Mapeo Asociativo de Resistencia a Enfermedades del Tallo y la Vaina en Arroz

Rosas JE[1,4] – Martínez S[1] – Blanco P[1] – Pérez de Vida F[1] – Garaycochea S[3] – Fernández S[3] – Iriarte W[3] - Monteverde E[2]
Berberián N[4] – Bonnecarrere V[3] – Gutiérrez L[4] – McCouch S[2] - Jannink JL[2]
1. Programa Arroz INIA, 2. Cornell University, 3. Unidad Biotecnología INIA, 4. FAgro UdelaR.
jrosas@inia.org.uy

INTRODUCCIÓN

En Uruguay actualmente sea aplica funguicida en el 100% del área arrocera. Esto puede generar perjuicios ambientales y económicos. Para revertir esta situación son necesarios nuevos cultivares con resistencia genética a las enfermedades de mayor prevalencia. Las enfermedades del tallo y la vaina causadas por los hongos Sclerotium oryzae (SCL) y Rhizoctonia oryzae-sativae (ROS) son las más frecuentes en nuestro territorio. Aunque se sabe que la herencia de la resistencia a estas enfermedades es cuantitativa, los reportes de QTL son escasos e insuficientes. Esto dificulta implementar programas de selección asistida o incorporar resistencia en materiales adaptados, impidiendo un rápido avance genético. Este es el primer estudio de QTL de resistencia a Sclerotium oryzae y Rhizoctonia oryzae-sativae mediante la estrategia de mapeo asociativo genómico.

OBJETIVOS

Identificar QTL de resistencia a *S. oryzae y R. oryzae-sativae* en líneas avanzadas del programa de mejoramiento genético de arroz de INIA.

MATERIALES Y MÉTODOS

Población: 641 líneas avanzadas del programa de mejoramiento genético de arroz de INIA (325 tipo japónica tropical y 316 tipo indica).
Genotipado: A partir de datos de secuencia por GBS se realizó el filtrado e imputación independientemente para cada subespecie, obteniéndose una matriz 44K SNP para Japónica y una de 94K para Índica.

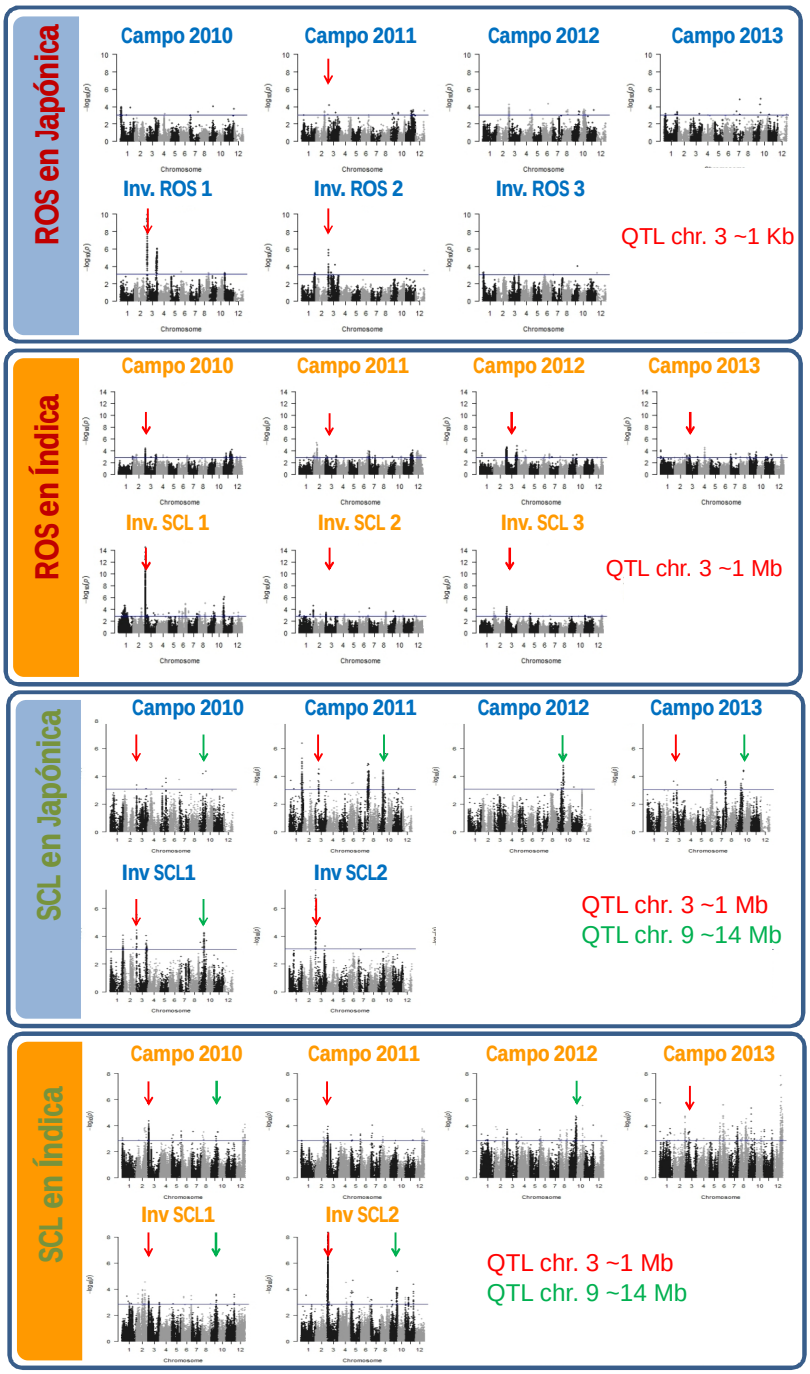
Fenotipado	Campo 2010, 11 y 12	Campo 2013	Invernáculo
Localización	Unidad Exp. Paso de la Laguna (T.yTres)	Unidad Exp. Paso de la Laguna (T.yTres)	INIA T. y Tres
Diseño	Bloques completos al azar	Alfa látice aumentado	Bloques aumentado con testigos repetidos
Unidad exp.	Parcela 6 hileras x 2,5 m	Microparcelas (hill plots)	Maceta 3 a 5 pl (pl un. muestreo)
Infección	Natural, en la innundación	Artificial, post-innundación	Disco de agar con micelio, 5 semanas post-emergencia
Momento de lectura	Madurez	Madurez	10 semanas post-inoculación
Escala	0-9, incidencia de tallos con infección severa	0-9, incidencia de tallos con infección severa	0-9, extensión relativa de síntomas
Estimación de medias	Ajuste por efecto bloque y fenología	Ajuste por efecto bloque, fenología y espacial.	Ajuste por efecto bloque, diámetro de tallo y fenología

Análisis de asociación: Se utilizó un modelo lineal mixto que corrige por estructura de la población utilizando los coeficientes obtenidos por análisis de componentes principales de los datos genotípicos como factor aleatorio.

CONCLUSIONES

A pesar de la interacción QTL x ambiente observada entre los diferentes años y entre campo e invernáculo, fue posible identificar un QTL para resistencia a ambas enfermedades ubicado en los primeros 1000 Kb del cromosoma 3. El mismo fue consistente en los distintos ambientes con los análisis realizados en ambas subespecies. Además, se encontró un QTL para resistencia a SCL en el cromosoma 9, también detectado en el análisis para cada subespecie y consistente en distintos ambientes.
Estos hallazgos sugieren la posibilidad de utilizar los marcadores asociados para la mejora asistida de la resistencia genética a *S. oryzae* y a *R. oryzae-sativae* en el germoplasma de INIA.

RESULTADOS



Manhattan plots del análisis de asociación en Índica y Japónica para resistencia a *Rhizoctonia oryzae-sativae* (ROS) y *Sclerotium oryzae* (SCL) en campo e invernáculo. Las flechas rojas y las verdes señalan los hallazgos significativos y consistentes en ambientes y subespecies

Monsanto's Beachell-Borlaug International Scholars Program