBSV 1990 y 1999 su naturaleza infecciosa



Lafleur *et al.*, (1996). *Phytopathology* **86**:100-101
Harper *et al.* (1999) *Virology* **255**:207-213.
Ndowora *et al.* (1999) *Virology* **255**: 214-220

Dallot *et al.* (2000). *Arch. Virol.* **146**: 2179-2190
Meyer *et al.* (2008). *Plant Dis.* **92**:1158-1163.
Côte F. *et al.* (2010). *Mol. Plant Pathol.* **11**, 137-144

Cuatro secuencias endógenas diferentes en los alelos del genoma de la especie modelo PKW



Las secuencias integradas infecciosas en el genoma de *M. balbisiana*, es la principal limitante para la creación y difusión de variedades híbridas de banano

Musa acuminata (A)



X

Musa balbisiana (B)



- Calidad organoléptica de la fruta
- Resistencia a enfermedades

- Resistencia, robutez
- Resistencia a enfermedades y sequía

- Las eBSV se expresan en las variedades híbridas interespecíficas naturales o creadas
 - riesgo de brotes por la siembra a gran escala
 - Riesgo de introducción especies de BSV exóticas

El riesgo BSV de difusión asociado con el cultivo de variedades híbridas que albergan secuencias endógenas del BSV no ha sido evaluado

Objetivo del estudio

Evaluar la activación de los alelos infecciosos OL1 y GF7 en MxH y FHIA-21



Ensayo de campo



Evaluación de la activación de las secuencias infecciosas



Impacto de la infección por BSV sobre el crecimiento y rendimiento

Ensayo de campo (Barranca, La Vega)

- 80 bloques al azar de 5 plantas (factorial 2x2)
- Material vegetal indexado
- Cinco tratamientos T0...T5
- Una planta = una unidad estadística
- Indexación cada 3 meses

N° línea	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44												
1																																																								
2																																																								
3																																																								
4																																																								
5																																																								
6																																																								
7																																																								
8																																																								
9																																																								
10																																																								
11																																																								
12																																																								
13																																																								
14																																																								
15																																																								
16																																																								
17																																																								
18																																																								
19																																																								
20																																																								
21																																																								
22																																																								
23																																																								
24																																																								
25																																																								
26																																																								
27																																																								
28																																																								
29																																																								
30																																																								
31																																																								
32																																																								
33																																																								
34																																																								
35																																																								
36																																																								
37																																																								
38																																																								
39																																																								
40																																																								
41																																																								
42																																																								
43																																																								
44																																																								



Macho x Hembra v vitroplantas
Macho x Hembra corno



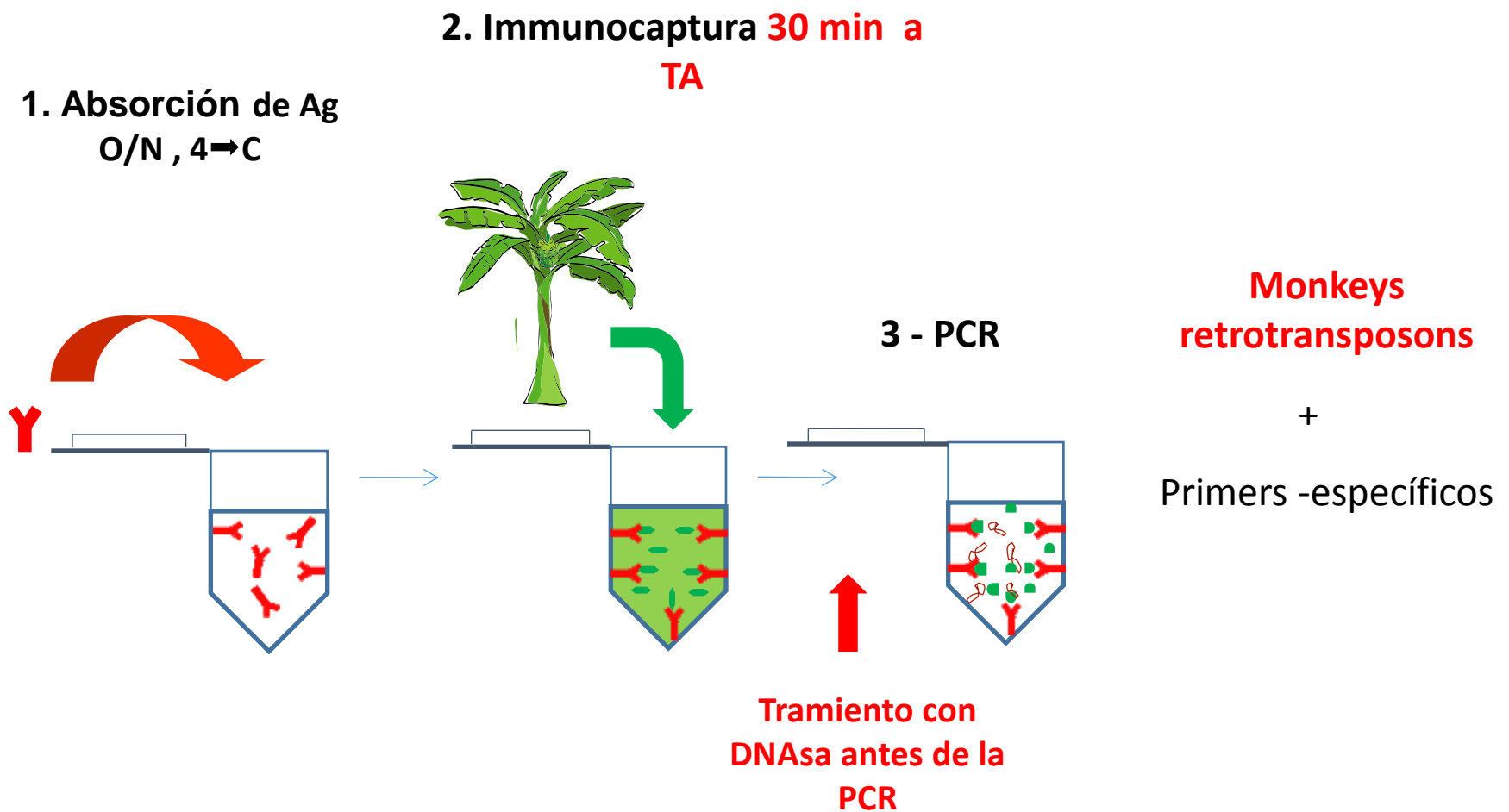
FHIA-21 vitroplantas
FHIA-21 corno



Wiliams vitroplantas

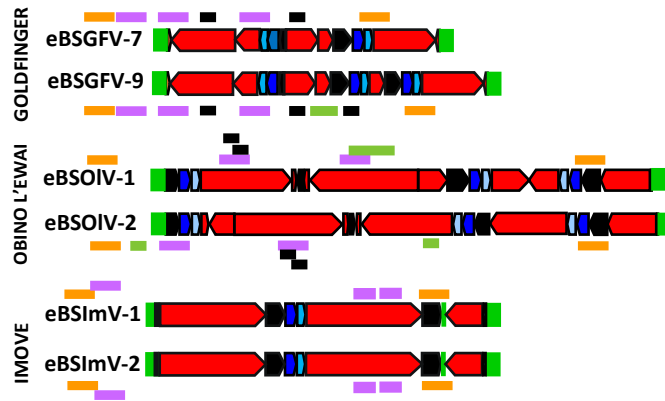
Indexado del virus

Multiplex-IC-PCR (LeProvost *et al.*, 2006)



Perfil alélico de las secuencias endógenas en MxH y FHIA-21

- Primer diseñados sobre la base de la estructura de los alelos de PKW



© M.-L. Iskra-Caruana

- Integrations

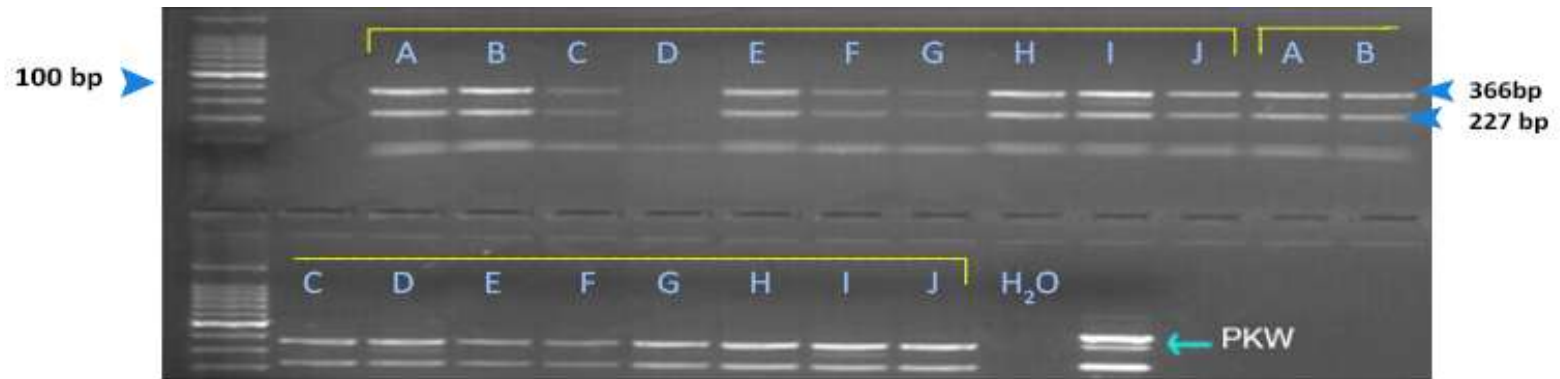
- Structures

- Allèles

- Extracción de ADN de muestras de hojas de MXH (24) y FHIA-21 (25) (Plant DNeasy minikit, QIAGEN)
- Los alelos GF9/GF7 se diferenciaron por PCR, utilizando los iniciadores específicos DifGf, seguido de mapa de restricción (RFLP) y la enzima Taa1

Perfil alélico de las secuencias endógenas de MxH y FHIA-21

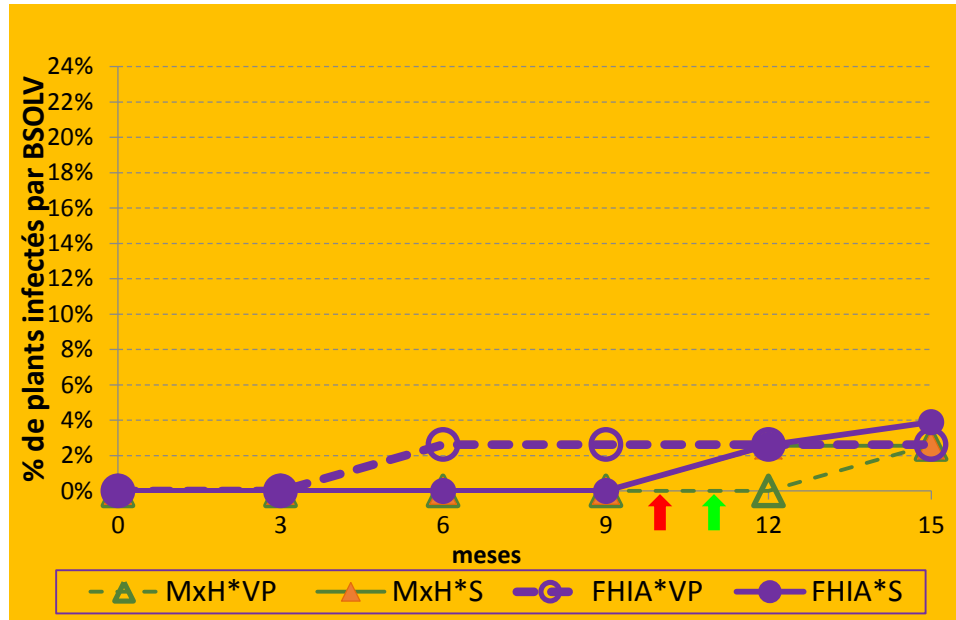
- La 49 muestras presentaron un perfil alelico identico :
 - Ambos híbridos portan los alelos infecciosos **OL1 y GF7**
 - Ausencia de secuencias BSIMV



- MxH/FHIA-21 se infectaron por BSOLV y/o BSGFV vía la activation de alélos infecciosos (OL1 y GF7)

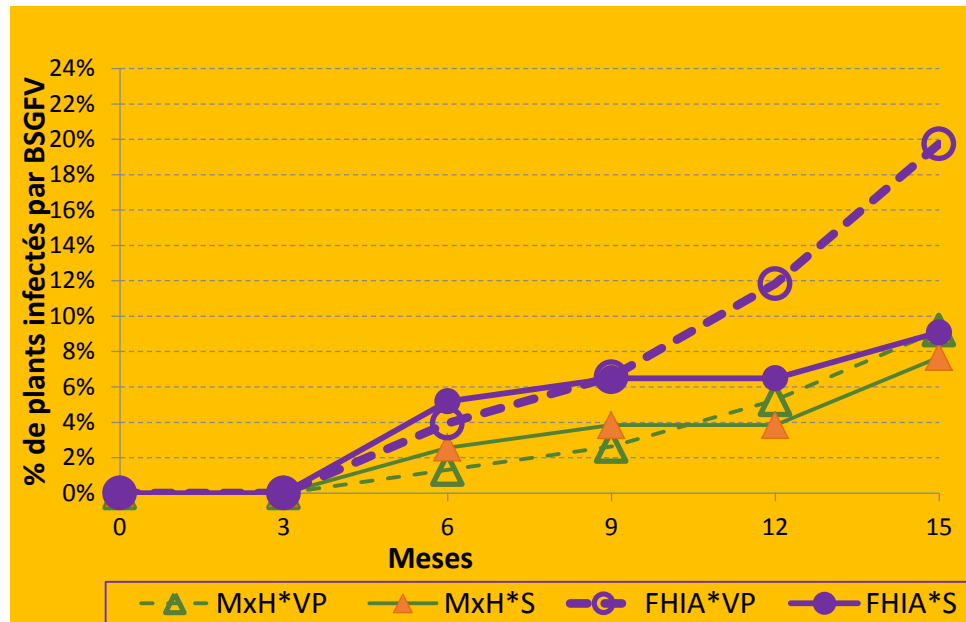
Variety	eBSV patterns		
	eBSOLV	eBSGFV	eBSIMV
FHIA21	OL1	GF7	-
MXH	OL1	GF7	-

Cinética de activación del alelo infeccioso OL1 en MxH y FHIA-21



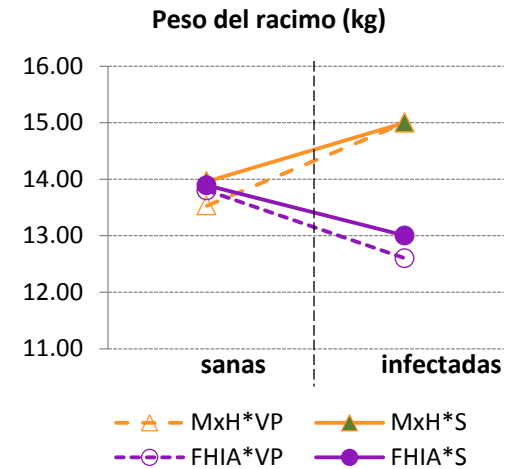
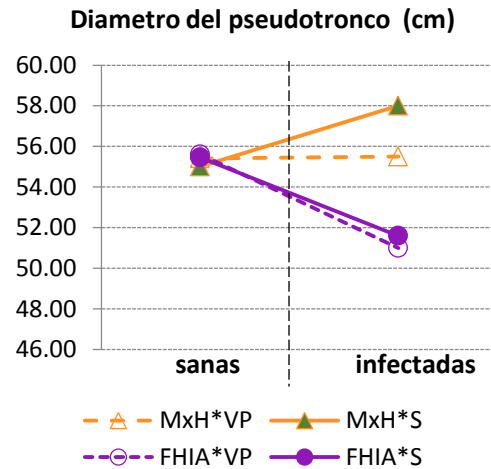
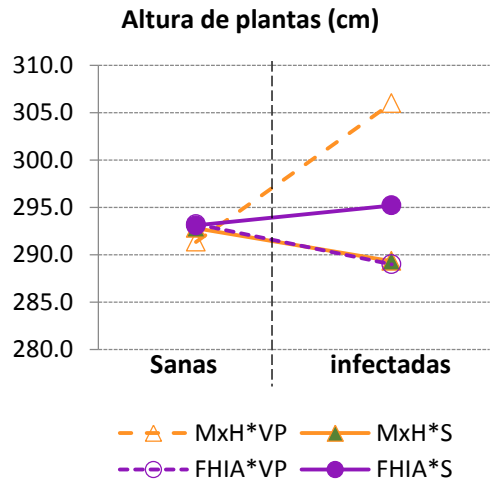
- la infección por BSOLV después de 15 meses llegó a la máxima para ambos materiales
- la transmisión del virus de la planta madre a su descendencia fue de un 100%

Cinética de activación del alelo infeccioso G7 en MxH y FHIA-21



- El % de infección por BSGFV después de 15 meses continuó en aumento
- El % mas alto de infección se observa en FHIA-21*VP (19,76%)
- la transmisión del virus a su descendencia fue de un 100%

Efecto de la infección por BSOLV y BSGFV sobre el rendimiento



- En el primer ciclo, 2 plantas infectadas (BSOLV) y 15 (BSGFV)
- La altura, diámetro del pseudotrunko y peso del racimo sugieren un bajo efecto de las infecciones sobre el rendimiento
- No fue posible realizar un análisis estadístico confiable

Conclusiones

- El porcentaje más alto de activación del alelo infeccioso GF7, se observó en FHIA-21 y en menor proporción en MxH la multiplicación del material vegetal influyó el nivel de activación
- El alelo infeccioso OL1 tuvo un nivel más bajo de activación que el alelo GF7, no importando el método de multiplicación
- No se observó diferencia significativa del cultivo sobre el rendimiento de las plantas infectadas por BSOLV o BSGFV
- No se detectó infección por la especie BSIMV

➤ **En general estos resultados sugieren:**

- **Un efecto de fondo genético de los niveles de activación alelo infeccioso GF7: factores del hospedero implicados?**
- **El modo de multiplicación influyó sobre los niveles de activación del alelo infeccioso GF7**
- **El efecto de la infección por BSOLV o BSGFV sobre crecimiento y rendimiento de los híbridos MXH y FHIA-21 fue bajo**

Agradecimientos



Muchas gracias!!