



MAPEO DE QTL ASOCIADOS A CARACTERES DE ARQUITECTURA DE CANOPEO EN MAÍZ (*Zea mays* L.)

Luciano Germán Molins^{1,2}, Alfredo Gabriel Cirilo², Guillermo Hugo Eyhérbide²

¹ CONICET, Av. Rivadavia 1917 (C1033AAJ), CABA, molins.luciano@inta.gob.ar.

² INTA Pergamino, Av. Frondizi (Ruta 32) Km 4,5, Pergamino, Buenos Aires.

INTRODUCCIÓN

En condiciones de alta productividad el rendimiento en maíz es altamente dependiente de la presencia de una fuente fotosintética suficiente para la obtención de un alto número de granos por unidad de superficie y para el llenado de los mismos. La estructura y la supervivencia del canopeo determinan el aprovechamiento de la radiación incidente durante el crecimiento del cultivo y en estas condiciones, determinados caracteres, como el número y tamaño de las hojas, su ángulo de inserción en el tallo y la altura de planta condicionan la penetración y distribución de la luz a través de los estratos foliares afectando la eficiencia con la cual es interceptada. El uso de estos atributos como rasgos secundarios en la selección de genotipos mejorados para esos ambientes puede aumentar la eficiencia del proceso y el empleo de la variabilidad genética asociada a estos rasgos en conjunto con el mapeo de QTL permitiría entender las bases genéticas que los controlan y así mejorar la eficiencia de captación de luz en maíz.

El objetivo de este trabajo fue estudiar las bases genéticas que controlan la variabilidad de los caracteres ecofisiológicos asociados con la captación de radiación solar en una población de líneas endocriadas recombinantes mediante la identificación de QTL asociados a los mismos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizó una población de 151 líneas endocriadas recombinantes en F₅ obtenida a partir del cruzamiento entre las líneas parentales LP179 y L5605, las cuales difieren significativamente en los valores medios de área foliar, ángulo vertical de inserción foliar y altura de planta, pertenecientes al programa de mejoramiento genético de INTA. Los ensayos de evaluación fenotípica se llevaron a cabo en la Estación Experimental Agropecuaria INTA Pergamino durante las campañas 13/14 (Exp1), 14/15 (Exp2) y 15/16 (Exp3) en condiciones de secano. En cada experimento se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con dos repeticiones. Cada parcela estuvo constituida por tres surcos y en el surco central se marcaron tres plantas sobre las cuales se evaluaron los caracteres (i) altura de planta (AP, cm); (ii) número de hojas totales (NHT); (iii) ángulo vertical de inserción foliar en el tallo (Áng, °); (iv) longitud máxima de la hoja (LH_{max}, cm) y (v) ancho máximo de la hoja (AH_{max}, cm). Se determinó la presencia de variabilidad genotípica y el efecto de la interacción genotipo x ambiente para todos los caracteres mediante el empleo de un modelo lineal generalizado utilizando el procedimiento Proc Glim del paquete estadístico SAS 9.0.

La evaluación genotípica de la población de RIL se llevó a cabo mediante el empleo de marcadores moleculares microsatélites (SSR). Se amplificaron 150 SSR en la población de mapeo, que previamente habían resultado ser polimórficos entre las líneas parentales, y se seleccionaron los marcadores que mostraron una segregación adecuada de acuerdo a lo esperado para una población de RIL, para la construcción de un mapa de ligamiento



genético. El análisis de segregación de los SSR se realizó mediante la prueba de Chi cuadrado y la construcción del mapa de ligamiento se efectuó mediante la función de Kosambi y el método de máxima verosimilitud, utilizando el programa GQ MOL (Schuster and Cruz, 2008).

El análisis de asociación entre los datos fenotípicos y genotípicos se llevó a cabo con la ayuda del programa Win QTL Cartographer V 2.5 (Basten *et al.*, 2002), mediante el método de mapeo por Intervalo Compuesto (CIM). Se utilizaron cinco marcadores como cofactores y se empleó una velocidad de mapeo de 1 cM y un tamaño de ventana de 10 cM. La significancia de un QTL se confirmó mediante el test de 1000 permutaciones (Churchill and Doerge, 1994).

RESULTADOS

Existió variabilidad genética significativa para todos los caracteres en la población de RIL y el efecto de la interacción genotipo x ambiente también fue significativo ($p < 0,01$).

De los 150 marcadores polimórficos amplificados en la población, 103 mostraron una segregación de acuerdo a lo esperado para una población de RIL y se emplearon para la construcción de un mapa de ligamiento, mediante el cual se obtuvo una cobertura genómica de 1319,9 cM con una distancia promedio entre SSR de 12,8 cM.

Mediante el método de mapeo por intervalo compuesto se identificaron cinco QTL para AP, de los cuales uno se detectó en el Exp1 en el cromosoma 4, tres en el Exp2 en los cromosomas 2, 6 y 7 y uno en el Exp3 en el cromosoma 4. Para NHT se detectó un QTL en el Exp1 en el cromosoma 3, uno en el Exp2 en el cromosoma 3 y dos en el Exp3 en los cromosomas 3 y 10. Se identificaron seis QTL asociados a Áng en el Exp1, en los cromosomas 2, 3, 5 y 7, uno en el Exp2 en el cromosoma 7 y dos en el Exp3 en el cromosoma 7. Para LH_{max} se detectaron tres regiones en el Exp1 en los cromosomas 4, 8 y 10 y dos en el Exp3 en los cromosomas 7 y 10. Para AH_{max} se identificaron tres QTL en el Exp1 en el cromosoma 1. El porcentaje de varianza fenotípica explicada por los QTL individuales estuvo comprendido entre 7,0% (para Áng en el cromosoma 2) y 24,0% (para AH_{max} en el cromosoma 1). Todos los QTL mostraron inconsistencia en cuanto a su expresión en los tres ambientes, lo cual está asociado al efecto de la interacción genotipo x ambiente que ocasiona un comportamiento diferencial de los genotipos en cada uno de los ambientes. Solamente un QTL asociado a Áng en el cromosoma 7 se identificó en los tres experimentos y un QTL asociado a NHT fue detectado en el Exp1 y Exp3. Para todos los caracteres, excepto AH_{max} (todos los QTL presentaron efecto aditivo positivo), se identificaron QTL con efecto aditivo positivo y negativo, indicando dispersión de los alelos favorables entre las líneas parentales. Para el carácter AP, de los cinco QTL detectados, solo uno explicó más del 10% de la variación fenotípica (QTL de efecto mayor), indicando que este rasgo está controlado por QTL de efecto menor principalmente, mientras que para NHT y AH_{max} los QTL identificados fueron de efecto mayor y para Áng y LH_{max} se identificaron QTL de efecto mayor y de efecto menor. En general, estos caracteres asociados a la captación de luz se encuentran bajo un control genético complejo, controlados por QTL altamente sensibles a las condiciones ambientales.

BIBLIOGRAFÍA



- Basten, C.J., Weir, B.S and Zeng, Z.B.** (2002). "QTL Cartographer, Version 1.16". Department of Statistics, North Carolina State University, Raleigh, NC.
- Churchill, G.A and Doerge, R.W.** (1994). "Empirical threshold values for quantitative trait mapping". *Genetics*, 138: 963-971.
- Schuster, I and Cruz, C.D.** (2008). "Estatística aplicada a populações derivadas de cruzamentos controlados". Viçosa, M.G. Editora UFV, 568 p. <http://www.ufv.br/dbg/gqmol/gqmol.htm>.