

Validación molecular de *Rhynchophrus palmarum* como vector principal de la enfermedad del anillo rojo en cultivo de coco colombiano. Aproximación filogenética para el estudio de sus diversidades

Diana I. Rodríguez-Alarcón¹, José Gregorio Martínez² y Sara Ramírez-Restrepo²

¹ Estudiante de Biotecnología. Semillero SIFACS. I.U. Colegio Mayor de Antioquia.

² Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia.

Introducción. El coco es un cultivo de las regiones tropicales alrededor del mundo que representa una fuente alimenticia de gran valor nutricional. Colombia podría ser un gran exportador de este cultivo debido a sus condiciones climáticas; la variedad de suelos y su alta productividad por palma, ya que se estima que se cultivan 205 palmas/ha, con una productividad de 8.6 t/ha; lo que ubica al país por encima del promedio mundial (5 t/ha); sin embargo, este cultivo en nuestro país, se ve afectado por la enfermedad denominada anillo rojo, que genera daño del parénquima del tallo de la palma y es causada por el nemátodo *Bursaphelenchus cocophilus*. Varios estudios han sugerido que el insecto *Rhynchophrus palmarum* es el vector del nemátodo, debido a algunos ensayos que se han realizado a nivel de laboratorio por comparación de muestras infectadas; no obstante, los resultados que parten de la observación, no son del todo concluyentes sobre la existencia real de esta relación huésped-hospedero. En la actualidad, diferentes tratamientos se utilizan por parte de los productores de coco para atacar este fitopatógeno o disminuir su multiplicación, dentro de los cuales se han incluido: 1) la erradicación de palmas afectadas para evitar la reproducción de *B. cocophilus*, 2) el uso de trampas para atraer y capturar adultos del vector, que aunque no elimina la enfermedad, controla su propagación, y 3) el uso de químicos en la zona del cogollo de las palmas, pero su concentración depende del estado de *R. palmarum* y del estado de daño de la planta.

Resultados. se logró diseñar mediante la plataforma primer3plus dos juegos de primers. Uno para *R. palmarum* que amplifica un fragmento de 370 pb de la secuencia codificante para la región COI dando (Forward: 5'TTGAAAAAGGAGCAGGAACT'3 y Reverse: 5'CTCCTCCAGCAGGGTCAAAA'3); y otro para *B. cocophilus* que amplifica un fragmento de 668 pb de la secuencia de D2-D3 (Forward: 5' GACAGGGTTTCGGCTCTGAA'3 y Reverse: 5' GTCTTGCGCCCCTATACCAA'3). Se confirmó la especificidad de anillamiento de los primers diseñados mediante un alineamiento de 10 secuencia tanto para *B. cocophilus* como *R. palmarum*.

Conclusiones. mediante las secuencias encontradas en GenBank tanto para *B. cocophilus* como para *R. palmarum* se pudo comprobar por homología de diferentes aislados de ADN, la capacidad de anillamiento de los pares de primers.

Referencias.

- Castillo Rodríguez, J.A. (2019). *Disminuir el impacto del deterioro al medio natural mediante la implementación de medidas y acciones en los cultivos de Coco nucífera que conduzcan a las prácticas agronómica a favor y protección del medio ambiente en la vereda Imbilpi del Carmen, municipio de Tumaco – Nariño.* [Informe, Universidad Nacional Abierta y a Distancia].
- Frías D., Pascual, J., y García, J.F. (1996). DTM: determinación del tamaño de la muestra en el entorno SPSS. *Psicológica* 17, 297–305.
- Fujisawa, T. y Barraclough, T.G. (2013). Delimiting species using single-locus data and the generalized mixed yule coalescent approach: a revised method and evaluation on simulated data sets. *Systematic Biology*. 62(5), 707–24. doi:10.1093/sysbio/syt033.
- Löhr, B., Vásquez-Ordóñez, A.A. y Becerra López-Lavalle, L.A. (2015). *Rhynchophorus palmarum* in disguise: undescribed polymorphism in the “black” palm weevil. *PLoS One*, 10(12), 1–14. doi:10.1371/journal.pone.0143210.

Silva, A.P., Parra, P.P., Campos, V.P., Costa, S.S., Vicente, C.S.L, Ferreira, L.G, Souza, R.M. y Mota, M. (2016). Genetic diversity of *Bursaphelenchus cocophilus* in South America. *Nematology*, 18, 605–14. doi:10.1163/15685411-00002980.