

ESTUDIO FILOGENETICO DE ROYA DE LEGUMINOSAS (*Uromyces spp.*) MEDIANTE ITS (Internal Transcribed Spacer)

Barilli E.^{1,2}, Satovic Z.³, Sillero J.C.¹, Rubiales D.² y Torres A.M.¹

¹ IFAPA, Alameda del Obispo, Apdo. 3092, E-14080 Córdoba

² CSIC, Instituto de Agricultura Sostenible, Apdo. 4080, E-14080 Córdoba

³ Faculty of Agriculture Department of Seed Science and Technology; 10000 Zagreb, Croatia

La roya de las leguminosas *Uromyces* es el segundo género más amplio de royas después de *Puccinia*. En este género se incluyen la mayoría de las royas que infectan a las leguminosas. La morfología de las esporas (aeciosporas y uredosporas, pero fundamentalmente teliosporas) y de las estructuras de infección (vesícula subestomática) suele ser el elemento discriminante para la clasificación en especies, pero en muchos casos, estas estructuras son muy difíciles de obtener. Recientemente se han aplicado distintas metodologías para el estudio de la variación genética y filogenética de hongos filamentosos difíciles de distinguir morfológicamente. Los ITS (Internal Transcribed Spacer) representan regiones espaciadoras transcritas dentro de la unidad de repetición en tándem del ADN ribosomal (ITS1 y ITS2) y separan el gen 5,8 S de los genes 18S y 25S. En este trabajo se han analizado 50 secuencias ITS pertenecientes a 9 especies de *Uromyces*. Dentro de la misma especie, los individuos tenían origen geográfico y especie huéspedes diferentes. El ADN de 24 aislados de *Uromyces spp.* multiplicados sobre sus respectivos huéspedes, se empleó para la amplificación de los ITS por PCR (Polymerase Chain Reaction). Las secuencias obtenidas se analizaron junto con otras 26 provenientes del GenBank. Los objetivos de este estudio pretenden determinar las relaciones filogenéticas entre diferentes especies de roya, así como la diferenciación dentro de las especies según el huésped y el origen geográfico.