

ASOCIACIÓN DE GENES DE RESISTENCIA A *Magnaporthe oryzae* IDENTIFICADOS A TRAVÉS DE MICROARREGLOS DE ADN CON QTLs DE TOLERANCIA A ESTRÉS BIÓTICO EN *Oryza sativa* L.
(Association of resistance genes against *Magnaporthe oryzae* identified through DNA microarrays with biotic stress tolerance QTLs in *Oryza sativa* L.).

Franco, M¹, Jayaro, Y², Gonzalez, A² e Galindo Castro, I¹. ¹Laboratorio de Genómica y Proteómica. Fundación Instituto de Estudios Avanzados (IDEA), ²Fundación DANAC. Email: marialefranco@gmail.com

La resistencia a patógenos ha recibido una importancia especial en los programas de mejoramiento, ya que una gran parte de los cultivares de todo el mundo se ven afectados continuamente por diferentes plagas y enfermedades. En Venezuela, una de las plagas devastadoras de los cultivos de arroz es el hongo *M. oryzae*, agente causal de la Piricularia. Recientemente muchos programas de mejoramiento genético han estado dirigidos hacia el uso de marcadores moleculares para la identificación de QTLs y su incorporación en las líneas elite a pesar del desconocimiento sobre los genes que se encuentran ubicados dentro de esas regiones. En este trabajo se planteó un enfoque diferente, al identificar genes candidatos por análisis de microarreglos de ADN y posteriormente contrastar esa información con la disponible en la base de datos de QTLs en *Gramene*. La búsqueda de QTLs de tolerancia a estrés biótico en el entorno de los loci de los genes identificados pudo vincular 199 QTLs de resistencia a *M. oryzae*, *Rhizoctonia solani*, *Xanthomonas oryzae pv oryzae*, RYMV, *Nilaparvata lugens* y *Sogatella furcifera*. Este análisis permitió confirmar la asociación de genes candidatos previamente identificados por su expresión diferencial de mRNAs con el fenotipo de resistencia (QTLs). Actualmente, se están diseñando los experimentos para validar la expresión de los genes candidatos en un grupo mayor de materiales (tanto resistentes como susceptibles) y así corroborar su factibilidad para finalmente incorporarlos en los programas de mejoramiento.

Palabras clave adicionales: Genómica, interacción planta-patógeno, marcadores moleculares.