

para la comprensión de resistencias utilizadas en los programas de mejoramiento de especies cultivadas.

1

GENETICS OF LEAF RUST RESISTANCE IN THE BRAZILIAN WHEAT CULTIVAR TOROPI

Brammer S.P.¹, L.A. Boyd², M.S. Chaves¹, J.A. Martinelli³, S.M.M. Scagliusi¹, A. Casassola⁴, G.B.P. Silva³, N. Ereful². ¹Embrapa Trigo, Passo Fundo, Brazil. ²National Institute of Agricultural Botany, Cambridge, UK. ³Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil. ⁴Faculdade Ideau, Passo Fundo, Brazil. Email: sandra.brammer@embrapa.br

Leaf rust, caused by *Puccinia triticina*, is a major problem to wheat production. The southern region of Latin America is a suitable environment for the disease to develop. The Brazilian cultivar Toropi expresses a unique, durable source of leaf rust adult plant resistance (APR) that has remained effective for more than 50 years. Toropi has two recessive genes with additive effects: *trp1* (1AS chromosome) and *trp2* (4DS chromosome), and shows a pre-haustorial resistance phenotype. In addition, Toropi also has resistance to stripe and stem rust, carries moderate resistance to *Fusarium* Head Blight, tolerance to aluminium and exhibits good phosphate-use efficiency. A high-density genetic map of the Toropi x IAC 13 RIL population using DArTseq SNP and KASPar technology is currently being generated between Embrapa Trigo, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (Brazil) and National Institute of Agricultural Botany (UK). The current proposal focuses on identifying and functionally characterizing the genes responsible for the unique leaf rust APR. In addition, to help understand the mode of action and biology underlying these leaf rust APR genes we will study the development of the leaf rust fungal pathogen in wheat at the microscopic level, infecting wheat plants at different stages of its growth and when grown at different temperatures. We also aim to incorporate these Toropi resistance genes into elite Brazilian wheat varieties, aided by the development of markers for Marker-Assisted Selection and to develop DH populations.

2

MAPEO ASOCIATIVO DE LA RESISTENCIA A ENFERMEDADES DEL TALLO Y LA VAINA EN GERMOPLASMA AVANZADO DE ARROZ

Rosas J.E.^{1,3}, V. Bonnacarrère², S. Martínez¹, F. Pérez de Vida¹, P. Blanco¹, G. Quero³, S. Fernández², S. Garaycochea², J. Jannink⁴, L. Gutiérrez^{3,5}. ¹INIA, Programa Nacional de Arroz. ²INIA, Unidad de Biotecnología. ³Facultad de Agronomía, Departamento de Biometría. ⁴USDA-ARS, Cornell University. ⁵University of Wisconsin, Dept. of Agronomy. Email: jrosas@tyt.inia.org.uy

Las enfermedades del tallo y la vaina del arroz afectan seriamente el cultivo de arroz a nivel mundial. En zonas templadas y sub-tropicales las más relevantes son la Pudrición del Tallo y la Mancha Confluente de las Vainas, causadas por los hongos *Sclerotium oryzae* (SCL) y *Rhizoctonia oryzae-sativae* (ROS), respectivamente. A diferencia de otras enfermedades de cultivos, la resistencia a SCL y ROS es determinada por un gran número de genes, cada uno de ellos con un efecto menor. Esto, junto con su baja heredabilidad en ensayos de campo, dificultan el mejoramiento fenotípico por resistencia a SCL y ROS. Es necesaria entonces la identificación de QTL para el mejoramiento asistido por marcadores moleculares. En este trabajo evaluamos la resistencia a SCL y ROS de 643 líneas avanzadas de arroz en cinco ensayos de invernadero y cuatro años en campo, asociándola con datos moleculares de >20K SNP obtenidos por GBS. Las medias fenotípicas se corrigieron por fenología y localización espacial, y se ponderaron por la heredabilidad de cada ensayo. Se hizo un análisis de mapeo asociativo con dos modelos mixtos que corrigen por estructura de la población, uno con análisis de componentes principales y otro con la matriz de coancestría. Se encontraron 32 QTL consistentes entre ambientes y/o enfermedades, con efectos de 0,4 a 2,0 puntos en la escala de enfermedad de 0-9, y que en conjunto explicaron más de 5% de la varianza fenotípica. Estos hallazgos son de gran utilidad para el mejoramiento por resistencia a SCL y ROS en germoplasma de arroz para regiones templadas.