

---

**DETERMINACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA ENTRE AISLAMIENTOS DE *Rosellinia* sp., *Rosellinia bunodes* Y *Rosellinia pepo* MEDIANTE LA TÉCNICA DE AMPLIFICACIÓN ALEATORIA DE POLIMORFISMOS DE DNA (RAPD) Y ANÁLISIS DE LOS ESPACIADORES DE TRANSCRITOS INTERNOS (ITSS)**

JAVIER ANDRÉS LÓPEZ QUINTERO, EMIRA GARCÉS DE GRANADA,  
JORGE EVELIO ÁNGEL DÍAZ  
Departamento de Biología, Facultad de Ciencias,  
Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá.

**RESUMEN**

Teniendo en cuenta que las medidas preventivas son las más eficientes para reducir la incidencia de muchas enfermedades, la implementación de estrategias que permitan el diagnóstico temprano y oportuno de fitopatógenos de cultivos, en especial aquellos de tardío rendimiento, es el objetivo principal de este trabajo. Los hongos fitopatógenos del género *Rosellinia* se consideran habitantes naturales del suelo. Sin embargo, su fase parasítica se asocia a la aparición de enfermedades radiculares principalmente en cultivos de café, papa y cacao, que generalmente se relaciona con el aumento en la oferta de materia orgánica, lo cual beneficia el crecimiento sus poblaciones y las de otros microorganismos que pueden ser patógenos. Con el fin de avanzar en el conocimiento de las especies *Rosellinia* sp., *Rosellinia bunodes* y *Rosellinia pepo* y de desarrollar estrategias de diagnóstico para evitar las pudriciones radiculares que estas ocasionan en cultivos de importancia agroeconómica y forestal, se utilizaron dos metodologías moleculares que permiten realizar un primer acercamiento a la variabilidad genética que presentan diferentes aislamientos de estas especies. Mediante el análisis de RAPD (Amplificación Aleatoria de Polimorfismos de ADN) y la secuenciación de las regiones de rDNA-ITS (Espaciadores de Transcritos Internos) fue posible establecer un alto grado de variabilidad entre las cepas, aún dentro de una misma especie. Dichas metodologías están basadas en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) que ha sido extensamente utilizada tanto en la identificación de un organismo por medio de la amplificación selectiva de su ADN, como al ser aplicada para explorar la variabilidad que posee un genoma. Las cepas de *Rosellinia* sp. presentaron gran variación en los perfiles electroforéticos de RAPD constituyendo dos ramas aisladas en el dendrograma de similaridad construido a partir de matrices binarias. De la misma manera, las secuencias de ITS de las cepas de esta especie se encuentran muy relacionadas con otros miembros de la familia *Xylariaceae*, pero no constituyen un grupo monofilético en el dendrograma de secuencias. Por otra parte, las cepas de *Rosellinia pepo* que tienen la misma procedencia geográfica (Palestina, Caldas), presentan gran variabilidad en los RAPD, pero conforman un grupo monofilético, al igual que *Rosellinia bunodes* en los dendrogramas tanto de RAPD como de ITS1. Sin embargo, el alto grado de polimorfismo (>80%) observado en el análisis de RAPD para las tres especies, está correlacionado con el aumento progresivo de las enfermedades en los cultivos de café, papa y cacao, con la procedencia geográfica de las cepas y con la alta divergencia encontrada en otros miembros de la familia *Xylariaceae* en el trópico. Ya que las regiones rDNA-ITS muestran un alto nivel de polimorfismo interespecífico y múltiples copias en el genoma celular, son un buen candidato para el diseño de iniciadores especie-específicos. Por tanto, las secuencias de las regiones ITS1 e ITS2 permitieron el desarrollo de iniciadores de PCR específicos para detectar y diferenciar

*Rosellinia* sp. de otras especies, constituyéndose en un sistema de diagnóstico del patógeno en suelo y material vegetal. Se sugieren iniciadores específicos para *Rosellinia pepo* y *Rosellinia bunodes* que serán probados en ensayos posteriores.

**Palabras clave:** *Rosellinia*, variabilidad genética.