

Identification of Magnaporthe oryzae resistance genes in Uruguay.

S. Martínez¹, F. Escalante¹

¹Laboratorio de Patología Vegetal, INIA Treinta y Tres, Ruta 8 Km 281, 33000 Treinta y Tres, Uruguay. E-mail: smartinez@tyt.inia.org.uy

INTRODUCCIÓN

El “Brusone” o “Quemado del arroz”, causado por el hongo *Magnaporthe oryzae*, es la principal enfermedad del arroz en Uruguay y el mundo. La importancia de este patógeno ha aumentado en los últimos años debido a la ocurrencia de condiciones climáticas favorables y a la susceptibilidad de los cultivares más difundidos en el país, El Paso 144, INIA Olimar e INIA Tacuarí, tanto a los ataques en hoja como en cuello de panoja. El método más eficaz y amigable de control de esta enfermedad es mediante la utilización de cultivares resistentes que posean uno o más genes de resistencia a las razas fisiológicas del patógeno más comunes en el país. Así, la identificación de nuevos genes compatibles con estas razas permitiría utilizarlos para incorporar resistencia en nuevas líneas.

OBJETIVOS

Identificar genes *Pi* (R) en hoja y cuello de arroz resistentes a las razas fisiológicas de *Magnaporthe oryzae* presentes en Uruguay y posibles de incorporar en un programa de mejoramiento de cultivares de arroz.

METODOLOGÍA

Fue evaluada la respuesta fenotípica de 32 líneas monogénicas (IRRI-JIRCAS) diferenciales con 24 genes mayores de resistencia (*Pia*, *Pib*, *Pii*, *Pik*, *Pik-h*, *Pik-m*, *Pik-p*, *Pik-s*, *Pish*, *Pit*, *Pita*, *Pita-2*, *Piz*, *Piz-t*, *Pi1*, *Pi2*, *Pi3*, *Pi5(t)*, *Pi7(t)*, *Pi9*, *Pi12(t)*, *Pi11(t)*, *Pi19*, *Pi20* y el parental recurrente susceptible Lijiangxintuanheigu (LTH) y 35 cultivares y/o líneas isogénicas con uno o más genes conocidos (Tabla 1). El estudio se realizó en dos zafras (2011-12 y 2012-13) bajo invernáculo y en el vivero de infección de la Unidad Experimental de Paso de la Laguna (Foto 1), Treinta y Tres, Uruguay. Se evaluó tipo de mancha y área foliar afectado en lecturas temprana y tardía y porcentaje de cuellos afectados en floración según el Sistema Estándar de Evaluación (IRRI 2002).

Foto 1. Líneas resistentes (R) y susceptibles (S) en vivero de infección.



RESULTADOS

Los resultados para las dos zafras se muestran en la Tabla 1. Las líneas resistentes, en hoja y cuello, poseen los genes *Pi2*, *Pi5(t)*, *Pi12(t)*, *Pi33* y *Pii*. Además, demostraron resistencia los genes *Pi9*, *Pish* y *Pi-z*, en hoja y *Pia* en cuellos. Las líneas poseedoras de los genes *Pi3*, *Pik*, *Pik-h*, *Pik-m*, *Pik-s*, *Pita*, *Pita-2* y *Piz-t*, dieron respuestas diferentes dependiendo del parental del que se obtuvo el gen, incluso en líneas monogénicas.

Tabla 1. Respuesta fenotípica de las líneas estudiadas

No	Tipo	Línea	Gen	Foliar Temprana	Foliar Tardía	Cuello
1	Cultivar	AICHI ASAHI	<i>Pia</i>	R	R	R
2	Isogénica	C 101 A51	<i>Pi2</i>	R	R	R
3	Isogénica	C 101 LAC	<i>Pi1</i> , <i>Pi33</i>	R	R	R
4	Isogénica	C 101 PKT	<i>Pi4a</i>	S	S	S
5	Isogénica	C 104 LAC	<i>Pi1</i>	S	S	S
6	Isogénica	C 104 PKT	<i>Pi3</i>	R	S	S
7	Isogénica	C 105TTP-4 (L23)	<i>Pi4b</i>	R	R	S
8	Isogénica	CT 13432-219	<i>Pi2</i>	R	R	S
9	Isogénica	CT 13432-267	<i>Pi2</i>	R	R	R
10	Isogénica	CT 13432-33	<i>Pi33</i>	R	R	R
11	Isogénica	CT 13432-55	<i>Pi33</i>	S	R	R
12	Isogénica?	F128-1	<i>Pita2</i>	S	S	NF
13	Isogénica?	F129-1	<i>Pikp</i>	S	S	S
14	Isogénica?	F98-7	<i>Pikm</i>	S	S	R
15	Cultivar	K3	<i>Pikh</i>	S	R	R
16	Cultivar	K60	<i>Pikp</i>	S	S	S
17	Cultivar	KANTO 51	<i>Pik</i>	R	R	R
18	Cultivar	NATO	<i>Pii</i>	R	R	R
19	Cultivar	OU 244	<i>Piz</i>	R	R	R
20	Cultivar	RICO 1	<i>Piks</i>	R	R	R
21	Cultivar	TETEP	Varios	R	R	R
22	Cultivar	TORIDE 1	<i>Pizt</i>	S	S	S
23	Cultivar	TSUYUAKE	<i>Pikm</i>	R	R	S
24	Cultivar	ZENITH	<i>Piz</i> , <i>Pia</i>	R	R	R
25	Monogénica	IRBLA-A	<i>Pia</i>	S	S	R
26	Monogénica	IRBLA-C	<i>Pia</i>	S	S	NF
27	Monogénica	IRBLI-F5	<i>Pii</i>	R	R	R
28	Monogénica	IRBLKS-F5	<i>Piks</i>	S	S	S
29	Monogénica	IRBLKS-S	<i>Piks</i>	S	R	R
30	Monogénica	IRBLK-KA	<i>Pik</i>	S	S	M
31	Monogénica	IRBLKP-K60	<i>Pikp</i>	S	S	S
32	Monogénica	IRBLKH-K3	<i>Pikh</i>	S	S	S
33	Monogénica	IRBLZ-FU	<i>Piz</i>	R	R	S
34	Monogénica	IRBLZ5-CA	<i>Pi2</i>	R	R	R
35	Monogénica	IRBLZT-T	<i>Pizt</i>	S	S	S
36	Monogénica	IRBLTA-K1	<i>Pita</i>	R	R	R
37	Monogénica	IRBLTA-CT2	<i>Pita</i>	S	S	S
38	Monogénica	IRBLB-B	<i>Pib</i>	S	S	S
39	Monogénica	IRBLT-K59	<i>Pit</i>	S	S	S
40	Monogénica	IRBLSH-S	<i>Pish</i>	R	R	S
41	Monogénica	IRBLSH-B	<i>Pish</i>	R	R	S
42	Monogénica	IRBL1-CL	<i>Pi1</i>	S	S	M
43	Monogénica	IRBL3-CP4	<i>Pi3</i>	R	R	R
44	Monogénica	IRBL5-M	<i>Pi5</i>	R	R	R
45	Monogénica	IRBL7-M	<i>Pi7</i>	S	S	M
46	Monogénica	IRBL9-W	<i>Pi9</i>	R	R	S
47	Monogénica	IRBL12-M	<i>Pi12</i>	S	R	R
48	Monogénica	IRBL19-A	<i>Pi19</i>	S	S	S
49	Monogénica	IRBLKM-TS	<i>Pikm</i>	S	S	S
50	Monogénica	IRBL20-IR24	<i>Pi20</i>	S	S	S
51	Monogénica	IRBLTA2-PI	<i>Pita2</i>	S	S	S
52	Monogénica	IRBLTA2-RE	<i>Pita2</i>	R	R	R
53	Monogénica	IRBLTA-CP1	<i>Pita</i>	S	S	S
54	Monogénica	IRBL11-ZH	<i>Pi11</i>	S	S	NF
55	Monogénica	IRBLZ5-CA(R)	<i>Pi2</i>	R	R	R
56	Cultivar	LTH	0	S	S	S
57	Cultivar	Fanny	0	S	S	S

R= resistente, S= susceptible, M= muerta, NF= no florece.

CONCLUSIONES: Fueron identificadas alrededor de 30 líneas poseedoras de genes *Pi* de resistencia a *Magnaporthe oryzae* en Uruguay. Estas líneas confieren resistencia en hoja o cuello, o en algunos casos otorgan resistencia en ambas estructuras. Los resultados sugieren que estos genes son de interés para su incorporación, mediante piramidación, en un programa de mejoramiento genético para la obtención de cultivares de arroz resistentes.