



# Variabilidad genética de la roya del cafeto: una radiografía actual desde los marcadores moleculares.

**Gustavo Marín Ramírez**  
Fitopatología



# ESQUEMA

- Generalidades sobre la *Hemileia vastatrix* (Roya del Cafeto).
- Generalidades sobre los Marcadores Moleculares.
- **Estudio-Variabilidad genética de la roya del cafeto**

**¿*H. vastatrix* es igual ?**

**¿Relación Fenotipo / Genotipo?**

**¿Por qué Marcadores Moleculares  
SSR?**

# Roya del cafeto (*Hemileia vastatrix*)



- Alta defoliación en almácigos
- Pérdidas desde el **23% al 50%** en la producción, tanto en cantidad y peso como en calidad física y sensorial.

# Términos

**Fenotipo:** Son los rasgos observables ( $F=G+A$ )

**Genotipo:** Conjunto de genes que existen en un individuo.

**Gen Avirulencia:** Gen del patógeno que genera una respuesta (defensa) incompatible en una planta.

**Gen R:** Gen de la planta que genera reconocimiento/resistencia a patógenos

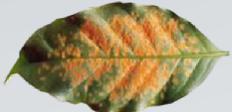
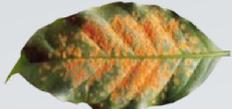
**Raza fisiológica (Patotipo):** Individuos que tienen una particular patogenicidad en común. que se diferencia por su nivel de virulencia. (Serie diferencial de plantas)

# Interacción *Hemileia-Coffea*

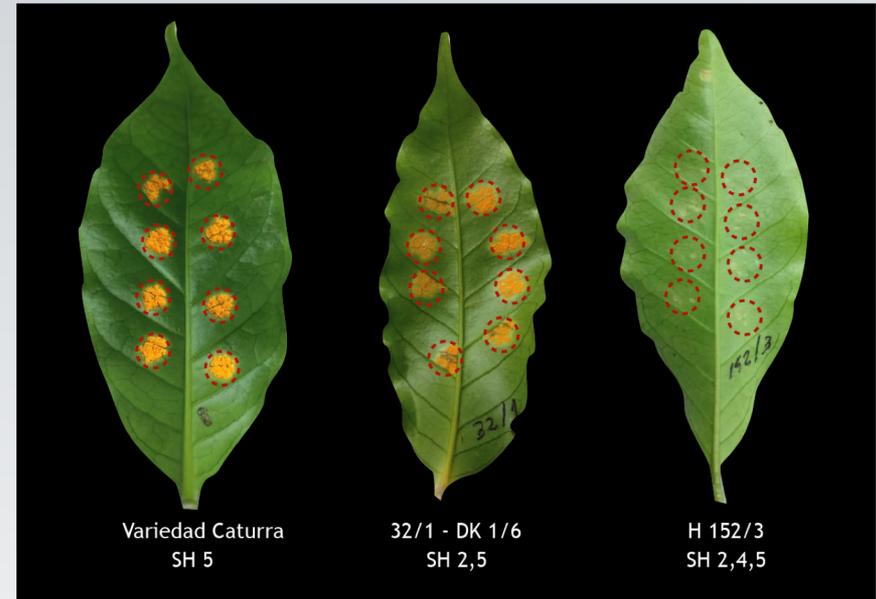


La interacción **Genotipo** (*H. vastatrix*) X **Ambiente** (*Coffea* spp.) genera como resultado **Fenotipo**(Enfermedad\*)

# Teoría de Mendel (1866) & Teoría de Flor, (1955)

		Variedades de Cafeto	
		R/-	rr
Razas de Roya	Avr/-		
	(Incompatibilidad)	(Compatibilidad)	
	avr/avr		
	(Compatibilidad)	(Compatibilidad)	

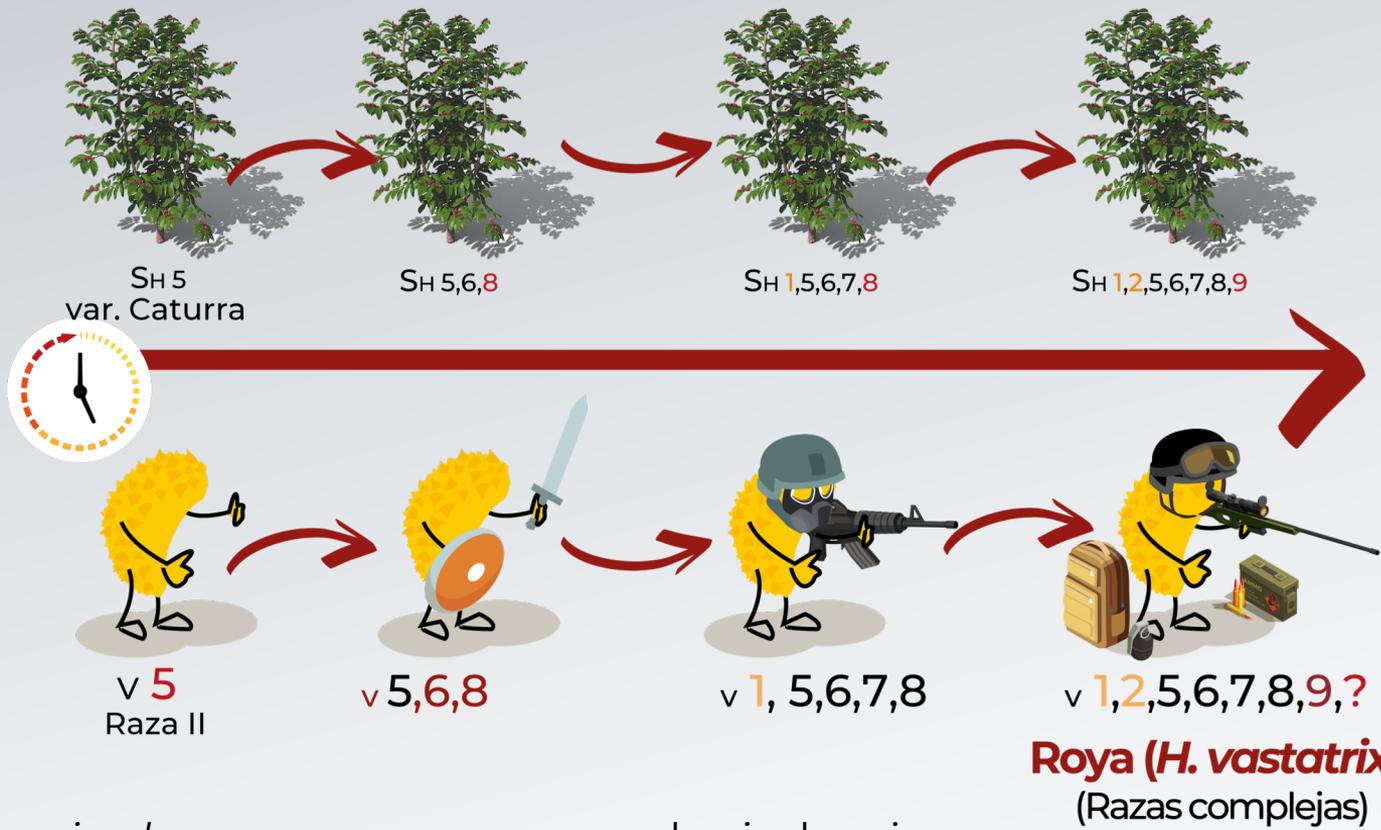
Mediante genética mendeliana se asume la presencia de genes mayores responsables por la resistencia a roya. (**Resistencia completa**)



Selección y/o caracterización la roya dependiendo del síntoma que cause en la serie diferencial. Presencia o ausencia de esporulación. (**Resistencia incompleta**)

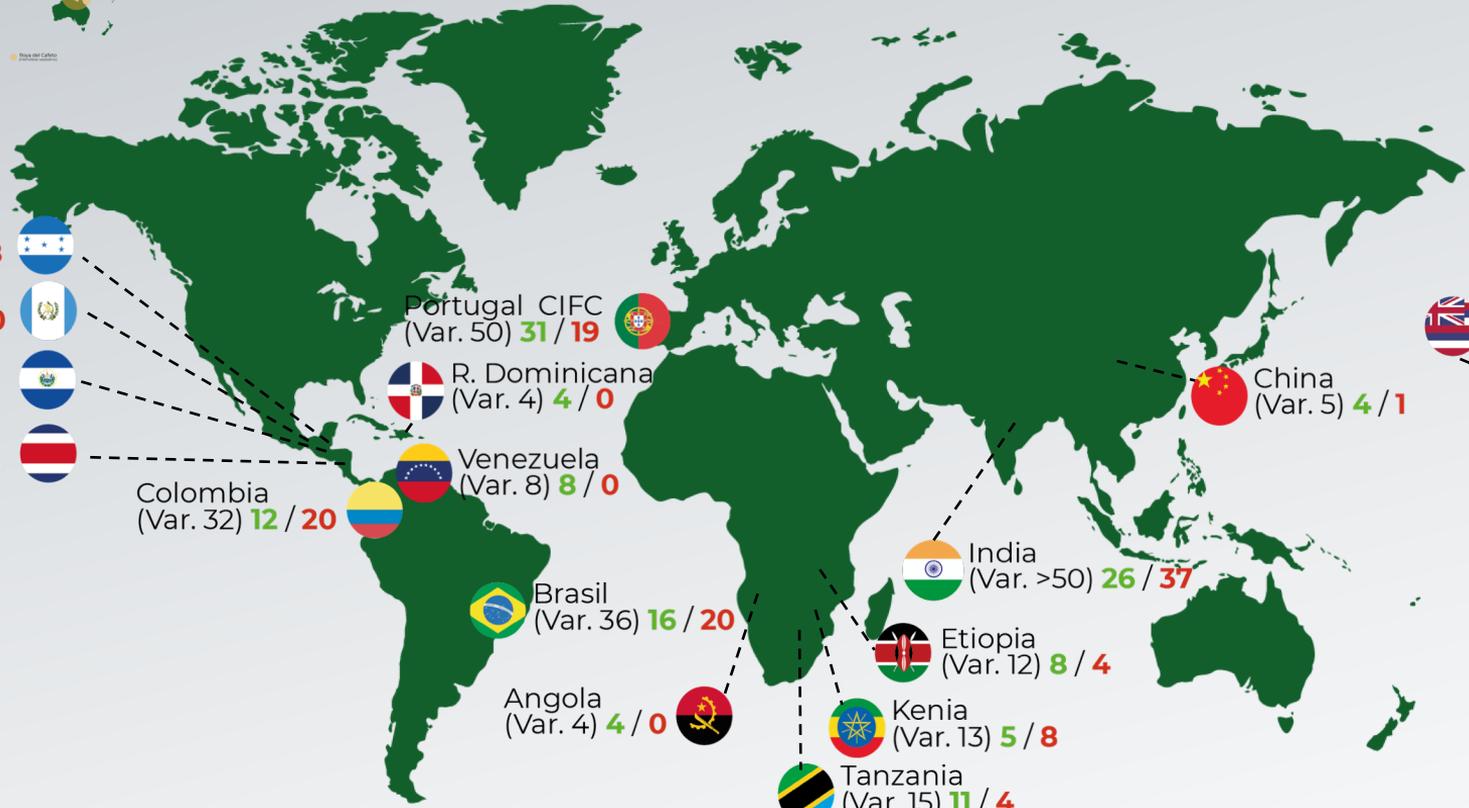
# PASO A PASO

## Variedades de Café (Variedades resistentes)



*H. vastatrix* pierde y gana nuevos genes de virulencia

# Distribución



Honduras  
(Var. 15) **7** / **8**



Guatemala  
(Var. 5) **5** / **0**



El Salvador  
(Var. 3) **3** / **0**



Costa Rica  
(Var. 4) **4** / **0**



Colombia  
(Var. 32) **12** / **20**



Portugal CIFC  
(Var. 50) **31** / **19**



R. Dominicana  
(Var. 4) **4** / **0**



Venezuela  
(Var. 8) **8** / **0**



Brasil  
(Var. 36) **16** / **20**



Angola  
(Var. 4) **4** / **0**



Tanzania  
(Var. 15) **11** / **4**



Etiopia  
(Var. 12) **8** / **4**



Kenia  
(Var. 13) **5** / **8**



India  
(Var. >50) **26** / **37**



China  
(Var. 5) **4** / **1**



Hawaii  
(Var. 1) **0** / **1**



Razas / Patotipos

# ACTUALIDAD (Mundo)

Cuadro 1. Razas fisiológicas de *Hemilea vastatrix* Berk. y Br., del año 1975 al año 2013.

ORDEN	RAZA FISIOLÓGICA*	GENES DE VIRULENCIA	AUTOR
1	I	2,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
2	II	5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
3	III	1,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
4	IV**	7	Müller, 1984
5	V**	3,5	Müller, 1984
6	VII	2,3,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
7	VIII	2,3,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
8	X	1,4,5	Müller, 1984.
9	XI**	1,2,3,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
10	XII	5,7	Müller, 1984.
11	XIII**	2,3,4,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
12	XIV	4,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
13	XV	1,2,3,4,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
14	XVI	1,2,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
15	XVII	7	Müller, 1984.
16	XVIII**	1,4	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
17	XX	7	Müller, 1984
18	XXI**	7	Müller, 1984.
19	XXII	5,6	Müller, 1984.
20	XXIII	1,2,4,5	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
21	XXIV	2,4,5,6,7,9	Rodrigues <i>et al.</i> , 1975.
22	XXV	2,5,6	Müller, 1984.
23	XXVI	4,5,6	Müller, 1984.
24	XXVII	1,4,5,6	Várzea y Marques, 2005.
25	XXVIII	2,4,5,6	Müller, 1984.
26	XXIX	5,6,7,8,9	Várzea y Marques, 2005.
27	XXX	5,8	Várzea y Marques, 2005.
28	XXXI	2,5,6,9	Várzea y Marques, 2005.
29	XXXII**	6,7	Müller, 1984
30	XXXIII**	5,7,8,9	Várzea y Marques, 2005.
31	XXXIV**	2,4,5,7,9	Várzea y Marques, 2005.
32	XXXV	2,4,5,7,9	Várzea y Marques, 2005.
33	XXXVI	2,4,5,8	Várzea y Marques, 2005.
34	XXXVII	2,5,6,7,9	Várzea y Marques, 2005.
35	XXXVIII	2,5,8	Várzea y Marques, 2005.
36	XXXIX	2,4,5,6,7,8,9	Várzea y Marques, 2005.
37	XL	1,2,5,8	Várzea y Marques, 2005.
38	XLI	2,5,8	Várzea y Marques, 2005.
39	XLII**	2,5,7,8 ó 2,5,7,8,9	Várzea y Marques, 2005
40		1,2,4,5,6	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
41		3,5,7	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
42		2,4,5,6,7,9	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
43		1,2,4,5,6,7,8,9	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
44		2,5,6,7,8,9	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
45		2,5,6,7,9	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
46		2,5,6,8	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
47		2,5,6,8	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
48		2,3,5,8	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
49		1,2,5,8	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
50		5,6,8,9	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
51		1,2,5,6,9	Prakash <i>et al.</i> , 2005****
52		6	Rodrigues <i>et al.</i> , 1993
53		2,4,5,6	Rodrigues <i>et al.</i> , 1993
54		2,5,6,7,8,9	Rodrigues <i>et al.</i> , 1993
55		2,5,7,9	Rodrigues <i>et al.</i> , 1993; Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
56		1,2,4,5,8	Rodrigues <i>et al.</i> , 1993
57		2,4,5,6,7,8,9	Rodrigues <i>et al.</i> , 1993
58		1,2,5,7,8 ó 1,2,5,7,8,9****	Deusdedit <i>et al.</i> , 2013
59		2,5,6,7,8 ó 2,5,6,7,8,9****	Deusdedit <i>et al.</i> , 2013
60		2,3,5,7 ó 2,3,5,7,9****	Deusdedit <i>et al.</i> , 2013
61		1,2,5,6,8	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
62		1,2,5,6,9	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
63		1,2,5,6,7,8,9	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
64		1,2,3,5,6,8	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
65		1,2,3,5,6,9	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
66		1,2,3,5,6,7,8,9	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
67		1,2,4,5,6,8	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
68		1,2,4,5,6,7,8,9	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
69		2,4,5,6,7,8,9	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
70		2,4,5,6,7,8,9,7 (HDT 832/1)****	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013
71		2,4,5,6,7,8,9,7 (HDT 832/2)****	Sudhakar <i>et al.</i> , 2013

\*De acuerdo al orden cronológico no se reportan las razas fisiológicas V y IX de *H.vastatrix*. \*\* No existe información completa sobre los genes de virulencia de las razas fisiológicas de *H.vastatrix*. \*\*\* Dos series de genes de virulencia para una misma raza fisiológica. \*\*\*\* Razas fisiológicas que pueden romper la resistencia genética de plantas derivadas del híbrido de Timor. \*\*\*\*\* Necesita confirmarse (Prakash *et al.*, 2005). No se presenta la raza V que se perdió y la raza 3 de Mayne que nunca pudo establecerse en el CFC (Müller, 1984).

Cuadro 2. Razas fisiológicas de *Hemilea vastatrix* Berk. y Br., del año 1975 al año 2013. Se usa la nomenclatura del CFC (Müller, 1984) y de Habgood (1970).

RAZA FISIOLÓGICA / PATOTIPO (*)	GENES DE VIRULENCIA (*)	PATOTIPOS (**)	TOTAL DE PATOTIPOS IDENTIFICADOS
XIX*9**	1,4*** / 1,8****	9*	1
II/16	5 / 16	16*	2
III/17	1,5 / 16	17*	3
I/18	2,5 / 2,16	18*	4
XXVII/19	1,2,5 / 1,2,16	19*	5
VII/20	3,5 / 4,16	20*	6
VIII/22	2,3,5 / 2,4,16	22*	7
XII/23	1,2,3,5 / 1,2,4,16	23*	8
XV/24	4,5,7,8,16	24*	9
X/25	1,4,5 / 1,8,16	25*	10
XXIV/26	2,4,5 / 2,8,16	26*	11
XXIII/27	1,2,4,5 / 1,2,8, 6	27*	12
XIV/30	2,3,4,5 / 2,4,8,16	30*	13
XVI/31	1,2,3,4,5 / 1,2,4,8,16	31*	14
32*****	6 / 32	32*****	15
XXVII/41	1,4,6 / 1,8,32	41*	16
XIII/48	5,6 / 16,32	48*	17
XXV/50	2,5,6 / 2,16,32	50*	18
XL/51	1,2,5,6 / 1,2,16,32	51*	19
XXVI/56	4,5,6 / 8,16,32	56*	20
XXVIII/58	2,4,5,6 / 2,8,16,32	58**	21
59*****	2,4,5,6 / 2,8,16,32	59*****	22
59*****	1,2,4,5,6 / 1,2,8,16,32	80*	23
XXXII/80	5,7 / 16,64	82*	24
XXXIV/82	2,5,7 / 2,16,64	84*****	25
84*****	3,5,7 / 4,16,64	86*****	26
86*****	2,3,5,7 / 2,4,16,64	144*	27
XXXI/84	5,7 / 16, 32	146*	28
XLI/146	2,5,8 / 2,16,128	147*****	29
147*****	1,2,5,8 / 1,2, 6,128	150*****	30
150*****	2,3,5,8 / 2,4,16,128	154**	31
XXXV/154	2,4,5,8 / 2,8,16,128	155**	32
154*****	2,4,5,8 / 2,8,16,128	178****	33
XXXVIII/155	1,2,4,5,8 / 1,2,8,16,128	179****	34
155*****	1,2,4,5,8 / 1,2,8,16,128	183****	35
178****	2,5,8 / 16,32,128	187****	36
179****	1,2,5,6,8 / 1,2,16,32,128	210*	37
183****	1,2,3,5,6,8 / 1,2,4,16,32,128	211****	38
187****	1,2,4,5,6,8 / 1,2,8,16,32,128	242****	39
XLII/210	2,5,7,8 / 2,16,64,128	306*	40
211****	1,2,5,7,8 / 1,2,16,64,128	307****	41
242****	2,5,6,7,8 / 2,16,32,64,128	311****	42
XXXI/306	2,5,6,7,9 / 2,16,32,256	336*	43
307****	1,2,5,6,9 / 1,2,16,32,256	338*	44
307****	1,2,5,6,9 / 1,2,16,32,256	342****	45
311****	1,2,3,5,6,9 / 1,2,4,16,32,256	346*	46
XXXIII/336	2,5,7,9 / 1,64,256	370**	47
XXXIV/338	2,5,7,9 / 2,16,64,256	378****	48
342****	2,3,5,7,9 / 2,4,16,64,256	432****	49
XXXV/346	2,4,5,7,9 / 2,8,16,64,256	434****	50
XXXVII/370	2,5,6,7,9 / 2,16,32,64,256	466*	51
370****	2,5,6,7,9 / 1,63,32,64,256	467****	52
378****	2,4,5,6,7,9 / 2,8,16,32,64,256	486*	53
432****	5,6,8,9 / 1,63,128,256	498**	54
467****	2,5,6,8,9 / 2,16,32,128,256	499**	55
486*	2,5,7,8,9 / 2,16,64,128,256	503****	56
498**	1,2,5,7,8,9 / 1,2,16,64,128,256	506**	57
499**	5,6,7,8,9 / 16,32,64,128,256	507****	58
503****	2,5,6,7,8,9 / 2,16,32,64,128,256		
506**	2,4,5,6,7,8,9 / 2,8,16,32,64,128,256		
507****	1,2,4,5,6,7,8,9 / 1,2,8,16,32,64,128,256		

(\*) \* Designación del CFC (Müller, 1984). \*\* Patotipo (suma de los números binomiales). \*\*\* dígitos. \*\*\*\* números binomiales. \*\*\*\*\* Patotipos designados con la nomenclatura de Habgood (1970). Se repiten los patotipos 307 y 498. La raza fisiológica XXXVIII corresponde al patotipo 58 y éste se repite. La raza fisiológica XXXVI corresponde al patotipo 154 y éste se repite. La raza fisiológica XXXVII corresponde al patotipo 155 y éste se repite. La raza fisiológica XXXIX corresponde al patotipo 370 y éste se repite. La raza fisiológica XXXIX corresponde al patotipo 506 y éste se repite. Los patotipos 59, 84, 378 y 507 necesitan confirmarse (Prakash *et al.*, 2005)

(\*\*): \* patotipos coincidentes con el sistema de nomenclatura de Habgood (1970). \*\* Series de genes de virulencia que posteriormente se ubican en una raza fisiológica conocida de acuerdo al sistema del CFC de Portugal. \*\*\* Series de genes de virulencia (diferentes investigadores) que se ubican en un mismo patotipo. Nuevos patotipos (no están ubicados en la nomenclatura del CFC de Portugal). \*\*\*\* Nuevos patotipos. (no están ubicados en la nomenclatura del CFC de Portugal). Los patotipos 59, 84, 378 y 507 necesitan confirmarse (Prakash *et al.*, 2005)

## Vidal, R. S. (2017).

# ACTUALIDAD (Brasil y Honduras)

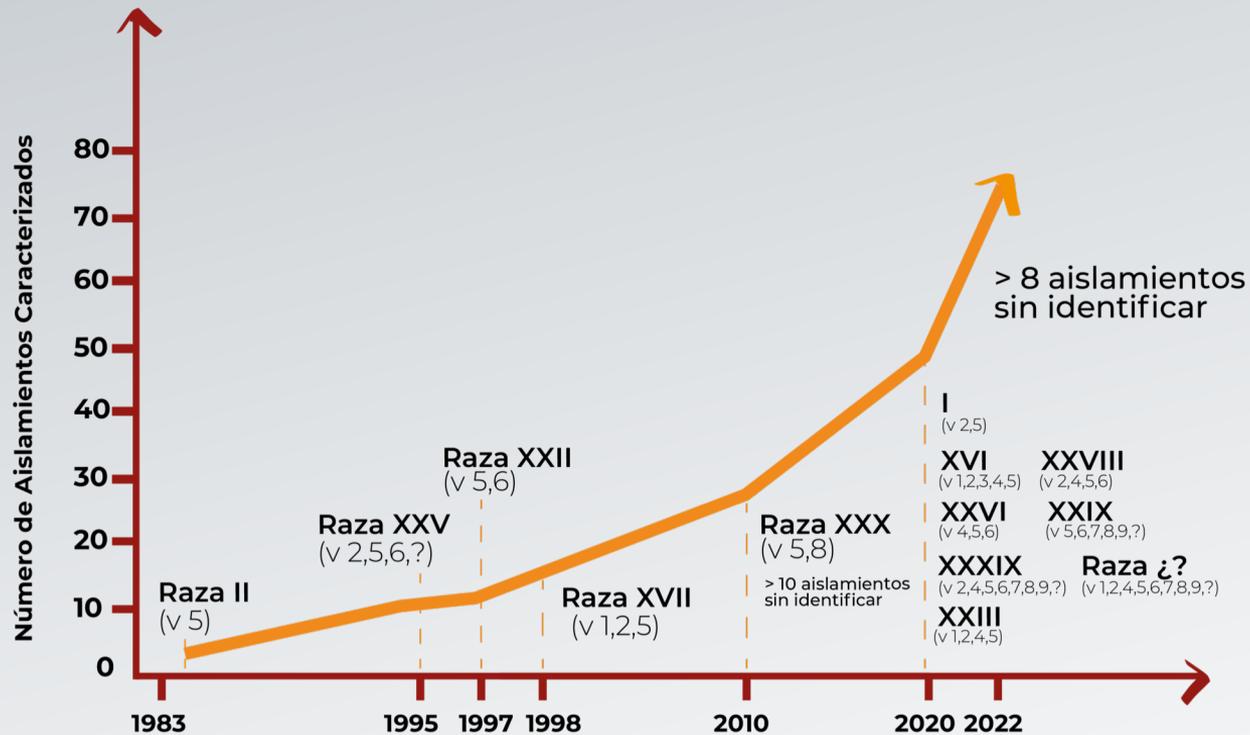
**Table 7. Designation of pathotypes of *Hemileia vastatrix* identified in Brazil and in Honduras according to CIFC system and new system proposed**

Isolates from Brazil*			Isolates from Honduras		
Pathotypes	CIFC system –virulent(v <sub>1-9</sub> ) and resistant genes(SH <sub>1-9</sub> )	Proposed system Avirulent (Avr <sub>1-9</sub> )and resistant genes (Flor theory)	Pathotypes	CIFC system Virulent (v <sub>1-9</sub> ) and resistant genes (SH <sub>1-9</sub> )	Proposed system Avirulent (Avr <sub>1-9</sub> )and resistant genes(SH <sub>1-9</sub> ) (Flor theory)
H <sub>v01</sub>	v1,5,6,7,8,9? S <sub>H</sub> 1,5,6,7,8,9?	Avr 2,3,4? S <sub>H</sub> 2,3,4?	H <sub>v01</sub>	v 1,2,4,5,6,7,9? S <sub>H</sub> 1,2,4,5,6,7,9?	Avr 3,8,? S <sub>H</sub> 3,8?
H <sub>v02</sub>	v 1,5,6,8,9,? S <sub>H</sub> 1,5,6,8,9?	Avr 2,3,4,7,? S <sub>H</sub> 2,3,4,7,?	H <sub>v02</sub>	v 1,2,3,4,5 S <sub>H</sub> 1,2,3,4,5	Avr6,7,8 S <sub>H</sub> 6,7,8
H <sub>v03</sub>	v 5,6,7,9,? S <sub>H</sub> 5,6,7,9?	Avr 1, 2, 3, 4, 8 ? S <sub>H</sub> 1,2,3,4,8,?	H <sub>v03</sub>	v 1,2,4,5,8 S <sub>H</sub> 1,2,4,5,8	Avr 3,6,7 S <sub>H</sub> 3,6,7
H <sub>v04</sub>	v 5,8,? S <sub>H</sub> 5,8?	Avr 1,2,3,4,6,7 S <sub>H</sub> 1,2,3,4,6,7,8	H <sub>v04</sub>	v 1,2,4,5 S <sub>H</sub> 1,2,4,5	Avr 3,6,7,8 S <sub>H</sub> 3,6,7,8
H <sub>v05</sub>	v5,6 ? S <sub>H</sub> 5,6?	Avr1,2,3,4,6,7,8,9? S <sub>H</sub> 1,2,3,4,6,7,8,9?	H <sub>v05</sub>	v 2,4,5/ S <sub>H</sub> 2,4,5	Avr 1,3,6,7,8 S <sub>H</sub> 1,3,6,7,8
H <sub>v06</sub>	v1,5,6,7,9? S <sub>H</sub> 1,5,6,7,9,?	Avr2,3,4,8,? S <sub>H</sub> 2,3,4,8?	H <sub>v06</sub>	v 1,2,4,5,7,8 S <sub>H</sub> 1,2,4,5,7,8	Avr 3,6,7 S <sub>H</sub> 3,6,7
H <sub>v07</sub>	v1,5,6,? S <sub>H</sub> 1,5,6,?	Avr 2,3,4,8,9 S <sub>H</sub> 2,3,4,8,9	H <sub>v07</sub>	v 1,2,4,5,7 S <sub>H</sub> 1,2,4,5,7	Avr 3,6,7,8 S <sub>H</sub> 3,6,7,8
H <sub>v08</sub>	v1,2,5,6,7,8,9? S <sub>H</sub> 1,2,5,6,7,8,9,?	Avr 3,4 S <sub>H</sub> 3,4	H <sub>v08</sub>	v 1,2,4,5,6,7,8,9? S <sub>H</sub> 1,2,4,5,6,7,8,9,?	Avr 3,? S <sub>H</sub> 3,?
H <sub>v09</sub>	v1,5,6,8? S <sub>H</sub> 1,5,6,8?	Avr 2,3,4,9 S <sub>H</sub> 2,3,4,9			
H <sub>v010</sub>	v1,4,5? S <sub>H</sub> 1,4,5,?	Avr 2,3,6,7,8 S <sub>H</sub> 2,3,6,7,8			

\*Isolates form the state of Minas Gerais and Espírito Santo in Brazil.

Zambolim and Caixeta, (2021).

# ACTUALIDAD (Colombia)



FNC Cenicafé, (2021).

# *Hemileia*verso

Razas  
(CIFC)  
**50**  
1930-2000

Patotipos  
(Variantes)  
**>60**  
2000-2022



Este tipo de caracterización de aislamientos de *H. vastatrix* genera la necesidad de estudiar al patógeno y desligarnos de la planta

# MARCADOR

Un marcador es un atributo, característica o rasgo con la que se puede asociar una población o individuo.

## MARCADORES

### MORFOLÓGICOS



### BIOQUÍMICOS

Enzimas

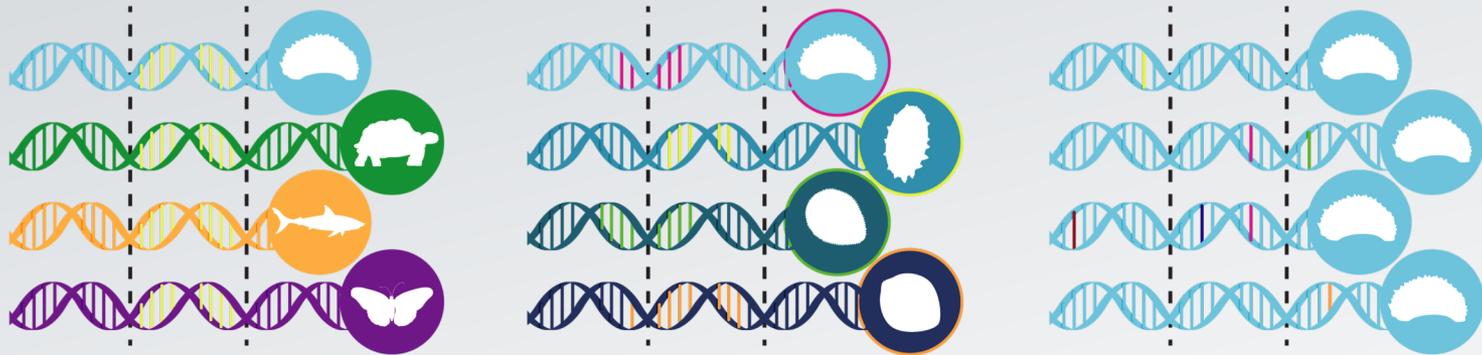
Hormonas

Proteínas

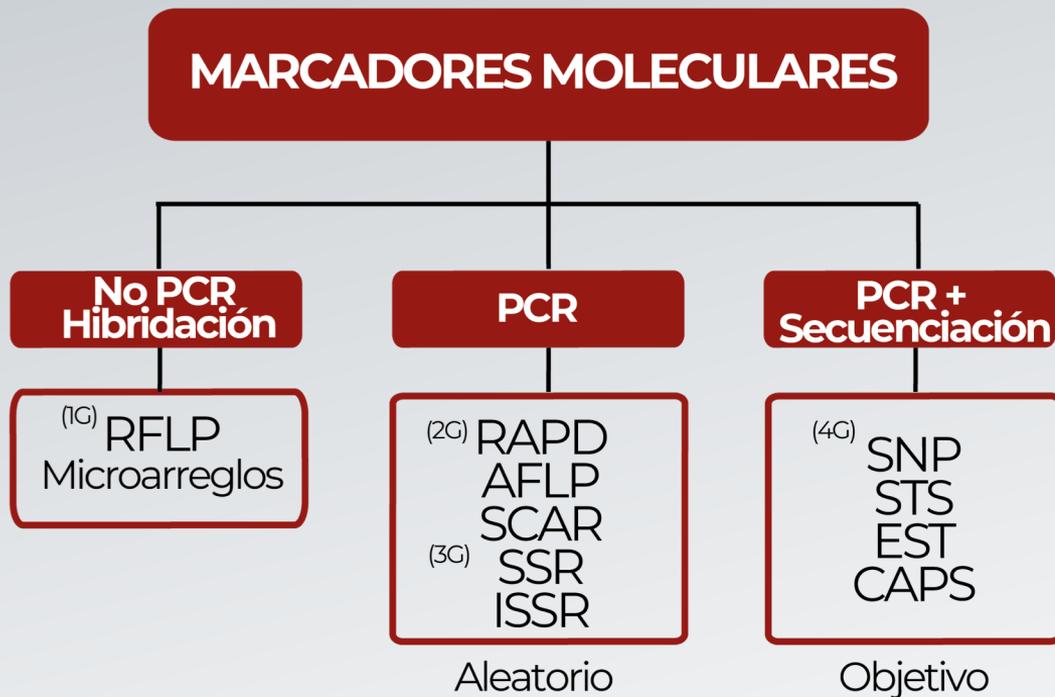
### MOLECULARES

# MARCADOR MOLECULAR

Un marcador genético o **secuencia de ADN específica** cuya localización ha sido asociada a un atributo o rasgo y cuya herencia puede ser rastreada. Gen completo o sólo una secuencia sin función conocida o no codificante. (Bousquet et al., 1992)



# MARCADORES MOLECULARES



- Elevada capacidad de detectar polimorfismo
- Hereditarios
- Independencia del estado de desarrollo del individuo, estado físico y condiciones ambientales.
- Facilidad de obtención

# USO DE MARCADORES MOLECULARES PARA DETERMINAR DIVERSIDAD (2005-2010)

Gouveia et al, **2005**

Baja diversidad (**RAPDs**)

Cristancho et al., **2007**

Alta variabilidad (**ITS**)

Maia et al., **2007**

Alta variabilidad (**AFLPs**)

Cristancho et al., **2008**

Baja Transferencia(**SSRs**)

Batista et al., **2010**

No correlación entre ubicación geográfica o perfil de virulencia (**ITS + AFLPs**)

Nunes et al., **2006**

Alta diversidad (**RAPDs**)



# USO DE MARCADORES MOLECULARES PARA DETERMINAR DIVERSIDAD (2011-2020)



# USO DE MARCADORES MOLECULARES PARA DETERMINAR DIVERSIDAD (2021-2022)

- Bekele et al., **2021**  
Baja variabilidad genética (**SSRs**)
- Quispe-Apaza et al., **2021**  
Baja diferenciación genética (**ITS**)



- Rodrigues et al., **2022**  
Alta diferenciación genética (**RAD-SNPs**)
- Ramirez-Camejo et al., **2022**  
Baja diversidad (**SSRs**)
- Ramirez-Camejo et al., **2022**  
Alta clonalidad (**SSR**)

# Diversidad genética de Roya (*H. vastatrix*), mediante marcadores microsatélites SSR.



# Resultados



# GRACIAS

cenicafe@cafedecolombia.com 

## PORTALES WEB



[www.cenicafe.org](http://www.cenicafe.org)



[agroclima.cenicafe.org](http://agroclima.cenicafe.org)



[biblioteca.cenicafe.org](http://biblioteca.cenicafe.org)

## REDES OFICIALES



Cenicafé FNC



@cenicafe



cenicafé



CenicaféFNC



FNC © 2022