

# Resistencia múltiple a enfermedades tropicales y templadas del tallo y la vaina del arroz

Juan Rosas\*<sup>1,2</sup>, Sebastián Martínez<sup>1</sup>, Pedro Blanco<sup>1</sup>, Fernando Pérez de Vida<sup>1</sup>,  
Victoria Bonnacarrère<sup>1</sup>, Gloria Mosquera<sup>3</sup>, Maribel Cruz<sup>4</sup>, Silvia Garaycochea<sup>1</sup>,  
Eliana Monteverde<sup>5</sup>, Susan McCouch<sup>5</sup>, Silvia Germán<sup>1</sup>, Jean-Luc Jannink<sup>5,6</sup> & Lucía Gutiérrez<sup>2,7</sup>

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria

<sup>2</sup>Dpto. de Biometría, Estadística y Computación, Facultad de Agronomía, Udelar

<sup>3</sup>Centro Internacional de Agricultura Tropical

<sup>4</sup>Fondo Latinoamericano para Arroz de Riego

<sup>5</sup>Cornell University

<sup>6</sup>USDA-ARS

<sup>7</sup>Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, USA

\* [jrosas@inia.org.uy](mailto:jrosas@inia.org.uy)

La podredumbre del tallo y la mancha agregada de la vaina, causadas respectivamente por los hongos *Nakataea oryzae* (NO) y *Rhizoctonia oryzae-sativae* (ROS), son las dos principales enfermedades de tallo y vaina que afectan al arroz (*Oryza sativa* L.) en zonas templadas. Una tercer patógeno que afecta las vainas del arroz es *Thanatephorus cucumeris* (TC), causante del tizón de las vainas, una importante enfermedad en zonas tropicales. La resistencia a estas enfermedades es un objetivo clave en los programas de mejoramiento genético de arroz, pero su evaluación fenotípica es dificultada por el efecto confundente de rasgos fenológicos y morfológicos como el tiempo de floración y la altura de la planta. Este estudio buscó identificar loci de rasgos cuantitativos (*quantitative trait loci*, QTL) para resistencia a estas tres enfermedades luego de remover el efecto confundente del tiempo de floración y la altura de planta. En este estudio se utilizaron dos poblaciones representativas del germoplasma avanzado del programa de mejoramiento genético de arroz de INIA, una compuesta por 316 genotipos de tipo japónica tropical, y otra por 325 genotipos de tipo índica. Las mismas fueron genotipadas por secuenciación (*genotyping by sequencing*, GBS) obteniéndose 29K polimorfismos de un solo nucleótido (*single nucleotide polymorphisms*, SNPs) en japónica tropical, y 50K SNPs en índica. Estas poblaciones fueron evaluadas para resistencia a NO y ROS en ensayos de campo durante 4 zafras y en 3 ensayos de invernáculo, y para resistencia a TC en 2 ensayos de invernáculo. Se analizó la asociación entre las medias fenotípicas de resistencia en campo y en invernáculo, ajustadas por tiempo de floración y altura de planta, y los 29K y 50K SNP, corrigiendo por estructura de la población. Fueron identificados en total 29 QTL asociados a al menos una de las enfermedades, y sin asociación con el tiempo de floración ni con la altura de planta. Se ajustaron modelos multilocus con SNPs asociados a resistencia a cada enfermedad, para estimar el efecto de estos loci en la resistencia a las tres enfermedades. Un QTL en el cromosoma 9 explicó más del 15% de la varianza fenotípica de las tres enfermedades, en ambas poblaciones, y sin afectar tiempo de floración ni altura de planta. Estos resultados sugieren la existencia de mecanismos fisiológicos de resistencia comunes a las tres enfermedades estudiadas. Los marcadores asociados a los QTL identificados pueden ser utilizados para aumentar la resistencia a estas enfermedades, sin afectar el ciclo ni la altura de la planta.

**Palabras clave:** covariables, mapeo asociativo, QTL

**Trabajo originalmente publicado en:** Rosas J.E., Martínez S., Blanco P., Pérez de Vida F., Bonnacarrère V., Mosquera G., Cruz M., Garaycochea S., Monteverde E., McCouch S., Germán S., Jannink J.L., Gutiérrez L. 2018. Resistance to multiple temperate and tropical stem and sheath diseases of rice. En: Plant Genome. Vol. 11 (1). 1-13.