

## MAPEO MOLECULAR DE LA RESISTENCIA A LA ROYA ASIÁTICA DE LA SOJA EN EL GENOTIPO PI 594766

J. Gilli<sup>1</sup>, A. De Lucía<sup>2</sup>, C. Ghione<sup>1</sup>, R. Heinz<sup>3</sup>, C. Bernardi<sup>1</sup>, G. Vellicce<sup>4</sup>, N. Bogado<sup>5</sup>, V. Bonecarrère<sup>6</sup> y A. Castagnaro<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Grupo Biotecnología y Recursos Genéticos, Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Ruta Provincial N°12 Km 2.5, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria Cerro Azul (INTA), Ruta Nacional 14 - km 1086, 3313, Cerro Azul, Misiones, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Biotecnología CICVyA, INTA Castelar, Nicolas Repetto y Los Reseros, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Sección Biotecnología de la Estación Experimental Agroindustrial "Obispo Colombes" Av. William Cross 3150, Las Talitas, T4101XAC, Tucumán, Argentina; <sup>5</sup>Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria Centro de Investigación Capitán Miranda-ex CRIA Ruta VI-Km 16 Capitán Miranda-Itapúa-Paraguay; <sup>6</sup>Unidad de Biotecnología Estación Experimental Wilson Ferreira Aldunate, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria Ruta 48 Km 10, Las Brujas, Rincón del Colorado, Canelones, Uruguay.

A nivel mundial, una de las principales enfermedades reportadas afectando al cultivo de soja [*Glycine max* (L.) Merr.] es la roya asiática, causada por el hongo biotrófico *Phakopsora pachyrhizi*. La resistencia natural identificada en el germoplasma de soja se debe a la expresión de los genes *Rpp1~6* identificados en distintos genotipos y localizados en el mapa genético de soja en los grupos de ligamiento (GL) G, J, C2 y N. Estudios de la reacción planta-patógeno en germoplasma de soja infectado naturalmente por este hongo se llevaron a cabo en campos de la provincia de Misiones (Argentina) durante las campañas agrícolas 2008/09 y 2009/2010. En ambas campañas, el genotipo exótico PI 594766 expresó resistencia a las variantes naturales del hongo y fue seleccionado como parental resistente para el desarrollo de una población de mapeo genético. Un cruzamiento entre María 50 (susceptible) y PI 594766 produjo 147 familias  $F_{2:3}$  con un total de 4.576 plantas. Estas familias fueron clasificadas en función de su reacción a la inoculación artificial con urediniosporas de *Phakopsora pachyrhizi* en dos ambientes, uno perteneciente al Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Cerro Azul (INTA-CA) (Argentina) y el otro al Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria (IPTA) (Paraguay), usando como criterios el tipo de lesión, el nivel de esporulación y la presencia de uredinias en lesiones. Cuarenta y siete secuencias simples repetidas (SSR) y dos marcadores de tipo polimorfismo de nucleótido único (SNP) fueron utilizados para la caracterización molecular de la población de mapeo y sus parentales. Estos marcadores moleculares fueron seleccionados del mapa genético de soja por estar localizados en cinco regiones genómicas previamente identificadas por expresar resistencia a roya en diferentes genotipos. El análisis de ligamiento y la construcción del mapa genético fueron realizados con el auxilio del programa para computadoras GQMol usando un LOD de 3,0 y distancia máximo de 30 cM. Los resultados demostraron que la resistencia de PI 594766 a la roya de la soja se expresa por un gen que se localiza en el grupo de GL G en la misma región identificada previamente para el gen *Rpp1*.