

El arroz (*Oryza sativa* L.) es la principal fuente de alimentación para más de 3.000 millones de personas, casi la mitad de la población mundial, y la “píriculariosis”, causada por el hongo *Magnaporthe oryzae* Couch, es la enfermedad que más pérdidas causa en este cultivo a escala mundial; también en España ha causado pérdidas importantes algunos años. Se han obtenido diversas variedades resistentes, principalmente al incorporar genes de resistencia completa (genes *Pi*), pero la mayoría se han vuelto susceptibles en pocos años al aparecer nuevos aislados más virulentos. Actualmente, para conseguir una resistencia efectiva y duradera, se busca incorporar resistencia parcial, o una combinación de ambos tipos de resistencia. La resistencia parcial es un carácter cuantitativo, controlado por numerosos genes de efecto pequeño (o QTLs), que pueden interaccionar entre ellos y que, con frecuencia, también lo hacen intensamente con el ambiente. Para conocer mejor la población del patógeno presente en la zona de la Albufera, y qué genes y QTLs de resistencia pueden ser efectivos en ésta y otras zonas arroceras de España, por un lado se ensayaron durante varios años 31 variedades diferenciales (líneas con un gen *Pi* diferente cada una); esto demostró que la estructura de la población del hongo puede variar significativamente con los años. Por otro lado, realizamos estudios genéticos sobre la resistencia a *M. oryzae* en dos poblaciones, procedentes del cruzamiento entre variedades locales, bien adaptadas pero moderadamente susceptibles (Sivert y JSendra) y variedades resistentes, pero no adaptadas (CNA-6159 y Gigante Vercelli). En líneas F3 de ambas poblaciones se determinó la resistencia en campo, en condiciones favorables para el ataque del hongo, en hojas y órganos productivos: en SixCNA, en una parcela de la Albufera, y en JSxGV, en 4 localidades de Valencia, el Delta del Ebro y Sevilla; en JSxGV, además, se realizaron inoculaciones en condiciones controladas. Se comparan los diferentes sistemas de medida de la susceptibilidad, y se discute la influencia ambiental en ella. Se detectaron 22 QTLs en SixCNA, y 61 QTLs en JSxGV, la mayoría de los cuales sólo se expresan en una localidad. Todos los parentales aportan alelos de resistencia; pero la mayoría de los QTLs identificados son de efectos pequeños y, a menudo, con un notable componente dominante. Al mismo tiempo, gran parte de estos QTLs presentan interacciones significativas con otros QTLs; y muchos de ellos co-localizan con QTLs identificados en otros estudios. Hemos encontrado bastantes coincidencias entre QTLs que controlan la incidencia en panículas y los que determinan la severidad en las hojas, apoyando la hipótesis de que existen mecanismos de defensa comunes en ambos órganos. Se han localizado regiones cromosómicas de interés que podrían ser utilizadas para la selección de genotipos resistentes.