

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.

M.A. Franco¹, Y. Jayaro², A. Gonzalez² e I. Galindo Castro¹.

¹Laboratorio de Genómica y Proteómica, Fundación Instituto de Estudios Avanzados (IDEA). ²Fundación DANAC, Edo. Yaracuy. Email: marialefranco@gmail.com

1. Introducción

En Venezuela, una de las plagas devastadoras de los cultivos de arroz es el hongo *Magnaporthe oryzae*, agente causal de la piricularia. Tradicionalmente los 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 asociados a resistencia y posterior contrastar de esa información con la disponible en la base de datos de QTLs en *Gramene*.

2. Materiales y Métodos

El análisis se realizó utilizando la información disponible en la base de datos pública de Gramene (<http://www.gramene.org/>) considerando un total de 133 genes derivados del estudio de los perfiles de expresión de ARNm de plantas susceptibles y resistentes inoculadas con *M. oryzae* obtenidos a través de microarreglos de ADN específicos para arroz.

Figura 1: Diseño experimental

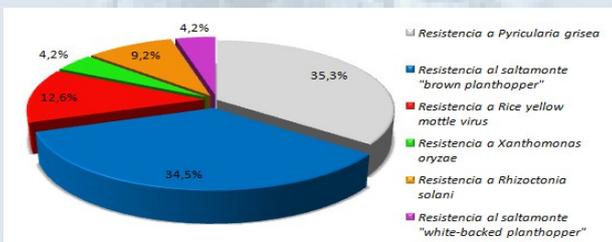
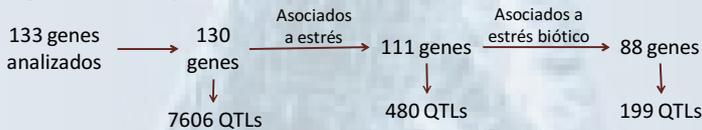


Figura 2: Distribución de los QTLs asociados a estrés de tipo biótico en 88 de los 133 locus identificados en el análisis. En la gráfica se observan 2 enfermedades causadas por hongos (*Pyricularia grisea* y *Rhizoctonia solani*), 2 por insectos (*Nilaparvata lugens* y *Sogatella furcifera*), 1 por bacteria (*Xanthomonas oryzae pv oryzae*) y una por virus (*Rice yellow mottle virus*).

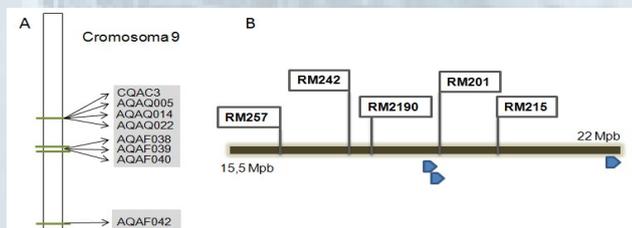


Figura 4: Asociación de genes candidatos con QTLs de resistencia a *P. grisea*. A: Mapa físico del cromosoma 9 con los QTLs. B: Mapa físico del cromosoma 9 con marcadores tipo SSR asociados a los genes de resistencia identificados.

6. Agradecimientos

Este trabajo fue financiado por el II Programa de Biotecnología FONACIT-BID, Proyecto No. 2004000657 y el Plan de Desarrollo de Talento Humano de Alto Nivel, FONACIT Proyecto No. 2006000286.

3. Resultados y discusión

La búsqueda de los QTLs de estrés biótico asociados a los loci de los genes analizados permitió identificar 199 QTLs asociados con resistencia a *M. oryzae*, *R. solani*, *X. oryzae pv oryzae*, *RYMV*, *N. lugens* y *Sogatella furcifera*, tal y como se observa en la fig. 2, donde la mayor proporción está representada por *M. oryzae*.

El solapamiento de los loci de cada uno de los genes identificados sobre los cromosomas mostró regiones altamente saturadas como las que se observan en los cromosomas 1, 3 y 8 (ver fig. 3), así como también una distribución homogénea de QTLs a lo largo de la mayoría de los cromosomas.

Cuando se analiza en detalle el cromosoma 9 (ver fig. 4), se encuentran 4 loci asociados a 8 QTLs que otorgan resistencia contra *M. oryzae*. Así mismo, cada uno de los QTLs identificados está ligado a diferentes marcadores tanto de tipo SSR como RFLP (ver fig. 4a). Al ubicar los marcadores de tipo SSR sobre la secuencia de ADN encontramos que todos ellos se encuentran flanqueando 3 de los genes analizados (ver fig. 4b). Estos resultados sugieren que efectivamente los genes identificados podrían estar asociados con la respuesta de defensa de arroz ante el ataque por *M. oryzae*, validando de esta forma los resultados obtenidos con los microarreglos y permitiendo identificar nuevos marcadores moleculares que pudieran ser incorporados a los programas de mejoramiento de arroz en el país.

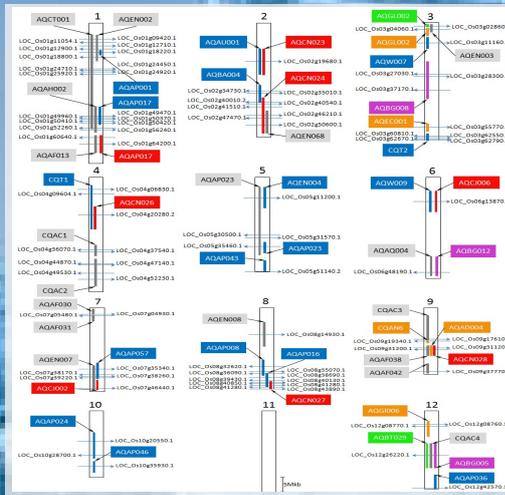


Figura 3: Mapa físico de los genes candidatos y los QTLs de estrés biótico asociados. Los nombres de los locus se muestran a ambos lados de cada cromosoma. Las posiciones de algunos de los QTLs se indican con barras en el interior de cada cromosoma. Los cuadros de colores representan la característica con la cual fueron descritos, ya sea resistencia a *P. grisea* (gris), a *R. solani* (naranja), a *X. oryzae pv oryzae* (verde), a *RYMV* (rojo), a *N. lugens* (azul) o *S. furcifera* (morado).

4. Conclusiones

La asociación de los QTLs con los loci de los genes candidatos identificados por transcriptómica sugiere que efectivamente pudieran estar relacionados con el fenotipo de resistencia, no sólo en las aislíneas utilizadas en este trabajo, sino también en otros materiales reportados en la literatura.

5. Bibliografía

- Monosi B, Wisser R, Pennil L, Hulbert S. 2004. Full-genome analysis of resistance gene homologues in rice. *Theoretical and Applied Genetics* 109: 1434-1447.
- Hu K-M, Qiu D-Y, Shen X-L, Li X-H, Wang S-P. 2008. Isolation and Manipulation of Quantitative Trait Loci for Disease Resistance in Rice Using a Candidate Gene Approach. *Molecular Plant* 1: 786-793.

This document was created with Win2PDF available at <http://www.win2pdf.com>.
The unregistered version of Win2PDF is for evaluation or non-commercial use only.
This page will not be added after purchasing Win2PDF.