

4

COMPARATIVE PHYLOGEOGRAPHY OF AMPHIBIANS AND REPTILES FROM THE PAMPAS

Camargo A. Centro Universitario de Rivera, Universidad de la República, Rivera, Uruguay.
Email: arley.camargo@gmail.com

The global climatic changes of the Quaternary period left genetic footprints in the biota of temperate regions. Comparative phylogeographic approaches can shed light on the historical causes of the biogeographic patterns found in the present. In temperate regions such as the Pampas, distinct phylogeographic patterns are expected across species depending on their biogeographic origin. Species of tropical origin should show signatures of range expansion towards southern latitudes during the Pleistocene. On the other hand, species of temperate origin, widely distributed and adapted to drier and colder climates, are expected to show demographic stability and range fragmentation. The few phylogeographic studies available of Pampean amphibians and reptiles are consistent with these predictions. Species with tropical affinities show demographic growth and southward range expansion while species with a temperate origin show geographic structuring and demographic stability. However, time estimates for these population processes suggest that these patterns were already established before the last glacial maximum. These results are congruent with studies in other temperate regions of South America, but are in contrast with the typical postglacial expansions in the northern hemisphere. These reconstructions of biogeographic processes in whole regional biotas as a response to past climatic changes can be used as a framework for understanding and predicting future responses to the ongoing global change.

MEJORAMIENTO GENÉTICO POR RESISTENCIA A ENFERMEDADES E INTERACCIONES PLANTA-PATÓGENO

Coordinadores: Galván G.¹, S. Germán². ¹Facultad de Agronomía, Departamento Producción Vegetal, Centro Regional Sur, Universidad de la República, Uruguay. ²Programa Cultivos de Secano, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), La Estanzuela, Uruguay.
Email: hortiers@fagro.edu.uy

La selección por resistencia a enfermedades es un objetivo relevante en programas de mejoramiento de cultivos. Insume inversiones sustantivas en “mejoramiento defensivo” para evitar retrocesos en los incrementos de rendimiento. Su tratamiento específico se justifica por la particularidad de que, tanto el cultivo hospedero como el patógeno, tienen variantes genéticas que generaron un diálogo de señales a través de la evolución. Ese diálogo, poco amistoso como es propio de las relaciones tróficas en la naturaleza, se basa en señales de reconocimiento planta-patógeno que activan respuestas bioquímico-fisiológicas que determinan una batería de estrategias de infección por un lado, y baterías de defensa, por otro. Las señales de defensa en los cultivos se sustentan en genes de resistencia que pueden ser superadas por los patógenos por diversos mecanismos de variación. La selección de variantes del patógeno virulentas sobre materiales inicialmente resistentes causa mayor infección de las plantas y un cambio en su comportamiento inicial. Las herramientas moleculares ampliaron la comprensión de hipótesis establecidas desde mediados del Siglo XX en base a la genética mendeliana, como la teoría gen a gen de Flor y las teorías epidémicas de van der Plank. En los últimos años, la disponibilidad de plataformas de genotipado masivo y aplicaciones de la ingeniería genética ha permitido una aceleración del conocimiento genético de las interacciones planta-patógeno. Por un lado, se avanzó en la identificación de mecanismos de virulencia en diversos grupos de patógenos, y por otro, se han logrado identificar, probar y utilizar en el mejoramiento mecanismos de resistencia que hubiera sido difícil develar sin esas herramientas moleculares. La búsqueda de resistencia duradera condicionada por genes de resistencia o defensa no específica, que no han seleccionado variantes virulentas en el patógeno y en general escapan a la relación gen por gen, está recibiendo creciente atención y utilización. Mediante este simposio se espera una puesta a punto de los avances en las relaciones moleculares, y la aplicación de herramientas genómicas y de la transcriptómica

para la comprensión de resistencias utilizadas en los programas de mejoramiento de especies cultivadas.

1

GENETICS OF LEAF RUST RESISTANCE IN THE BRAZILIAN WHEAT CULTIVAR TOROPI

Brammer S.P.¹, L.A. Boyd², M.S. Chaves¹, J.A. Martinelli³, S.M.M. Scagliusi¹, A. Casassola⁴, G.B.P. Silva³, N. Ereful². ¹Embrapa Trigo, Passo Fundo, Brazil. ²National Institute of Agricultural Botany, Cambridge, UK. ³Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil. ⁴Faculdade Ideau, Passo Fundo, Brazil. Email: sandra.brammer@embrapa.br

Leaf rust, caused by *Puccinia triticina*, is a major problem to wheat production. The southern region of Latin America is a suitable environment for the disease to develop. The Brazilian cultivar Toropi expresses a unique, durable source of leaf rust adult plant resistance (APR) that has remained effective for more than 50 years. Toropi has two recessive genes with additive effects: *trp1* (1AS chromosome) and *trp2* (4DS chromosome), and shows a pre-haustorial resistance phenotype. In addition, Toropi also has resistance to stripe and stem rust, carries moderate resistance to Fusarium Head Blight, tolerance to aluminium and exhibits good phosphate-use efficiency. A high-density genetic map of the Toropi x IAC 13 RIL population using DArTseq SNP and KASPar technology is currently being generated between Embrapa Trigo, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (Brazil) and National Institute of Agricultural Botany (UK). The current proposal focuses on identifying and functionally characterizing the genes responsible for the unique leaf rust APR. In addition, to help understand the mode of action and biology underlying these leaf rust APR genes we will study the development of the leaf rust fungal pathogen in wheat at the microscopic level, infecting wheat plants at different stages of its growth and when grown at different temperatures. We also aim to incorporate these Toropi resistance genes into elite Brazilian wheat varieties, aided by the development of markers for Marker-Assisted Selection and to develop DH populations.

2

MAPEO ASOCIATIVO DE LA RESISTENCIA A ENFERMEDADES DEL TALLO Y LA VAINA EN GERMOPLASMA AVANZADO DE ARROZ

Rosas J.E.^{1,3}, V. Bonnetcarrière², S. Martínez¹, F. Pérez de Vida¹, P. Blanco¹, G. Quero³, S. Fernández², S. Garaycochea², J. Jannink⁴, L. Gutiérrez^{3,5}. ¹INIA, Programa Nacional de Arroz. ²INIA, Unidad de Biotecnología. ³Facultad de Agronomía, Departamento de Biometría. ⁴USDA-ARS, Cornell University. ⁵University of Wisconsin, Dept. of Agronomy. Email: jrosas@tyt.inia.org.uy

Las enfermedades del tallo y la vaina del arroz afectan seriamente el cultivo de arroz a nivel mundial. En zonas templadas y sub-tropicales las más relevantes son la Pudrición del Tallo y la Mancha Confluente de las Vainas, causadas por los hongos *Sclerotium oryzae* (SCL) y *Rhizoctonia oryzae-sativae* (ROS), respectivamente. A diferencia de otras enfermedades de cultivos, la resistencia a SCL y ROS es determinada por un gran número de genes, cada uno de ellos con un efecto menor. Esto, junto con su baja heredabilidad en ensayos de campo, dificultan el mejoramiento fenotípico por resistencia a SCL y ROS. Es necesaria entonces la identificación de QTL para el mejoramiento asistido por marcadores moleculares. En este trabajo evaluamos la resistencia a SCL y ROS de 643 líneas avanzadas de arroz en cinco ensayos de invernadero y cuatro años en campo, asociándola con datos moleculares de >20K SNP obtenidos por GBS. Las medias fenotípicas se corrigieron por fenología y localización espacial, y se ponderaron por la heredabilidad de cada ensayo. Se hizo un análisis de mapeo asociativo con dos modelos mixtos que corrigen por estructura de la población, uno con análisis de componentes principales y otro con la matriz de coancestría. Se encontraron 32 QTL consistentes entre ambientes y/o enfermedades, con efectos de 0,4 a 2,0 puntos en la escala de enfermedad de 0-9, y que en conjunto explicaron más de 5% de la varianza fenotípica. Estos hallazgos son de gran utilidad para el mejoramiento por resistencia a SCL y ROS en germoplasma de arroz para regiones templadas.