



p27 Mejoramiento genético por resistencia a roya asiática en soja.

Larzabal J¹; Yamanaka N²; Rodríguez M¹; Ceretta S¹; Stewart S¹.

¹ Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Programa Nacional de Cultivos de Secano. La Estanzuela, ruta 50 km 11, Colonia, Uruguay.

² Biological Resources and Post-harvest Division, Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS), Tsukuba, Ibaraki, Japan.

larzabaljc@gmail.com

La soja es el principal cultivo agrícola de Uruguay. Una de las enfermedades con mayor potencial de daño es la roya asiática de la soja, causada por *Phakopsora pachyrhizi*. Se han estimado pérdidas de rendimiento de hasta 60 y 80% en Paraguay y Brasil respectivamente. A éstas hay que agregar el costo directo de aplicaciones de fungicidas y el costo ambiental de estas actividades. A lo largo de la historia, diferentes autores han manifestado la importancia de la resistencia genética como herramienta fundamental para contrarrestar los efectos adversos de los fitopatógenos, contribuyendo a una agricultura más sostenible y sustentable. Los objetivos de este trabajo fueron: introgresar dos genes apilados de resistencia a roya en líneas elite de INIA y evaluar su comportamiento bajo inoculación artificial. El trabajo de introgresión se realizó en invernáculo, mediante tres retrocruzas a partir de la F₁, obtenida del cruzamiento entre el donador de la resistencia (la línea Py-1-47 poseedora de *Rpp1-b* + *Rpp5* y la línea No6-12-B poseedora de *Rpp4* + *Rpp5*) y tres líneas elite del programa de mejoramiento de INIA (040, 039 y 072). Luego de cada retrocruza se eligieron las plantas portadoras de ambos genes mediante selección asistida por marcadores moleculares. Para evaluar cada una de las tres combinaciones se autofecundó la tercer retrocruza y se obtuvo una línea que comparte promedialmente 93,75% del genoma con la línea original del programa, y es portadora de dos genes de resistencia. Al evaluar la descendencia se observó un aumento en los niveles de resistencia respecto a los parentales recurrentes. Al estudiar el tipo de herencia se encontraron patrones de segregación distorsionados; 13:3 para el cruzamiento Py-1-47 x 040 y 3:1 para los cruzamientos Py-1-47 x 039 y No6-12-B x 072, en concordancia con lo descrito por otros autores.

Financiamiento: parcial por JIRCAS research project "Development of technologies for the control of migratory plant pest and transboundary diseases".