

Jornada INTA - ArgenTrigo

Bases genéticas de la
resistencia a royas de los
cereales

Ing. Francisco Sacco
Instituto de Genética-CICVyA-INTA
Castelar
sacco.francisco@inta.gob.ar

Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias - 1 de Octubre de 2018 -



Secretaría
de Agroindustria



Ministerio de Producción y Trabajo
Presidencia de la Nación

Visión

- ❑ Los sistemas extensivos de producción de cereales en nuestro país y la creciente agriculturización favorecen la difusión masiva de enfermedades como las royas.
- ❑ Tendencia al uso masivo de germoplasma con estrecha variabilidad genética.
- ❑ El cambio climático favorece las enfermedades fúngicas.
- ❑ Muchos aspectos epidemiológicos y las combinaciones de genes efectivos son poco conocidos y particulares de cada región agroecológica; como así también cuestiones sobre las bases genéticas y moleculares de la resistencia y de la patogenicidad.
- ❑ Visualizamos una demanda de mayores conocimientos y productos (genes de resistencia a royas) para satisfacer exigencias crecientes de producción, seguridad de cosecha y sustentabilidad ambiental.



Principales características de las royas



Roya común de maíz

- Las royas son enfermedades que provocan importantes pérdidas económicas en nuestro país, especialmente la roya de la hoja del trigo que causa pérdidas en la producción estimadas en 50-100 millones de U\$D anuales.
- Se reproducen a través de esporos microscópicos de origen asexual que se diseminan por el viento en grandes cantidades.
- La enfermedad está determinada por factores genéticos de la planta (genes para reacción) y del hongo (genes para patogenicidad).



Roya de la hoja de trigo

Características de las fuentes de resistencia a roya de la hoja

- Genes de resistencia de expresión desde plántula provenientes de trigo y especies afines. Son los más conocidos y usados, sin embargo poco efectivos.
- Genes de expresión en planta adulta. Poco explotados y la base genética es poco conocida.
- QTLs

Características de las poblaciones del hongo

- ❑ Gran potencial de variabilidad para patogenicidad, que permite una rápida adaptación de formas virulentas.
- ❑ Enorme capacidad de producción de inóculo que se disemina fácilmente por grandes regiones.

Descripción de la situación actual

- ❑ Resulta recurrente que la mayoría de las variedades comerciales se vuelven susceptibles a los pocos años de alcanzar cierta difusión.
- ❑ En los últimos años la vida útil de los cultivares comerciales se ha acortado sensiblemente en relación a esta enfermedad, siendo una de las principales razones para el recambio de variedades.
- ❑ Algunas variedades muestran resistencia durable a esta enfermedad.
- ❑ Nuevos escenarios: epidemias de roya amarilla en la región triguera y eventual recurrencia de roya del tallo.

Capacidades del Grupo de Trabajo

- ❑ Identificar y caracterizar genes de resistencia en variedades de trigo con resistencia durable a roya de la hoja y genes de resistencia a roya común en germoplasma nativo de maíz.
- ❑ Investigar acerca de la variabilidad genética y patogénica, epidemiología, biología de la reproducción y tasa de mutación de *Puccinia triticina* y *Puccinia sorghi*. Aplicar y desarrollar distintas herramientas para su estudio (marcadores moleculares públicos, herramientas genómicas, diseño de marcadores, etc.)
- ❑ Investigar acerca de la secuencia de genes de resistencia y genes de patogenicidad, sus interacciones y mecanismos moleculares involucrados en la resistencia a enfermedades en plantas.
- ❑ Desarrollar metodologías eficientes para introgresar genes de resistencia en distintos germoplasmas, piramidalizar genes, conversión de variedades comerciales susceptibles. Aplicación y desarrollo de herramientas genómicas para selección de genes de resistencia en programas de mejoramiento.

Poblaciones en estudio

Cruzamientos de los cuales se derivaron las poblaciones de RILs

- ❑ Sinvalocho X Gama6: *Lr3*, *LrSV1*, *LrSV2*, *LrG6*, *LrPA?*,.....?
- ❑ Sinvalocho X Purplestraw: *LrSV2*, *Lrc-SV2*,....?
- ❑ Buck Manantial X Purplestraw: *Lr3*, *Lr16*, *Lr17*, *LrBMP1*; *LrPA?*...?
- ❑ Buck Poncho X Purplestraw: *Lr10*, *Lr11*, *LrPA?*, QTLs,?
- ❑ El Gaucho X Purplestraw: 2 genes de plántula,.....?

Conclusiones

- ❑ Los genotipos de las variedades con resistencia durable analizados son complejos. En todos se observaron combinaciones de genes.
- ❑ El análisis mendeliano con el consiguiente desarrollo de mapas genéticos mediante marcadores de ADN y el uso de herramientas genómicas, ofrecen la posibilidad de seguir con precisión las combinaciones de genes y QTLs adecuados para lograr una resistencia más duradera en cruzamientos con materiales de interés agronómico.
- ❑ Las poblaciones patógenas son complejas. Resulta conveniente realizar monitoreos espaciales y temporales acerca de su variabilidad patogénica y genética, y también desarrollar modelos predictivos sobre aparición de epidemias y nuevas formas virulentas.

Grupo de trabajo

- Ing Agr Francisco Sacco
- Dra Lorena Ingala
- Dra María José Diéguez
- Dra Romina Cuyeu
- Lic Fernanda Pergolesi
- Ing Agr Mariana Kandus
- Carlos Romero

