

Artículo reseña

INTERACCIONES HOSPEDANTE – PATÓGENO: LOGROS Y PERSPECTIVAS EN CUBA

Belkis Peteira, Ondina León

Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria, Autopista Nacional y Carretera de Tapaste, Apartado 10, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba. Correo electrónico: bpeteira@censa.edu.cu

RESUMEN: La producción de alimentos a nivel mundial se encuentra entre las prioridades de gobiernos e instituciones. La estrategia global de mejora de los rendimientos agrícolas con un menor impacto ambiental, reducción de la aplicación de químicos y preservación de la biodiversidad está dirigida hacia una agricultura sostenible. El empleo de variedades resistentes es una táctica ampliamente utilizada en el manejo integrado de plagas, por lo que los programas de mejoramiento genético constituyen una prioridad para alcanzar esta meta. En el logro de esta meta reviste singular importancia el conocimiento de los patógenos y de las bases fisiológicas, moleculares y genéticas que rigen las interacciones con las plantas, lo cual puede contribuir a la obtención de una resistencia durable. En este escenario complejo, se desarrolló en el Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), por más de 25 años, un grupo de investigaciones relacionadas con el estudio de interacciones en *Saccharum* híbrido spp., *Solanum lycopersicum* L., *Oryza sativa* L.; con diferentes patógenos, cuyos resultados se informan en este trabajo.

(Palabras clave: mecanismos de defensa; caña de azúcar; tomate; arroz)

HOST- PATHOGEN INTERACTIONS: ACHIEVEMENTS AND PROSPECTS IN CUBA

ABSTRACT: Food production worldwide is among the priorities of governments and institutions. The overall strategy for improving crop yields with less environmental impact, reduction of chemical application and preservation of biodiversity is geared towards sustainable agriculture. Resistant varieties are a tactic widely used in integrated pest management; thus breeding programs are a priority for achieving this goal. Understanding of the pathogens and the physiological bases, and the molecular and genetic interactions governing the plants may contribute to achieve durable resistance. In this complex scenario, a group of research works studying the interactions between hybrid *Saccharum* spp., *Solanum lycopersicum* L., *Oryza sativa* L., and different pathogens was developed at the National Center for Agricultural Health (CENSA), for over 25 years. The results are reported in this paper.

(Key words: defense mechanisms; sugarcane; tomato; rice)

INTRODUCCIÓN GENERAL

La producción de alimentos a nivel mundial se encuentra sin lugar a dudas entre las prioridades de gobiernos e instituciones. La estrategia global de mejora de los rendimientos agrícolas e industriales con un menor impacto ambiental, por reducción de la aplicación de químicos y preservación de la biodiversidad está dirigida hacia una agricultura sostenible en respuesta a la grave y compleja situación social que incluye además

los efectos adversos del cambio climático (1). Se calcula que en la actualidad no menos de un diez por ciento de la producción potencial de alimentos se pierde a causa de enfermedades que afectan las plantas (2).

El empleo de variedades resistentes es una táctica ampliamente utilizada en el manejo integrado de plagas. Los programas de mejoramiento genético constituyen una prioridad para alcanzar una agricultura sostenible, a través de la generación de germoplasma,

adaptado a condiciones de baja utilización de insumos externos y tomando en cuenta aspectos sociales y ambientales. En el logro de este empeño, reviste singular importancia el conocimiento de los patógenos y de las bases fisiológicas, moleculares y genéticas que rigen las interacciones con las plantas, lo cual puede contribuir a la obtención de una resistencia durable y a la disminución del uso de plaguicidas.

Las plantas, normalmente se enfrentan a los patógenos y logran sobrevivir a través de diferentes niveles de defensa, que van desde la existencia de barreras preformadas, hasta la activación de diferentes respuestas en la resistencia no hospedante, la raza específica y no específica y la defensa basal (3). Adicionalmente, la activación de respuestas locales puede inducir inmunidad sistémica que sensibiliza al tejido contra ataques posteriores.

Los patógenos, a su vez poseen un amplio arsenal de mecanismos que les posibilita evadir y/o suprimir las respuestas defensivas de la planta. El surgimiento de razas más virulentas e incluso la aparición de nuevos patógenos, crea desafíos que implican el perfeccionamiento de las respuestas de defensa de las plantas. Debido a ello, el éxito del patógeno para causar enfermedad, lejos de constituir la regla es una excepción (4).

Los mecanismos de defensa activados en las plantas, incluyen la producción rápida de especies reactivas del oxígeno (ROS), alteraciones en la constitución de la pared celular, la acumulación de metabolitos secundarios como fitoalexinas, la activación y síntesis de péptidos y proteínas de defensa; entre otros (5). El estudio de genes y transcriptos vinculados con la respuesta defensiva y su expresión en el tiempo puede contribuir a la comprensión de la resistencia de la planta y es el punto de partida para su aplicación práctica en el control de enfermedades (6,7).

PARTE ESPECIAL

En este escenario complejo donde están presentes diversos retos y vulnerabilidades se desarrolló en el Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), por más de 25 años, un grupo de investigaciones relacionadas con el estudio de interacciones en *Saccharum* híbrido spp., *Solanum lycopersicum* L. y *Oryza sativa* L.; con diferentes patógenos.

Interacción *Saccharum* híbrido spp. - *Puccinia melanocephala* H & P Sydow

La interacción roya-caña de azúcar es un modelo de alta complejidad científico-técnica por las características genéticas del hospedante y la morfofisiología del hongo (biótrofo). En investigaciones precedentes

en Cuba, sobre el ciclo infeccioso de *P. melanocephala* se establecieron cuatro etapas del proceso con diferentes reacciones a nivel morfohistopatológico que diferencian la variedad resistente de la susceptible a partir de la tercera etapa (8).

En Cuba, después de la sustitución en 1980 de la variedad B4362 por Ja60-5 comenzaron a aparecer brotes intensos en algunas regiones de La Habana y también en otras provincias, por lo que se concluyó que existían dos patotipos circulando en el país (9). Entre 1989 y 1990 se definió a partir del estudio de 85 aislamientos de diferentes localidades de Cuba la presencia de una población muy heterogénea de *P. melanocephala* que mostraba indistintamente más agresividad hacia B4362 y Ja60-5, respectivamente (10). Posteriormente, se analizó la variabilidad patogénica de 23 aislamientos en 15 variedades y se definió la presencia de 20 patotipos, comprobándose la interacción diferencial significativa entre aislamientos y variedades (8).

Estos resultados proporcionaron las bases de un conjunto de investigaciones realizadas en el CENSA entre los años 1992-2002, encaminadas al estudio del patrón de expresión en el tiempo, de proteínas y enzimas defensivas en variedades resistentes y susceptibles en respuesta a la infección.

Entre los resultados derivados de este estudio se destacó el primer informe de la inducción de proteínas relacionadas con la patogénesis (PR-proteínas, PRs), en caña de azúcar. Se determinaron las dinámicas de acumulación en el tiempo de estas PRs, de conjunto con otras proteínas y enzimas que participan en los procesos defensivos en variedades resistentes y susceptibles, posterior a la inoculación con el patógeno. Todas estas proteínas fueron inducidas siempre mucho más temprano y/o en mayores niveles en la variedad resistente durante las primeras etapas de la infección. Se destacan entre ellas, las peroxidasas, β -1,3-glucanasas y quitinasas, enzimas que desempeñan una función importante en interacciones incompatibles.

Resultó de particular interés, la actividad de glucanasas y quitinasas en el caso de las especies de *Puccinia*, en las que se describe la presencia de glucanos y quitinas en la superficie de diferentes estructuras del hongo, composición que cambia progresivamente durante el desarrollo de las estructuras de infección: los tubos germinativos de las uredosporas presentan quitina, el apresorio quitina y glucano y las vesículas e hifas infectivas principalmente solo glucanos (11). Por tanto, ambas enzimas pueden desempeñar una función protectora directa al hidrolizar estructuras de este hongo e indirectamente al activar mecanismos de defensa de las plantas y liberar elicitores

no específicos que estimulan la acumulación de otros compuestos defensivos.

Se purificaron una β -1,3-glucanasa de 40 kDa y una quitinasa de 36 kDa de extractos crudos de la variedad CP 52-43 (resistente), tres días posterior a la inoculación y se determinó por primera vez un fragmento de la secuencia aminoacídica de quitinasa purificada de caña de azúcar, que presentó homología con las de *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh y *Psophocarpus tetragonolobus* (L.) D.C.

Las proteínas quitinasa, β -1,3-glucanasa y peroxidasa, así como la polifenoloxidas (PPO), también se expresaron diferencialmente en variedades patrones, que se utilizaron en las pruebas de resistencia a la roya inoculadas con dos aislamientos de *P. melanocephala* (Ja60-5 Habana y B4362 Jovellanos). El análisis de componentes principales obtenido de la evaluación, mostró que las cuatro enzimas explicaron el 96% de la variabilidad total y la β -1,3-glucanasa resultó la de mayor aporte, por lo que la respuesta de las variedades ante cada uno de los aislamientos se clasificó de acuerdo a los niveles de actividad glucanasa.

Por primera vez se construyó una biblioteca ADNc sustractiva de caña de azúcar en la variedad resistente CP 52-43 inoculada con *P. melanocephala* a las 72 horas con más de 7×10^6 clones con talla promedio de 800 pb en el vector pGem-T. Los clones de la biblioteca fueron amplificados mediante PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) y se identificaron 10 a partir de la hibridación con una sonda β -1,3-glucanasa, aislada de *Hordeum vulgare* L. Uno de los clones positivos con una longitud de 510 pb fue secuenciado y presentó mayor homología con β -1,3-glucanasa de otras poáceas (*Hordeum vulgare* L., *Triticum aestivum* L., *Zea mays* L. y *Oryza sativa* L.). Este transcripto mostró una inducción transiente más rápida y en mayor magnitud en la variedad resistente lo que evidencia la relación con mecanismos defensivos.

Los resultados expuestos constituyeron los primeros estudios a nivel internacional de la identificación y caracterización de la expresión de proteínas, enzimas y de un gen β -1,3-glucanasa relacionados con la defensa en variedades resistentes y susceptibles a la infección con *P. melanocephala* en esta interacción de alta complejidad.

Interacción *Solanum lycopersicum* - *Alternaria solani* Sor

El tomate *Solanum lycopersicum* L., (*syn Lycopersicon esculentum* Mill), es una de las hortalizas de mayor consumo a nivel mundial. El cultivo de tomate es afectado por diferentes enfermedades y en-

tre ellas el tizón temprano, causado por el hongo *Alternaria solani* (necrótrofo), se considera el de mayor importancia con perjuicios económicos significativos, especialmente en países como Estados Unidos, Australia, Israel, Reino Unido e India, con reducciones de rendimiento que oscilan entre el 35 y 78% (12). En Cuba, la enfermedad aparece en todas las provincias con un elevado endemismo (13).

Por tal motivo en el CENSA, entre los años 1994-2004, se realizaron estudios que contribuyeron al esclarecimiento de la expresión de diferentes proteínas y enzimas relacionadas con la defensa en etapas tempranas de la interacción, a partir del conocimiento de la variabilidad del patógeno y la elección para el establecimiento del patosistema de aislamientos caracterizados y de variedades con diferentes grados de resistencia.

Entre los aportes fundamentales derivados del estudio de esta interacción se destaca la detección del incremento posterior a la inoculación del patógeno de un grupo importante de enzimas relacionadas con actividades antioxidante, señalización y defensa de la planta, entre las que se encuentran las lipoxigenasas (LOX), catalasas, superóxido dismutasas, peroxidasas, glutatión reductasas, polifenoloxidasas, fenil alanina amonio liasas, quitinasas y β -1,3-glucanasas, y su expresión diferencial entre las variedades resistentes y susceptibles.

Los patrones electroforéticos en la determinación de isoenzimas mostraron cambios en la intensidad de las bandas de los sistemas estudiados durante el proceso infeccioso del hongo en relación con los controles, y solo para peroxidasas y quitinasas de acuerdo al grado de resistencia de la variedad.

Se confirmó que en la interacción *A. solani*-tomate se inducen varias proteínas relacionadas con la patogénesis tales como PRs de la familia 1 (PR-1), proteínas similares a taumatina, quitinasas y glucanasas, las que de acuerdo a su comportamiento diferencial en el genotipo resistente pudieran desempeñar un papel activo en la defensa de la planta.

Particularmente, las quitinasas con pesos moleculares aproximados de 31,5; 33 y 35,5 kDa se indujeron al tercer día postinoculación en la variedad resistente, con un comportamiento en correspondencia con resultados previos.

Se describió por primera vez en esta interacción la relación de la enzima LOX con las vías de señalización y con mecanismos antioxidantes y defensivos. En este patosistema es evidente que esta enzima resulta importante en la señalización ante el ataque de este patógeno y que además influye en la generación de moléculas señales adicionales como peróxidos,

lípidos y ácido jasmónico quienes a su vez inducen otras respuestas de defensa más tardías.

El carácter específico de la resistencia frente a *A. solani* se evidenció con la inoculación de tres aislamientos del hongo que manifestaron diferencias en su poder infectivo sobre las variedades estudiadas. Las variedades Cimarrón mejorado, INIFAT 28, Criollo Quivicán y Nagcarlan obtenidas en programas del país, presentaron el mejor comportamiento frente a los aislamientos estudiados y la enzima LOX permitió una mejor diferenciación de las mismas.

Se propuso por primera vez en esta interacción un modelo que sincroniza el comportamiento de las variables bioquímicas estudiadas con el proceso patogénico una vez establecido el patosistema, el cual podrá ser validado a partir de estudios de genómica funcional.

Interacción *Saccharum* híbrido spp - *Sporisorium scitamineum* (Syd) M. Piepenbr, M. Stoll & Oberw (*Ustilago scitaminea* Sydow)

El carbón de la caña de azúcar es una enfermedad con amplia distribución geográfica en más de 64 países, en la mayoría de los cuales los daños producidos se consideran significativos. Las pérdidas fundamentalmente ocurren en los retoños y se incrementan en función del número de cosechas de las plantaciones (14).

La aparición de esta enfermedad en Cuba se señala oficialmente en octubre de 1978. Se diseminó con gran rapidez y con síntomas muy severos sobre variedades susceptibles, ocasionando pérdidas entre un 10 y 30% de la producción agrícola (15). Sin embargo, en la actualidad se redujeron las áreas afectadas con el manejo de las variedades a través del Programa de Fitomejoramiento.

En el CENSA, en el período del 2002 al 2008, se realizaron estudios en colaboración con el Instituto Nacional de Investigaciones de la Caña de Azúcar (INICA) relacionados con aspectos relevantes de la expresión diferencial en tiempo y espacio de proteínas de defensa en variedades resistentes y susceptibles a *S. scitamineum* y se realizó por primera vez la caracterización de los perfiles diferenciales de genes y oligosacáridos inducidos por el patógeno en caña de azúcar.

Los aportes más significativos en el estudio de este patosistema en las etapas iniciales de la infección, evidenciaron un comportamiento diferencial de la variedad resistente en la expresión espacio temporal de un grupo de enzimas y proteínas relacionadas con la patogénesis, en concordancia con la dinámica de penetración del hongo.

Se corroboró que las actividades enzimáticas peroxidadas, quitinasas y glucanasas se inducen

diferencialmente en la variedad resistente. Los perfiles isoenzimáticos de estas y de la superóxido dismutasa mostraron una mayor y más temprana acumulación de las isoformas en la respuesta incompatible.

El análisis AFLP-ADNc a las 72h post-inoculación permitió identificar 43 fragmentos derivados de transcritos diferencialmente expresados en la variedad resistente a las 24 ó 72 horas posterior a la inoculación. De estos, 15 se indujeron en ambos genotipos aunque en diferentes tiempos y/o cambios en la intensidad de la señal y seis se reprimen en la variedad susceptible mientras que se activan o expresan constitutivamente en la resistente.

Los perfiles cromatográficos y la concentración de oligosacáridos en las primeras 72 horas posteriores a la inoculación mostraron también diferencias entre variedades resistentes y susceptibles, por lo que podrían desempeñar una función importante en la inducción de defensa de la planta.

Esta investigación aportó aspectos relevantes de la fisiopatología de la interacción y permitió a partir de la integración de los resultados, proponer un modelo de los cambios fisiológicos que ocurren en las etapas tempranas de la infección. A la llegada del patógeno, ocurre el reconocimiento y posteriormente deben liberarse oligosacáridos en la planta que pudieran actuar como inductores de respuestas. Las señales iniciales de alarma provocarían en el hospedante, cambios en el flujo de iones y la activación de varias quinasas que participan en la amplificación de la señal al núcleo.

Por otra parte, se detectaron en la variedad resistente inoculada, incrementos de las PRs 1, 2, 3 y 5 con reconocidos efectos antimicrobianos, y activadores de las respuestas defensivas por la liberación de fragmentos derivados de paredes celulares.

Se estableció un procedimiento donde se observó la presencia de complejos proteína-anticuerpo por inmunofluorescencia indirecta e inmunomicroscopía electrónica en células meristemáticas de caña de azúcar que evidencian la localización de las PRs a nivel del citoplasma celular: las PRs 2 se visualizaron confinadas dentro de vacuolas y las PRs 3 distribuidas en el protoplasma.

El estudio genómico que se realizó reveló por primera vez la relación de las principales rutas de señalización durante las primeras 72 horas. Los análisis posteriores de segregación de los genes expresados diferencialmente en las progenies de cruces R x S pudieran proporcionar una mayor información de las bases genéticas de la resistencia de la caña de azúcar al carbón.

De igual forma, la elucidación de las funciones específicas de proteínas y genes relacionadas con la

defensa en esta interacción contribuirá a los análisis de genómica funcional que se realizan a nivel mundial en caña de azúcar.

Interacción *Oryza sativa*, L. - *Steneotarsonemus spinki* Smiley

El arroz (*Oryza sativa* L.) es el cultivo cerealero más importante del mundo y el alimento básico de más de la mitad de la población mundial. En Cuba, el arroz es el cereal de mayor consumo con 52 kilogramos per cápita por año. Sin embargo, la producción nacional actual no cubre la demanda interna, ya que se ve afectada por diversos factores bióticos y abióticos, entre los cuales se encuentra la salinidad, lo que hace que se dediquen grandes esfuerzos dirigidos a incrementar la producción arrocería nacional. Además en los últimos años del siglo pasado, aparece en el país el ácaro *Steneotarsonemus spinki* como una de las plagas importantes en el cultivo por los daños que provoca en los rendimientos (16).

El conocimiento del grado de diversidad entre los progenitores a utilizar en los cruces genéticos para la obtención de híbridos, es la consideración principal a tener en cuenta en un programa de mejoramiento. El uso de variedades de alto rendimiento ha desplazado a los cultivares tradicionales localmente adaptados, lo que ha conducido a una alta homogeneidad genética del cultivo.

En Cuba se ha trabajado intensamente en la obtención de variedades capaces de tolerar diferentes tipos de estrés y que tengan un buen rendimiento. Una estrategia importante es el uso de la variación somaclonal, la cual ha sido ampliamente utilizada en el cultivo del arroz. La inducción de mutaciones también ha dado resultados positivos. Los marcadores moleculares constituyen una herramienta eficaz en la caracterización de los nuevos individuos obtenidos y aceleran el proceso de selección.

A partir de esta problemática nuestro equipo de investigación desarrolló estudios entre los años 2001 – 2004, en coordinación con el Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA), sobre un grupo de parentales, somaclones y mutantes de arroz desde el punto de vista de su variabilidad genética, así como de los posibles mecanismos de defensa relacionados con la resistencia al ácaro *Steneotarsonemus spinki*.

De forma general, a través del análisis de las actividades enzimáticas de forma constitutiva se obtuvieron diferencias entre el donante Amistad 82 y los somaclones y mutantes estudiados. De igual manera, se pudo diferenciar los somaclones y mutantes de su donante original, a través de las isoformas de diferentes sistemas enzimáticos. Mediante las isoenzimas de esterasas (EST), polifenol oxidasas

(PPO), peroxidases (PRX) y super óxido dismutasas (SOD) se pudo detectar polimorfismo dado por la aparición de nuevas bandas en los somaclones y mutantes, que no estaban presentes en el donante original Amistad 82.

En nuestros estudios, el equipo del CENSA encontró polimorfismo en la SOD y PPO en los genotipos, así como las diferencias altamente notables encontradas en la intensidad de las bandas de PRX en los mutantes, con respecto al donante original las que pudieran provocar un mecanismo de protección celular frente a la oxidación por los iones superóxido, que pueden ser inducidos por diversas circunstancias como la senescencia, acumulación de oxígeno, procesos patogénicos y situaciones ambientales. Por tanto, las actividades SOD, PO y PPO podrían ser responsables de un mejor comportamiento de las plantas mutadas frente a un tipo de estrés determinado. También quedó esclarecido que se obtuvo una mayor variabilidad genética en los mutantes que en los somaclones.

A partir de la caracterización de la variabilidad por ADN polimórfico amplificado al azar (RAPDs) se verificó la formación de cuatro grupos diferentes. El somaclón LP-7 aparece completamente alejado del resto de los materiales en el primer grupo. Este comportamiento es lógico, ya que este material se distingue incluso por sus características morfológicas y por una notable resistencia al ácaro blanco, respecto al resto de los materiales estudiados y al donante original. En el segundo se sitúan todos los mutantes analizados, el somaclón LP9 y las variedades Perla de Cuba y Vietnamita. En el tercero se ubicó solamente la variedad Reforma. En el cuarto está la variedad Amistad 82 (donante) y el somaclón LP8 (8476), que en este caso fue el único material que no pudo ser diferenciado del donante. Este resultado coincide también con un análisis realizado tomando como marcador para las comparaciones a diferentes isoenzimas, ya que en este estudio tampoco fue posible diferenciar al somaclón antes mencionado.

Se demostró que las variedades LC 88-66 y Reforma presentaron un comportamiento resistente a las principales plagas que afectan el cultivo del arroz en Cuba, además de que poseen un excelente vigor vegetativo. Las variedades J 104, IACuba 25 y Perla de Cuba han sido informadas como susceptibles a distintas enfermedades como *Pyricularia grisea* (Cooke) Sacc., *Sarocladium oryzae* (Sawada) Gams & Hawks y el ácaro *S. spinki*.

Se evidenció la superioridad de las variedades Reforma y LC 88-66 en cuanto a resistencia al ácaro y a los niveles de actividad enzimática detectados. Estos resultados sugieren la posibilidad que pueden ofrecer

los sistemas enzimáticos en la discriminación de las variedades de arroz con respecto a la tolerancia a *S. pinki*, además de la estimación de la variabilidad genética presente en el material utilizado.

Se detectó además una amplia variación en el nivel de compuestos fenólicos totales en las distintas variedades evaluadas. También se encontraron diferencias significativas entre las plantas sanas e inoculadas con el ácaro, con mayores niveles para las últimas. Los menores niveles de compuestos fenólicos encontrados en las variedades con mayor susceptibilidad al ácaro sugieren que las variedades resistentes presentan de forma constitutiva concentraciones efectivas en los compuestos fenólicos y actúan como barreras constitutivas de protección, ya que hacen a las plantas menos atractivas para la alimentación del ácaro (17). Por lo que se concluye que los compuestos fenólicos parecen estar relacionados con la defensa del cultivo del arroz al ácaro *S. pinki*, y se recomienda seguir profundizando en estos estudios para aislar e identificar cuáles son los compuestos fenólicos realmente involucrados en este efecto.

En los estudios de dinámica de la expresión de enzimas relacionadas con la patogénesis (PRX, PAL, PPO), se detectaron diferencias significativas en las actividades específicas de las enzimas estudiadas, siendo al inicio mayores los valores en la variedad resistente sana que en el control susceptible. Una vez infestadas las plantas, se observaron mayores valores de actividad enzimática en la variedad resistente infestada que en la variedad susceptible, hasta los seis días postinfección, aunque este comportamiento cambió bruscamente a partir del octavo día de infestación. El incremento significativo en las actividades de estas enzimas en la variedad susceptible estuvo relacionado con un incremento en la cantidad de ácaros en esta variedad.

Estos resultados están en correspondencia con los análisis isoenzimáticos observados. La actividad específica de los inhibidores de tripsina y quimotripsina se manifestó de igual forma a lo observado para las enzimas anteriormente descritas, obteniéndose diferencias significativas entre los controles sanos e infestados de la variedad susceptible en los diferentes tiempos post infestación.

Por primera vez para el país se realizaron estudios encaminados a la inducción de resistencia, empleando en este caso BION® y Fitomas-E. Los incrementos registrados en los niveles de PRX para el control inoculado, fueron menores que los detectados para los inductores. Los mayores niveles se encontraron en presencia de la mezcla de BION® y Fitomas-E. Esta

misma tendencia se observó para las enzimas PPO, PAL y Quitinasas. En todos los casos BION® fue mejor inductor que Fitomas-E y la mezcla de ambos produjo el mejor efecto, con la excepción de un efecto mayor del BION® que el de la mezcla de inductores para el caso de la enzima PAL, a partir de la inoculación con el ácaro.

Los resultados obtenidos para las enzimas relacionadas con los mecanismos de defensa estudiados, coinciden con los bajos niveles de poblaciones del ácaro alcanzados en cualquiera de las variantes en las que se emplearon inductores, tanto solos como mezclados, encontrándose para todos los casos valores estadísticamente similares y todos ellos diferentes del valor alcanzado por el control inoculado solamente con el ácaro y sin tratamiento de inductor.

El efecto beneficioso de algunos inductores de los mecanismos de defensa es un tema tratado en la literatura (18). El BION® ha sido probado en otros cultivos y en Cuba se empleó en estudios similares en el cultivo del tomate, para la inducción de resistencia frente a *Alternaria solani*. El Fitomas-E por su parte, ha sido probado en cultivos como la caña de azúcar, pepino, fruta bomba, pero con vistas a mejorar la respuesta a estreses abióticos o para incrementar la floración. Este es el primer informe sobre su efecto en la inducción de resistencia frente a un ácaro y en el cultivo del arroz.

Se pudo concluir por tanto, que Fitomas-E y BION® disminuyeron de manera efectiva la población de *S. pinki* en condiciones de casa de cristal y que tanto uno y otro actuaron como activadores de la respuesta de defensa del arroz incrementando los niveles de actividades de PRX, PPO, PAL y quitinasas en las plantas tratadas en comparación con las plantas sin tratar, siendo recomendable ampliar esta experiencia a pequeñas parcelas experimentales para la comprobación y posterior introducción de estos resultados.

Retos y perspectivas:

En la actualidad, los estudios que se realizan en el equipo del CENSA están encaminados a la interacción *Solanum lycopersicum* – *Meloidogyne incognita* (Kofoid y White) Chiwood – *Fusarium oxysporum* Schlecht. emend. Snyder & Hansen y la aplicación de posibles inductores de resistencia, hongos micorrizógenos y diferentes agentes de control biológico, para el manejo de este complejo.

Otros estudios del equipo tratan sobre la caracterización de la variabilidad molecular en cultivos de importancia económica como maíz y frijol a partir de materiales conservados en bancos de germoplasma o pros-

pecciones realizadas en diferentes regiones del país. También se trabaja en la caracterización bioquímica y molecular de agentes de control biológico *Trichoderma* spp. y *Heterorhabditis bacteriophora* Poinar.

REFERENCIAS

- Jellinik SA. Enfermedades, huracanes y pérdidas económicas afectarán a Latinoamérica y el Caribe en las próximas décadas. Disponible en <http://www.casamerica.es/txt/casa de América virtual/política y sociedad/> artículos y noticias. (Consulta: Noviembre 2009).
- Clark I. Fragmento del discurso pronunciado por el presidente de La Academia de Ciencias de Cuba Dr. Ismael Clark en el acto de clausura del VI Seminario Científico Internacional de Sanidad Vegetal, La Habana, Cuba. Mayo del 2008.
- Hammond-Kosak KE, Parker JE. Deciphering plant-pathogen communication: Fresh perspectives for molecular resistance breeding. *Curr. Opin. Biotechnol.* 2003; 14:177-193.
- Staskawicz BJ. Genetics of plant-pathogen interactions specifying plant disease resistance. *Plant Physiol.* 2001;125:73-76.
- Van Loon L, Rep MPC. Significance of inducible defense - related proteins in infected plants. *Ann. Rev. Phytopathol.* 2006; 44 (4):150-162.
- Que Y, Lin J, Zhang J, et al. Cloning and analysis of NBS class disease resistance gene analogous in sugarcane. *Proc. Interl. Symp. on Technologies to improve Sugar productivity in Developing countries, Guilin, P. R. China.* 2006: 623-628.
- Vidhyaseharan P. Fungal pathogenesis in plants and crops: molecular biology and host defense mechanism. 2 ed. (En) ISBN: 978-0-8493-9867-4 (Hardcover). Florida (E. U. A.) CRS: 509 p. 2008.
- Sandoval Ileana. Biología y epifitología de *Puccinia melanocephala* H & P. Syd. En Cuba. Tesis presentada en opción al grado científico de Doctor en Ciencias Agrícolas. IISV, MINAGRI, 120 págs. 1996.
- Izquierdo J. Agricultura Sostenible: Objetivo del mejoramiento genético asistido por Biotecnología. Presentación realizada en el Primer Congreso Nacional de Biotecnología, REDBIO- Argentina, Córdoba, Argentina, 30 de mayo – 2 de junio de 1993.
- Alfonso Isabel. Roya de la caña de azúcar: un peligro latente para la gricultura. *Cuba & Caña* 1996;3(1):9-12.
- Staples RC. Research on the rust fungi during the Twentieth century. *Ann. Rev. Phytopathol.* 2000;38:49-69.
- Agrios GN. *Plant Pathology.* Fifth Edition Academic Press, San Diego. 2005.
- Martinez B, Bernal A, Pérez S, Muniz Y. Variabilidad patogénica de aislamientos de *Alternaria solani* Sor. *Rev. Protección Veg.* 2002;17:45-53.
- Magarey R, Croft B, Braithwaite K, James A. A smut incursion in the major Eastern–Australian sugarcane production area. *Proc. Interl. Symp. on Technologies to improve Sugar Productivity in Developing countries, Guilin, P.R. China* 2004;333-336.
- Jorge H, González R, Jorge I, Almeida R, Santana I. Impacto del programa de mejoramiento de la caña de azúcar en Cuba. Ediciones Publinia: 2003;254 p.
- García A, Hernández J, Almaguel L, Sandoval I, Botta E, Arteaga I. Influencia del ácaro *Steneotarsonemus spinki* Smiley (Acari: Tarsonemidae) y del hongo *Sarocladium oryzae* (Sawada) Gams & Hawks, sobre el vaneado y manchado de los granos de arroz. En *Memorias del Segundo Encuentro Internacional de Arroz*, 10 al 12 de Julio del 2002;189- 193, Palacio de las Convenciones, Ciudad de La Habana, Cuba.
- Karban R, Agrawal AA. Herbivore offense. *Ann. Review of Ecol. and Systematics*, 2002;33: 641-664.
- Gozzo, F. Systemic acquired resistance in crop protection from nature to a chemical approach. *J. Agric. Food Chem.* 2003;51:4487-4503.

(Recibido 14-2-2011; Aceptado 2-5-2011)