OM3

**Análisis genético y molecular en dos patosistemas**

Hernández, F.1; Belich, Y.E.2; Peruzzo, A.1; Pioli, R.N.1 y Pratta, G.R.1

1) Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (CONICET/UNR). Campo Experimental Villarino, Facultad de Ciencias Agrarias UNR. Zavalla, Santa Fe, Argentina. 2) Nidera S.A. E-mail: pioli@iicar-conicet.gob.ar

El patosistema es un subsistema dentro del agroecosistema caracterizado por el parasitismo. Está constituido por un hospedante susceptible, un patógeno virulento y un ambiente predisponente para el desarrollo de la enfermedad. En esta presentación, se abordarán dos patosistemas: maíz - *Fusarium verticilloides* y soja - *Phomopsis* spp., en los que este grupo de trabajo ha caracterizado genética y molecularmente al menos uno de sus componentes bióticos para profundizar el estudio de la biodiversidad.

En el caso de maíz - *F. verticilloides*, se inocularon con un aislamiento seleccionado tres poblaciones de RILs derivadas de cruzamientos entre padres Resistente x Resistente, Resistente x Susceptible y Susceptible x Susceptible, respectivamente. Mediante un Análisis de la Variancia Anidado se estimaron las heredabilidades en sentido amplio y sentido estricto para Severidad e Incidencia de la enfermedad. Las RILs se caracterizaron genotípicamente por marcadores SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) y por análisis de único punto, se detectaron QTLs para resistencia a *F. verticillioides*. Un único QTL, localizado en el bin 4.03, manifestó consistencia entre poblaciones, mientras que dos QTLs, localizados en los bins 5.03 y 5.05, mostraron consistencia en las poblaciones derivadas de al menos un padre Resistente. Además, se detectaron interacciones epistáticas significativas en la población derivada de dos padres Resistentes.

En el patosistema soja - *Phomopsis* spp., se seleccionaron siete aislamientos fúngicos (seis de *P. longicolla* -Plo- y una de *P. phaseoli* var. *sojae* -Pso-) para inocular seis cultivares de soja con variabilidad para la resistencia a la enfermedad tizón de tallo y vaina. Se evaluó la virulencia/avirulencia en cada combinación aislamiento - cultivar, y por análisis biplot se estimó la magnitud de las interacciones específicas para la patogenia. Los aislamientos fueron caracterizados molecularmente por marcadores RAPDs (*Randomly Amplified Polymorphic DNA*) e ITS (*Internal Transcriptional Sequences*), que en conjunto permitieron separarlos en un análisis cluster por la variabilidad inter-específica entre las dos especies de *Phomopsis*. Los perfiles moleculares de los aislamientos fueron ingresados al biplot, observándose que los amplicones a partir de uno de los RAPDs (OP1) ocupaban posiciones discrepantes en el polígono obtenido. Con estos amplicones, se realizó un nuevo análisis cluster, que separó a los aislamientos en base a la diversidad patogénica de ambas especies -Plo vs. Pso- e intra-especifica de Plo, sugiriendo una asociación entre esos polimorfismos moleculares y la expresión fenotípica de la enfermedad en las interacciones específicas aislamiento - cultivar.

Los ejemplos presentados demuestran la importancia de analizar la biodiversidad presente en los componentes bióticos de un patosistema e identificar las interacciones que se producen en los diferentes niveles, ya que determinan los comportamientos virulento/avirulento del patógeno y resistente/susceptible del cultivo. La información así generada debe ser incorporada a los planes de mejoramiento con el fin de identificar fuentes de resistencia que tiendan a ser más estables en su expresión y durables en el tiempo, contribuyendo a lograr un manejo más sustentable de los agroecosistemas.