

Trabajo completo

Herencia de factores de resistencia asociados a fusariosis de la espiga ligados al cromosoma 3BS de trigo (*Triticum aestivum* L.)

RECIBIDO: 21/06/2012

ACEPTADO: 03/10/2012

Navarro, L.¹ • Lassaga, S.L.^{2,3}

¹ Instituto de Desarrollo Tecnológico para la Industria Química. Universidad Nacional del Litoral – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. Ruta Nac. n° 168– Paraje El Pozo. CP 3000, Santa Fe, República Argentina.

² Facultad de Ciencias Agropecuarias, UNER, Ruta Prov. n° 11, CC 24, Km 10,5. CP 3101, Oro Verde, Paraná, Entre Ríos. República Argentina.

³ INTA – Estación Experimental Agropecuaria Paraná, Ruta Prov. n° 11, CC 128, Km 12,5 CP 3101, Oro Verde, Paraná, Entre Ríos. E-mail: lucila.navarro84@gmail.com

RESUMEN: La fusariosis de la espiga (FE) es una de las enfermedades fúngicas más importantes que afecta el cultivo del trigo (*Triticum aestivum* L.). En este trabajo se realizó un análisis fenotípico en invernáculo mediante la técnica de inoculación puntual y una evaluación genotípica utilizando los cebadores para los marcadores asociados al QTL *Qfhs.ndsu-3BS* (asociado a la resistencia tipo II) y al QTL *Qfhs.ifa-5A* ubicado en el cromosoma 5A (resistencia tipo I). Se lograron identificar los genotipos que heredaron una parte del fragmento cromosómico del QTL *Qfhs.ndsu-3BS*, y asociarlo a un nivel de resistencia. Así, el 64,3 % de los genotipos portadores de parte del QTL fueron clasificados como resistentes, mientras que el 67 %

de los genotipos que no poseían ningún fragmento fueron clasificados como susceptibles, excepto dos genotipos que exhibieron porcentajes de severidad bajos y es posible que sean portadores de otros QTLs para este tipo de resistencia.

PALABRAS CLAVE: *Triticum aestivum* L., *Fusarium graminearum*, QTL 3BS, Resistencia tipo II.

SUMMARY: *Inheritance of resistance factors associated with Fusarium head blight linked to chromosome 3BS of wheat (Triticum aestivum L.)*

Fusarium head blight (FHB) is one of the most important fungal wheat (*Triticum aestivum* L.) diseases worldwide. In this

research work, a phenotypic analysis was performed using the technique of inoculation point under greenhouse conditions, and the genotypic evaluation was taken using primers associated with QTL *Qfhs.ndsu-3BS* (type II resistance) and *Qfhs.ifa-5A* markers (type I resistance). Genotypes that inherited a chromosomal fragment of *Qfhs.ndsu-3BS* QTL could be identified and were associated with a resistance level. Thus, 64.3 % of the

genotypes that were carriers of QTL were classified as resistant, while 67 % of the genotypes that did not have any fragments were classified as susceptible, except 2 genotypes that exhibited a low percentage of severity and may be carriers of other QTLs for this type of resistance.

KEYWORDS: *Triticum aestivum* L., *Fusarium graminearum*, QTL 3BS, Type II resistance.

Introducción

El trigo pan (*Triticum aestivum* L.) es uno de los cultivos de cereales más importantes del mundo, con un total de producción de más de 600 millones de toneladas anuales (1). Su cantidad y calidad es afectada cada año por las enfermedades fúngicas que son las que prevalecen por su incidencia en los años y regiones húmedas. Entre ellas se puede destacar a la fusariosis de la espiga (FE), que ha emergido como una de las más serias enfermedades fúngicas (2). El principal agente etiológico de esta plaga a escala mundial es *Fusarium graminearum* Schwabe, cuya forma sexual es *Gibberella zeae* Petch (3).

Este patógeno es capaz de causar una disminución en el rendimiento del grano de hasta un 50 % en condiciones de epidemias severas y variedades susceptibles. Además disminuye su calidad, que se ven afectados en su tamaño, poder y vigor germinativo (4); a esto se le suma la producción por el patógeno de micotoxinas como Deoxinivalenol (DON), lo que imposibilita la inserción de estos granos en el sector alimenticio por su efecto perjudicial para la salud de las personas (5).

Las actuales prácticas agronómicas y aplicaciones químicas han tenido un éxito limitado en el control de la enfermedad, por eso el desarrollo de genotipos resistentes parece ser el enfoque más práctico y económico para obtener un medio ambiente más saludable y un control sostenible de la plaga por largo plazo (6,7).

La resistencia genética a la FE es de carácter cuantitativo y puede ser separada en cinco categorías: el tipo I, resistencia a la infección inicial; tipo II, resistencia a la propagación de la infección; tipo III; resistencia a la infección del grano; tipo IV, tolerancia; y tipo V, resistencia a la acumulación de micotoxinas. No existe disponible una resistencia completa, pero el tipo II es el más común y sencillo de evaluar (8). Un importante *locus* de carácter cuantitativo (*quantitative trait locus* o QTL) para este tipo de resistencia deriva del cultivar chino Sumai 3 y se ubica en el cromosoma 3BS, y se lo denomina *Qfhs.ndsu-3BS*, que por sí solo sería responsable del 24,8 al 60 % de la variabilidad existente en la resistencia a FE (9). Este QTL se ubica entre los marcadores microsatélites *Xgwm533* y *Xgwm493* (9), y adicionalmente se han identificado mediante mapeo