

**BV61. Estudios de Mapeo por Asociación para la identificación de regiones genómicas involucradas en la resistencia a la avispa de la agalla y cancro del tallo en *Eucalyptus grandis***

García, M.N. (1); Aguirre, N.C. (1); Villalba, P.V. (1); Rivas, J.G. (1); Acuña, C.V. (1)\*; Martínez, M.C. (1); Carreras, R. (2); Morán, M. (3); Arévalos, C. (3); Elizaul, J. (3); Hopp, H.E. (1); Grattapaglia, D. (4); Cisneros, E.F. (2); Marcucci Poltri, S.N. (1).

(1) Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO), UEDD INTA-CONICET, Argentina. (2) Universidad Nacional de Santiago del Estero (UNSE), Santiago del Estero, Argentina. (3) Desarrollos Madereros, S.A., Paraguay. (4) Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), Recursos Genéticos y Biotecnología, Brasilia, Brasil. \*[acuna.cintia@inta.gob.ar](mailto:acuna.cintia@inta.gob.ar)

*Eucalyptus* es el género forestal más difundido en las plantaciones de todo el mundo. En las últimas décadas, la productividad de las plantaciones forestales se vio amenazada por el surgimiento de plagas y patógenos como *Leptocybe invasa*, la “avispa de la agalla del eucalipto” y *Teratosphaeria gauchensis* y *T. zuluensis*, agentes causales de la enfermedad fúngica del cancro del tallo (antes, cancro por *Coniothyrium*).

Estas enfermedades provocan severas pérdidas en la producción y daños en los distintos materiales genéticos utilizados en los Programas de Mejoramiento Genético (PMG). El empleo de estrategias de asociación de todo el genoma (GWAS) para la identificación de QTL (loci de características cuantitativas) para la resistencia a insectos y patógenos, es de interés para asistir a la selección de materiales de manera temprana durante el desarrollo del PMG.

En este trabajo se identificaron QTL y genes candidatos para la resistencia a *L. invasa* y al complejo fúngico causante de la enfermedad del cancro del tallo.

La población base perteneciente a la empresa Desarrollos Madereros S.A. (Paraguay) consiste en un ensayo de 782 árboles de *E. grandis* (progenie de 382 madres) con cinco clones por árbol replicado en seis sitios, totalizando 23460 árboles. Se seleccionaron entre 1 a 9 medio hermanos de acuerdo a los valores extremos del diámetro a la altura del pecho a los 44 meses (DAP44), dentro de cada familia. Se genotiparon un total de 689 individuos (Proyecto BiotechII EuropeAid/136-457) con el EUChip60K (de 60000 SNP) contando con 20634 marcadores SNP polimórficos y una cobertura promedio de 1876 marcadores por cromosoma. Para el fenotipado para tolerancia a *L. invasa*, se trabajó con una escala binaria en la cual se asigna 0 (cero) a los árboles cuyo ningún clon presentó daño y 1 (uno) a aquellos en que al menos un clon presentó algún nivel de daño para los 689 individuos. En cuanto al cancro del tallo se obtuvieron los BLUP clonales con información de la población base la cual fue medida a los 27 y 44 meses mediante una escala categórica con valores entre 0 y 6.

Los análisis GWAS detectaron 3 marcadores SNP asociados, a la resistencia a *L. invasa* en 3 de los 11 cromosomas de *Eucalyptus*, que explican el 7,8 % de la varianza. Para la resistencia al cancro del tallo, resultó en 4 SNPs asociados en 4 cromosomas (2 SNPs para la característica medida a los 27 meses y 2 SNP para la medición a los 44 meses) que explican conjuntamente 10,58% de la variación fenotípica.

El análisis de regiones genómicas adyacentes de los SNPs asociados a ambos caracteres arrojó 8 genes de interés entre los cuales se destacan 2 proteínas de resistencia a enfermedad (TIR-NBS-LRR class) a 3,9Kb de uno de ellos.

En este trabajo, dado que se tomó un criterio exigente para considerar a los fenotipos como resistentes, se identificaron fundamentalmente los loci con mayor efecto para la resistencia a estos estreses bióticos.