

Comportamiento de genotipos de yuca frente a la enfermedad del mosaico africano de la yuca en Namibe, Angola



Differential response of cassava genotypes to infections by African cassava mosaic in Namibe, Angola

<http://opn.to/a/25knT>

Jesus J. Moisés-Capenda da Rosa ¹, Ileana Miranda-Cabrera ², Yamila Martínez-Zubiaur ^{2*}

¹Dirección Provincial de Agricultura da Huíla, Angola.

²Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), Carretera de Tapaste Km 10, Apartado 10, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

RESUMEN: Este estudio se realizó en Angola con el objetivo de determinar el comportamiento de 19 genotipos foráneos y 21 nacionales de yuca (*Manihot esculenta* Crantz) frente al mosaico africano de la yuca (CMD-del inglés Cassava Mosaic Disease). Se analizaron la incidencia y la severidad del CMD. Se realizaron muestreos del total de plantas sembradas, de cada genotipo, en la Estación Experimental Agrícola de Namibe, Angola, en los periodos de febrero de 2017, junio de 2017 y febrero de 2018. La densidad de adultos de moscas blancas por genotipos se promedió para calcular el índice de densidad en cada fecha, y los datos se analizaron mediante análisis de varianza simple y se compararon (Duncan, nivel de confianza del 95 %). Se efectuó un análisis de conglomerados, lo que evidenció que los genotipos se agrupan de acuerdo a la severidad. Se detectaron genotipos con índices de severidad alto (0,8-1); sin embargo, TMS-84004, TMS-0276, TMS-300027, TMS-40142, TMS-800098, TMS-3021, TMS-300027, TMS-42025, Mz-3, Kassakala y Canfufu, tuvieron los valores de índices de severidad más bajos (0.2). Este resultado permitió sugerir genotipos que, en condiciones de alta densidad del vector, alcanzaron menores índices de severidad de la enfermedad, los cuales pueden ser usados bajo adecuadas condiciones de manejo de la enfermedad.

Palabras clave: Begomovirus, CMD, genotipos, Namíbe, mosca blanca, yuca.

ABSTRACT: The response of 19 foreign genotypes and 21 national genotypes to the African cassava mosaic virus (ACMV) was evaluated, and the disease incidence and severity were analyzed. The total number of the plants planted by genotypes at the Namibe Agricultural Experiment Station, Angola, was sampled in February 2017, June 2017, and February 2018. The whitefly adult density per genotype was averaged to calculate the density index on each date, which was compared using a simple analysis of variance and the Duncan's multiple range test for a confidence level of 95 %. The cluster analysis showed that the genotypes were grouped according to the disease severity. Some genotypes were detected with high severity indexes (0.8-1); however, TMS-84004, TMS-0276, TMS-300027, TMS-40142, TMS-800098, TMS-3021, TMS-300027, TMS-42025, Mz-3, Kassakala, and Canfufu, showed severity indexes of 0.2, the lowest index obtained. This result allowed suggesting genotypes that under high vector density conditions showed lower rates of disease severity, which can be used under adequate pest management conditions.

Key words: begomovirus, CMD, Huíla, whitefly, cassava, genotypes.

*Autor para correspondencia: Yamila Martínez-Zubiaur. E-mail: yamila@censa.edu.cu

Recibido: 10/12/2018

Aceptado: 19/03/2019

INTRODUCCIÓN

La yuca (*Manihot esculenta* Crantz) constituye la fuente principal de nutrición para más de 800 millones de personas en los países tropicales y subtropicales del mundo. En estos países se siembran, aproximadamente, $19,1 \times 10^6$ hectáreas, que producen rendimientos equivalentes a 241×10^6 t.ha⁻¹; la mitad de esta producción se concentra en África, donde la yuca es un reglón importante en la dieta tradicional (1).

El cultivo se adapta a diversas condiciones ambientales, incluyendo largos periodos de sequía y suelos pobres (1). Sin embargo, la enfermedad del mosaico africano de la yuca (CMD del inglés), causado por diferentes especies virales del género *Begomovirus*, representa una de las principales restricciones bióticas que afectan el cultivo mundialmente y requiere de un enfoque de gestión integrada (2,3).

El mejoramiento genético ha proporcionado genotipos de yuca con altos rendimientos y tolerantes a las especies de begomovirus involucrados en CMD (4,5). En la actualidad, la resistencia cuantitativa a CMD deriva de un cruce entre *Manihot glaziovii* × *Manihot esculenta* (6): sobre la base de esto se describieron tres tipos de mecanismos de resistencia o tolerancia (7): tipo CMD1 que se obtuvo de *Manihot glaziovii* Muell. Arg. (Goma de Ceará) de naturaleza poligénica y recesiva; tipo CMD2, que se deriva de un gen que se encuentra en diferentes genotipos nativos de África occidental de la serie *Tropical Manihot esculenta* (TME); tipo CMD3 que se derivó de cruces de *Tropical Manihot esculenta* (TMS) 30572 (tipo CMD1) y TME 6 (tipo CMD2) (7,8).

En el continente se ha explotado preferentemente el tipo CMD2, para desarrollar genotipos altamente tolerantes a CMD, ya que es fácilmente hereditario y confiere resistencia a un amplio espectro de especies de begomovirus involucrados en la enfermedad (7).

En Angola, en 1994 se creó el Programa Nacional de Investigación de Raíces y Tubérculos (PNIRT); luego, en el año 2000 se introdujeron los genotipos con diferentes propósitos, entre ellos aumentar la productividad y realizar mejoramiento genético para la resistencia a CMD. Algunos gobiernos

provinciales, a partir de estos proyectos, también desarrollaron iniciativas con programas para priorizar la multiplicación y distribución del material vegetativo de calidad (6).

El objetivo de este trabajo fue evaluar el comportamiento de genotipos de yuca, conservados en el banco de germoplasma de la provincia Namibe, República de Angola, frente a la enfermedad del mosaico africano de la yuca (CMD).

MATERIALES Y MÉTODOS

Se analizaron 40 genotipos de yuca sembrados en el banco de germoplasma de la Estación Experimental Agrícola de Namibe, República de Angola. Se evaluaron los síntomas y se contaron los adultos de mosca blanca presentes en cada planta individual de los 21 genotipos nacionales y 19 foráneos, estos últimos adquiridos en IITA-Nigeria. Los muestreos se realizaron en los periodos de febrero de 2017, junio de 2017 y febrero de 2018.

Los 21 genotipos nacionales introducidos entre 1980 y 1990 (Lumono-1, Lumono-2, Local-1 (Namibe), Local-2 (Namibe), Jaka, Padre Telmo, Kassakala, Ngovito, Chico Diacombe, MPELU, Ranan, Rav, Kago, Ngana Rico, Precoce de Angola, Canfunfu, Rosa, Ntiti, Kusai, Butano) proceden del Instituto de Investigación Agronómica de Angola; y los 19 genotipos foráneos (TMS-840027, TMS-84004, TMS-830070, TMS-0326, TMS-9123, TMS-30395, TMS-0276, TMS-300027, TMS-871010, TMS-30572, TMS-40142, TMS-800098, TMS-2123, TMS-3021, TMS-42025, Mz-1, Mz-2, Mz-3, Mz-4) se adquirieron en el Instituto Internacional de Agricultura Tropical de Nigeria (IITA-Nigeria) en el año 2000, para programas de mejoramiento en el país.

Se describieron los síntomas asociados a CMD y el grado de expresión en una escala de 1-3, a partir de la observación del total de plantas sembradas por genotipos (9).

La escala de la severidad de los síntomas se describe a continuación:

A1- Plantas sin síntomas.

A2- Plantas con síntomas ligeros de mosaico.

A3-Plantas con síntomas severos de mosaico, encrespamientos y enanismo.

Los índices de severidad e incidencia se determinaron para cada campo visitado siguiendo las fórmulas siguientes:

$$\text{Incidencia} = (A2+A3) / \text{total}$$

$$\text{Severidad} = A3 / (A2+A3)$$

La densidad de adultos de mosca blanca por genotipos se promedió para calcular el índice de densidad en cada fecha; se comparó mediante análisis de varianza simple y prueba de rangos múltiples de Duncan para un nivel de confianza de 95 %. Se utilizó el paquete estadístico InfoStat versión 2016 (10).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados evidenciaron la presencia de adultos de mosca blanca en todas las fechas estudiadas, con un índice entre 0,93-0,96, lo que significa un promedio mayor a cuatro adultos por plantas observadas, sin diferencias significativas en cada momento. Estos resultados indican la presencia del vector en el área donde se encuentran sembrados los genotipos, en densidades suficientes para la transmisión de la enfermedad (11).

Los síntomas de la enfermedad incidieron en todos los genotipos. En cuanto a la severidad de la enfermedad, el agrupamiento de los genotipos demostró que, en 30 genotipos (menos del 50 % de las plantas) se mostraron síntomas de la enfermedad; mientras que, en 10 más (50 % de

las plantas) tuvieron severidad de síntomas de grado A2 y A3. (Figura 1)

Los genotipos que mostraron más del 50 % de las plantas analizadas con severidad de grado A3 fueron TMS-830070, TMS-0326 (Formosa), TMS-9123, TMS-30395, TMS-0276, TMS-300027, TMS-871010, TMS-30572, TMS-40142, TMS-800098, TMS-2123, TMS-3021, TMS-42025, Mz-1, Mz-2, Mz-3, Mz-4, Lumono-1, Lumono-2, Local-1 (Namibe), Local-2 (Namibe), Jaka, Padre Telmo, Kassakala, Ngovito, Chico Diacombe, Mpelu Ranan, Rave, Kago, Ngana Rico, Precoce de Angola, Canfunfu, Rosa, Ntiti, Kusai, SN (Sin nombre-proveniente de k.k). Los genotipos de Rosa, Mz-4 y TMS-2123, mostraron mayor severidad en más del 80 % de las plantas analizadas.

En general, el agrupamiento de los genotipos según la severidad promedio de los síntomas asociados a CMD, durante los periodos en análisis, permitió identificar que los genotipos TMS-84004, TMS-0276, TMS-300027, TMS-40142, TMS-800098, TMS-3021, TMS-300027, TMS-42025, Mz-3, Kassakala y Canfunfu, en un mismo grupo presentaron severidad de 0,2. Los genotipos TMS-0326, TMS-9126, Mz-2, Mpelu, Lumono-1, Lumono-2, Local-1 (Namibe), Ngovito, Chico Diacombe y Butano presentaron una severidad de 0,4. Mientras que, TMS-830070, TMS-871010, TMS-30572, Jaka, Ranan, Rave, Kago, Precoce de Angola, Ntiti y S.N (Sin nombre proveniente de Kuando-Kubango), mostraron una severidad

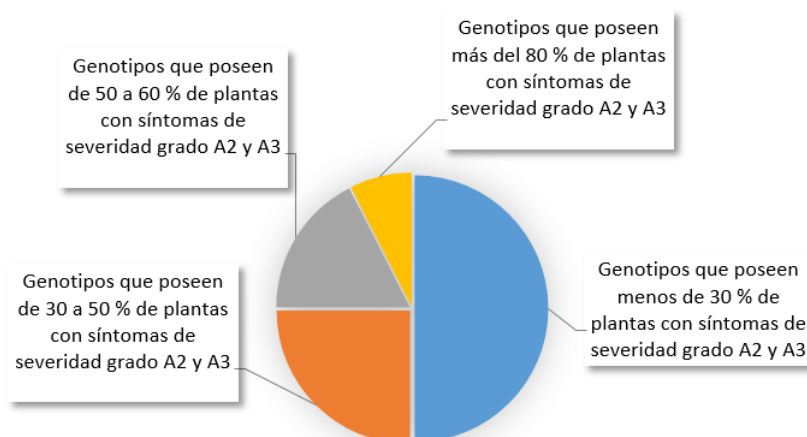


Figura 1. Distribución de los genotipos según el porcentaje de plantas con índices de severidad de CMD de ligeros a severos (grados A2 y A3) durante los periodos analizados / Distribution of genotypes according to the percentage of plants with severity indexes of CDM from light to severe (grade A2 and A3) in all dates analyzed.

de 0,6 y TMS-30395, Local-2, Padre Telmo, Rosa, Ngana Rico, Kusai y Mz-4, presentaron severidad de 0,8. Los genotipos TMS-840027, TMS-2123, Mz-1 y Mz-4 presentaron una severidad de 1.

El resultado sugiere que estas variedades son más susceptibles a la enfermedad en el periodo seco de junio, mientras que en el periodo lluvioso son capaces de recuperarse parcialmente, en dependencia del tipo de resistencia. Este puede ser el caso de los pertenecientes a genotipos de la línea TMS, y particularmente el TMS-30572, que posee resistencia tipo CMD1 poligénica recesiva. Por otra parte, se informó que los cultivares mejorados y resistentes pueden convertirse rápidamente en susceptibles cuando la presión de CMD es alta o en condiciones de baja altitud, debido a altas poblaciones de mosca blanca (14,15,16,17); este es el caso de Namibe, que se encuentra a nivel del mar y con alta densidad del vector.

Comparando los tres momentos, se determinó que existen genotipos promisorios como: TMS-84004, TMS-0276, TMS-300027, TMS-40142, TMS-800098, TMS-3021, TMS-42025, Mz-3, Kassakala y Canfufu, que presentaron un promedio de severidad 0,2 en el desarrollo de la enfermedad (Fig. 2) y pueden ser recomendados para su uso en otras regiones de mayor altitud y en adecuadas medidas de manejo; también se pueden considerar en los programas

de mejora para genética si se sugiere que la infección de CMD es inferior en las zonas superiores a 800 m por encima de nivel del mar (16,17,18), posiblemente debido a las bajas temperaturas.

Los resultados evidenciaron que en Angola existen genotipos promisorios, tanto foráneos como nacionales, para el manejo de la enfermedad y que deben ser utilizados y evaluados en las áreas de producción de forma regionalizada y con la debida vigilancia de la enfermedad, conjugado con otras tácticas de manejo.

REFERENCIAS

1. FAOSTAT, Producción. Cultivos Primarios. Bases de Datos Estadísticos de la FAO. 2015. Recuperado de <http://faostat.fao.org/download/Q/QC/E>.
2. Legg JP, Owor B, Sseruwagi P, Ndunguru J. cassava mosaic viruses disease in East and Central Africa: epidemiology and management of a regional pandemic. Adv. Virus Res. 2006;67. 355-418.
3. Legg J, Lava KP, Makeskumar T, Tripathi L, Ferguson M, Kanju E, et al. Cassava Virus Diseases: Biology, Epidemiology, and Management. In: Gad L, Nikolaos IK (eds) Advances in Virus Research 91. 2014; pp. 85-142.

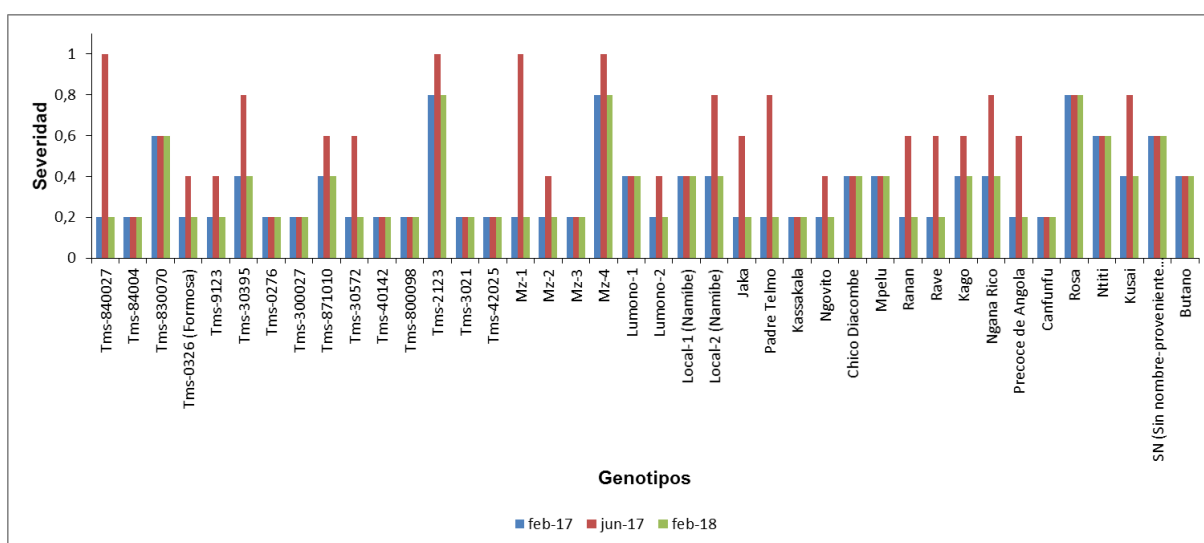


Figura 2. Severidad de la Enfermedad del Mosaico Africano de la yuca en los genotipos evaluados durante los periodos analizados (barras azules, análisis en febrero 2017; barras rojas en junio 2017; barras verdes en febrero 2018)/ Cassava Mosaic Disease severity of the genotypes evaluated in the periods analyzed (Blue-February 2017, Red -June 2017 and Green-February 2018).

4. Okogbenin E, Egesi CN, Olasanmi B, Ogundapo O, Kahya S, Hurtado P, et al. Molecular marker analysis and validation of resistance to cassava mosaic disease in elite cassava genotypes in Nigeria. *Crop Sci.* 2012; 52(6):2576-2586.
5. Rabbi IY, Hamblin MT, Kumar PL, Gedil MA, Ikpan AS, Jannink JL, et al. High-resolution mapping of resistance to cassava mosaic geminiviruses in cassava using genotyping-by-sequencing and its implications for breeding. *Virus Res.* 2014; 186:87-96.
6. Muondo AP. Culturas intercalares e Agricultura familiar em Angola. Caso: Mandioca/Cajanus; Mandioca/Leucaena. Tese apresentada neste Instituto Para obtenção do grau de doutor em Engenharia Agronómica. Instituto Superior de Agronomía da Universidade Técnica de Lisboa (UTL). 2013. 173 pp. Disponible en: https://www.repository.utl.pt/bitstream/10400.5/6158/1/PASCOAL_FINAL%20Mar%20C3%A7o%202013.pdf
7. Beyene G, Chauhan RD, Wagaba H, Moll T, Alicai T, Miano D, et al. Loss of CMD2-mediated resistance to cassava mosaic disease in plants regenerated through somatic embryogenesis. *Mol. Plant Pathol.* 2015.
8. Dixon AGO, Okechukwu RU, Akoroda MO, Ilona P, Ogbe F, Egesi CN, et al. IITA Cassava Project; Ibadan, Nigeria: 2010. Improved Cassava Variety Handbook.
9. Martínez Y, Martínez MA, Quiñónez M, Miranda I, Holt J, Chancellor T. Estudio de factores que influyen en la epifitología del complejo mosca blanca-geminivirus, en la región oriental de Cuba. *Rev. Protección Veg.* 2009; 24(1): 47-50
10. Di Rienzo JA, Casanoves F, Balzarini MG, González L, Tablada M, Robledo CW. InfoStat versión 2016. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.infostat.com.ar>
11. Njoroge MK, Mutisya DL, Miano DW, Kilalo DC. Whitefly species efficiency in transmitting cassava mosaic and brown streak virus diseases. *Cogent Biology* 3: 2017: 131-149
12. Maruthi MN, Colvin J, Seal S, Gibson G, Cooper J. Co-adaptation between cassava mosaic geminivirus and their local vector populations. *Virus Res.* 2002; 86:71-85.
13. Okogbenin E, Moreno I, Tomkins J, Fauquet CM, Mkamilo G, Fregene M. Marker-Assisted breeding for cassava mosaic disease resistance. In: Varshney R.K., Tuberosa R., editors. vol. 2013; 1. John Wiley & Sons Ltd.; Chichester, UK: (Translational Genomics for Crop Breeding: Biotic Stress).
14. Colvin J, Omongo CA, Maruthi MN, Otim Nape GW, Thresh JM. Dual begomovirus infection and high Bemisia tabaci populations: two factors driving spread of cassava mosaic disease pandemic, *Plant Pathol.* 2004; 53:577-584.
15. Bisimwa E, Walangululu J, Bragard C. Mosaic Disease Yield Loss Assessment under Various Altitude Agroecosystems in the Sud-Kivu Region, Democratic Republic of Congo. *Tropicicultura.* 2015;33(2):101-110.
16. Legg JP. Bemisia tabaci: the whitefly vector of cassava mosaic geminiviruses in Africa: an ecological perspective. *African Crop Science Journal.* 1994;2: 437-448.
17. Legg JP, Raya MD. Survey of cassava virus diseases in Tanzania. *International Journal of Pest Management.* 1998; 44:17-23.
18. Colvin J, Omongo CA, Maruthi MN, Otim Nape GW, Thresh JM. Dual begomovirus infection and high Bemisia tabaci populations: two factors driving spread of cassava mosaic disease pandemic. *Plant Pathol.* 2004; 53:577-584.

Los autores de este trabajo declaran no presentar conflicto de intereses.

Este artículo se encuentra bajo licencia [Creative Commons Reconocimiento-NoComercial 4.0 Internacional \(CC BY-NC 4.0\)](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)