

ANÁLISIS FILOGENÉTICO DE *Colletotrichum* spp. ASOCIADO A SEIS FRUTALES EN COLOMBIA, ESTIMACIÓN DE ÁREAS ANCESTRALES Y FILOGEOGRAFÍA DE *C. asianum* Y *C. karstii* EN DIFERENTES ESPECIES VEGETALES

Juan Diego Rincón López

Maestría en Ciencias Biológicas

Resumen

El género *Colletotrichum* es un fitopatógeno de importancia en la agricultura mundial. Sus especies pueden atacar generar pérdidas de 50% y en casos severos del 100% en regiones tropicales, subtropicales y de clima templado en el mundo. Los análisis filogenéticos y filogeográficos pueden mejorar el conocimiento nivel inter e intraespecífico y acerca del potencial evolutivo de los patógenos de plantas. A partir de la información de *Colletotrichum* presente en el NCBI, se construyó una base de datos de los genes GAPDH, TUB2, CHS-1, ACTIN y la región ITS del ADNr, se realizó el análisis filogenético basado en métodos bayesianos de 92 cepas pertenecientes a 14 especies de *Colletotrichum* asociadas a seis frutales. Se reconstruyó las áreas ancestrales de los patógenos *Colletotrichum asianum* y *C. karstii*, empleando la metodología BBM, se exploró la filogeografía y la estructura genética de las poblaciones de ambos patógenos. En el árbol filogenético se observó el agrupamiento de las 92 cepas en 3 complejos taxonómicos: *C. gloeosporioides*, *C. boninense* y *C. acutatum*. En los diferentes clados del filograma se observó el agrupamiento de cepas colombianas con sus homólogos originarios de zonas ancestrales del huésped, lo cual puede estar vinculado a la diseminación del patógeno con la planta anfitrión, mediado por la actividad humana, lo que fue evidente para *C. musae* y *C. asianum*. Se determinó como áreas ancestrales de *C. asianum* y *C. karstii* a Sur América y China respectivamente. Ambos patógenos se destacaron por ser de reciente expansión demográfica, sin embargo *C. asinaum* presentó menor intercambio genético entre las localidades al compararlo con *C. karstii*, lo cual se deba en gran medida al aislamiento demográfico del primero. El segundo patógeno obtuvo valores

superiores de F_{sc} en los cuatro genes evaluados, que indicó alto grado de intercambio de inóculo entre las localidades y de información genética.