

BV74. Identificación de genes/QTLs asociados a la resistencia a roya amarilla utilizando mapeo por asociación

Roncallo, P.F. (1); Campos, P. (2).; Ammar, K. (3); Huerta Espino, J. (3); Dreisigacker, S. (3); Achili, A.L. (1); Gonzalez, L. (4); Martino, D. (4); Larsen, A. (2); Echenique, V. (1)*.

(1) Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS)-CCT CONICET, Bahía Blanca, Argentina. (2) Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Bordenave/Tres Arroyos, Buenos Aires, Argentina. (3) International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), El Batán, Edo. de México, México. (4) BUCK Semillas S.A., Necochea, Argentina. *echeniq@criba.edu.ar

El trigo candeal (*Triticum turgidum* L. cv. *durum*) es la materia prima por excelencia para la fabricación de pastas secas, debido a la dureza y vitrosidad de su grano. En Argentina el área de cultivo ocupa 129.255 ha (2020/21), distribuidas entre el sureste bonaerense, la región centro y el NOA. La productividad del cultivo se ve reducida frecuentemente debido a la ocurrencia de estreses bióticos como las royas. Entre ellas, la roya estriada o roya amarilla (YR) causada por el hongo fitopatógeno *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (Pst) es capaz de causar pérdidas de rendimiento de 5 a 25% y la aparición de nuevas razas altamente virulentas la han convertido en una enfermedad grave para el cultivo de trigo candeal. Uno de los métodos más efectivos para prevenir estas pérdidas es desarrollar cultivares resistentes con alto potencial de rendimiento. En este estudio, se evaluó una colección de 197 cultivares y líneas avanzadas de distintos orígenes para la resistencia a la roya amarilla, en condiciones de campo, bajo infección natural y controlada en cuatro ambientes de cultivo (Argentina y México). Además, se evaluó la respuesta a infecciones en estadio de plántula utilizando razas colectadas localmente. En el estudio del desequilibrio de ligamiento (DL), estructura poblacional y mapeo por asociación, se utilizó una matriz de 4.854 SNP neutros y 9 localizados en genes. El valor umbral obtenido para el decaimiento del DL intra-cromosómico fue de 11,8 Mb en todo el genoma. Se identificó la presencia de cinco subpoblaciones utilizando un análisis discriminante de componentes principales. Once genotipos mostraron altos niveles de resistencia en al menos 3 ambientes y solo 3 en el total de ensayos. Se identificaron 15 SNP distribuidos en los cromosomas 1A, 1B, 2A, 2B, 3A, 5B, 6A y 7B asociados en 3 ambientes a resistencia en planta adulta, utilizando un modelo lineal mixto (MLM). Dos regiones localizadas sobre los cromosomas 2B y 7B fueron mapeadas en los 4 experimentos a campo. Seis marcadores SNP localizados sobre los cromosomas 1A, 2A, 4B y 7B se asociaron con una resistencia raza-específica en estadio de plántula y a campo. El marcador SNP (AX-94750339) del 7B se asoció mediante un modelo lineal generalizado (GLM) a la resistencia raza-específica (Yr19-48W) en estadio de plántula,

y correspondió a un polimorfismo dentro del gen Phospholipase D (TRITD7Bv1G227700). Estos resultados contribuyen a la comprensión de la base genética de la resistencia a la roya amarilla aportando marcadores de utilidad para el mejoramiento genético mediante su uso en selección asistida.