

MV 17

QTL PARA TOLERANCIA AL ANEGAMIENTO EN CEBADA: IMPACTO SOBRE CLOROSIS FOLIAR Y DESARROLLO VEGETAL

Locatelli A.¹, L. Viega², G. Quero², A. Castro³. ¹CENUR Litoral Oeste, UDELAR, Paysandú, Uruguay. ²Dpto. de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UDELAR, Paysandú, Uruguay. ³Dpto. de Producción Vegetal, Est. Exp. "Dr. Mario A. Cassinoni", Facultad de Agronomía, UDELAR, Paysandú, Uruguay.
Email: aloca@fagro.edu.uy

El anegamiento es uno de los principales factores reductores del rendimiento de los cultivos, incluyendo a cebada (*Hordeum vulgare* L.). En Uruguay durante el invierno llueve muchas veces por encima de las necesidades de los cultivos provocando el anegamiento de los suelos. El objetivo principal de este trabajo fue avanzar en la identificación de los componentes genéticos asociados a la tolerancia al anegamiento en cebada cervecera. La población de mapeo (Ceibo/Carumbé) compuesta por 84 RILs, fue evaluada en tres ensayos en cámara de crecimiento y uno en invernáculo. En cámara se midió la tolerancia al anegamiento en plántula, midiéndose clorosis foliar (CF), peso seco de raíces (R), parte aérea (PA), relación PA/R, peso de planta entera (PPE) y volumen radicular (VR). En invernáculo se evaluó la tolerancia al anegamiento en planta adulta midiéndose CF, tallos totales (TT), peso por tallo (PT), fertilidad de tallos (FT) y granos en tallo principal (GTP). El período de anegamiento impuesto fue de 15 días, desde Z13 y Z30 para los ensayos de cámara e invernáculo respectivamente. El genotipado y el mapa de ligamiento fueron realizados con 128 marcadores SNP y 14 SSR. Se detectaron 19 posibles QTL, seis para CF, dos para PA y VR y uno para PA/R, TT, PT, FT y GTP. Los cuatro restantes QTL se asociaron a más de una variable; PA/R y GTP (2H), TT y PT (2H), VR y GTP (5H), VR y PPE (7H). Estos resultados preliminares estarían mostrando varias regiones cromosómicas asociadas al control genético de la tolerancia al anegamiento, una variable extremadamente compleja de evaluar.

MV 18

LOOKING FOR NEW SOURCES OF PARTIAL RESISTANCE TO WHEAT RUSTS IN HISTORICAL GERMPLASM FROM SOUTH AMERICA

Silva P.¹, M. Quincke¹, S. Germán¹. ¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Est. Exp. La Estanzuela, Ruta 50 km 11.5, CP 7006, Colonia, Uruguay.
Email: mpsilva@inia.org.uy

Wheat leaf rust (LR) and wheat stem rust (SR), threaten global wheat production. Frequently new races overcome LR and SR mayor resistance genes deployed in cultivars. As an alternative strategy to increase the duration of resistance, race non-specific partial resistance (PR) has been used for many years in wheat breeding programs. The Old South American Wheat (OSAW) collection is a valuable resource to look for new sources of PR to LR and SR. The collection consisting of 122 wheat lines from different countries of South America, mainly Argentina and Uruguay, was characterized under field conditions for resistance to LR (2014 and 2015 seasons) and SR (2015 season) to the naturally occurring pathogen populations, *Ltn* (leaf tip necrosis, associated to the presence of PR genes) and heading date. For LR, final DS ranged between 0-95%, with mean values of 40% (2014) and 46% (2015). For SR, final DS ranged between 0-50 %, with a mean value of 5%. Additionally, molecular markers linked to the PR genes *Lr34/Sr57* and *Sr2*, were screened. Only 20.5 % of the lines were positive for *Lr34* and 3.3% for *Sr2*. No lines with the combination of both genes were found. Lines with good levels of resistance to LR and SR, high expression of *Ltn*, and absence of *Lr34/Sr57* and *Sr2* were identified, indicating that their resistance is conferred by other genes which might be novel sources of PR. Testing additional molecular markers for other known PR genes and whole genome genotyping of candidate lines will provide further information about the basis of resistance present in these lines.