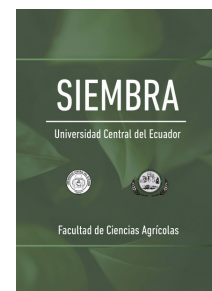


El complejo de patógenos causantes del “damping-off”: manejo de la resistencia y desarrollo de poblaciones recombinantes para explotar la resistencia genética en suelo

Carlos Bolaños Carriel¹



Siembra 11 (3) (2024): Edición especial: MEMORIAS DEL IV SIMPOSIO INTERNACIONAL POR EL DÍA MUNDIAL DEL SUELO

¹ Universidad Central del Ecuador. Facultad de Ciencias Agrícolas. Quito, Ecuador.
✉ cabolanosc@uce.edu.ec

Resumen

La pudrición de raíz y tallo, más conocida como “damping-off” es un problema recurrente en muchos cultivos y asociada a patógenos como *Pythium* sp. y *Phytophthora* sp., *Phytophthora sojae*; y una importante limitación para la producción mundial de soja. Previamente, se identificó a la accesión PI 408029 como una potencial fuente de nuevos genes de resistencia (*Rps*) a *P. sojae*. El objetivo de este estudio fue la identificación y el mapeo de los loci *Rps* asociados a la resistencia a las patotipos de *P. sojae* OH1 (vir 7), OH4 (vir 1a, 1c, 7), OH25 (vir 1a, 1b, 1c, 1k, 7), OH7 (1a, 2, 3a, 3b, 3c, 4, 5, 6, 7) y 1.S.1.1 (1a, 1b, 1k, 2, 3a, 3c, 4, 5, 6, 7, 8) en una población de líneas recombinantes (RIL) resultante del cruce entre Williams (susceptible a PRSR) y PI 408029 (resistente a PRSR). Un cruce específico entre Williams y PI408029 fue realizado en el Centro de Investigaciones de Wooster de la Universidad Estatal de Ohio y las líneas segregantes fueron avanzadas siguiendo el método de descendencia de semilla única hasta la F7. Un total de 93 RILs fueron genotipadas usando en Infinium Soy-6K Beadchip array y fenotipadas usando patotipos de *P. sojae* OH4, OH7, OH25, y 1S.1.1. El mapeo se realizó usando la función de Kosambi para determinar recombinaciones significativas. Las asociaciones fenotipo-genotipo (GWAS) fueron analizadas con la función de intervalo de mapeo compuesto CIM. La resistencia fue conferida por uno o dos genes *Rps* dominantes, dependiendo del aislado de *P. sojae*. Se detectó un nuevo locus *Rps* en el cromosoma 13 relacionado con OH4 y OH25. El locus restante para OH7 y 1.S.1.1 se encontraba en un locus conocido en el cromosoma 3. Un análisis comparativo de secuencias entre PI 408029 y Williams82 (Wm82.a2.v1), seguido de una PCR cuantitativa en tiempo real de 14 genes, condujo a la identificación de 2 genes de proteínas resistentes a enfermedades con repeticiones ricas en leucina (Glyma.03g048100 y Glyma.03g037000)¹, que se expresaron de manera aumentada tras la inoculación en un ensayo de tiempo con 1.S.1.1, y un gen de proteína quinasa similar a receptores (Glyma.13g050500) y un TIR-NB-LRR² (Glyma.13g078200) con OH4 y OH25. Los genes y marcadores de este estudio podrían utilizarse en

SIEMBRA

<https://revistadigital.uce.edu.ec/index.php/SIEMBRA>

ISSN-e: 2477-8850

Periodicidad: semestral

vol. 11, núm.3, 2024

siembra.fag@uce.edu.ec

DOI: [https://doi.org/10.29166/siembra.v11i3\(Especial\)](https://doi.org/10.29166/siembra.v11i3(Especial))



Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial

¹ Glyma genes (*Glicine max*)

² Genes que contienen terminales Nucleotide Binding Site - Leucine Rich Repeat

el mejoramiento de cultivares resistentes a *Phytophthora* y en futuros estudios sobre la respuesta cualitativa de defensa funcional frente a *P. sojae*.

Palabras clave: enfermedades de suelo, mejoramiento, resistencia genética.
