



# MAPEO POR ASOCIACIÓN PARA CARACTERES ASOCIADOS A TOLERANCIA A SALINIDAD EN SORGO

Luna DF<sup>1</sup>; Bustos DA<sup>1</sup>; Vieira de Sousa L<sup>3</sup>; da Silva L<sup>3</sup>; Pittaro MG<sup>1</sup>; Ortiz D<sup>2</sup>

1. Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV-UDEA INTA CONICET) Córdoba, Argentina. E-mail: luna.fernando@inta.gov.ar  
2. Estación Experimental Agropecuaria Manfredi (INTA) Córdoba, Argentina. 3. Universidade Federal Rural do Semi Arido (UFERSA) Mossoró, Brasil.

## INTRODUCCIÓN Optima Bold Wd Bold 44

La salinidad y la alcalinidad en suelos representan un importante problema a nivel mundial debido a su efecto adverso para la agricultura, en cuanto a productividad y sostenibilidad. En este escenario, el sorgo es clave para alcanzar el objetivo de la seguridad alimentaria, por su potencial para suelos marginales. Si embargo, su tolerancia a la salinidad se encuentra atrasada debido a que la salinidad es un rasgo complejo (herencia cuantitativa), controlada por numerosos QTLs. Una de las técnicas más apropiadas para abordar este tipo de estudios es el mapeo por asociación de genoma completo (GWAS). La fluorescencia de la clorofila es una técnica ampliamente utilizada en fenómica para evaluar la actividad fotosintética de un cultivo ante diversas condiciones ambientales; y que genes/regiones genéticas se asocian a ellos. El objetivo de este estudio consistió en la caracterización fenotípica de variables fotosintéticas a salinidad en sorgo, y la identificación de regiones genómicas asociadas a estos caracteres.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se evaluó la tolerancia a la salinidad de un panel de 325 genotipos de sorgo (Sorghum Association Panel) desarrollado por un grupo de investigadores de EE.UU. para realizar estudios de mapeo por asociación. Se realizaron 4 ensayos en invernadero en condiciones controladas de luz y temperatura, utilizando un sistema de hidroponía con irrigación automática. Las plantas fueron cultivadas en tubetes de 500 cc con arena/perlita (3:1). Para la condición control se utilizó solución nutritiva completa Hoagland 0.5X; mientras que, para el tratamiento salino, se utilizó la misma solución más el agregado progresivo de 150 mM de NaCl, iniciándose cuando las plantas desarrollaron completamente su segunda hoja. Una vez alcanzado el desarrollo de la cuarta hoja, se midieron variables fisiológicas (temperatura foliar, contenido de clorofilas y su fluorescencia) y de crecimiento (peso, altura y espesor de hojas). La actividad fotosintética se evaluó utilizando un medidor portátil de fluorescencia (MultispeQ, PhotosynQ, East Lansing, MI, USA).

El efecto de la salinidad sobre algunas variables (Figura 1) se analizaron mediante ANOVA, determinado las diferencias entre las medias utilizando la prueba de Tukey. El análisis de matriz de correlaciones se realizó utilizando el paquete estadístico de R "GGally" <https://cran.r-project.org/web/packages/GGally/GGally.pdf>

Para el análisis de datos fenotípicos se utilizó el siguiente modelo mixto:

$$Y = \mu + R + T + G + \epsilon$$

donde Y es la variable respuesta,  $\mu$  es la media general, R es la repetición, T es el tratamiento salino, G es el genotipo y  $\epsilon$  es el residual. A partir del mejor predictor lineal insesgado (BLUP, por sus siglas en inglés), obtenidos para cada variable fenotípica, se realizó un mapeo por asociación a través del software TASSEL.

## RESULTADOS Optima Bold Wd Bold 44

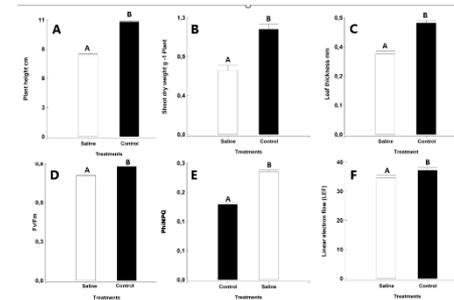


Figure 1 Efecto de la salinidad (150 mmol NaCl) de un panel de asociación de 320 genotipos de sorgo (SAP), medidos sobre la cuarta hoja completamente desarrollada (35 días después de la siembra), sobre parámetros de crecimiento (A, B, C) y fluorescencia (D, E, F).

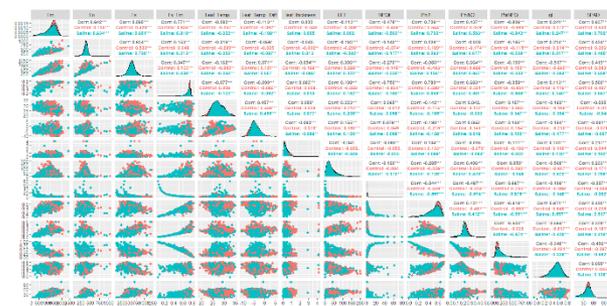


Figura 2. Matriz de correlación y distribución los parámetros de fluorescencia de la clorofila utilizados en este estudio. Para más detalles de estos parámetros ver <https://help.photosynq.com/view-and-analyze-data/references-and-parameters.html#chlorophyll-fluorescence-pam>.

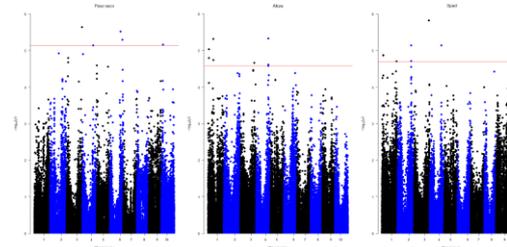


Figura 3. Manhattan plot de regiones genómicas asociadas a peso seco, altura y SPAD en sorgo bajo condiciones de salinidad. Línea roja indica significancia de regiones genómicas (FDR)

## CONCLUSIÓN

Estos resultados constituyen una oportunidad para la identificación de nuevos genes candidatos para la respuesta del sorgo a la salinidad y el desarrollo de genotipos más tolerantes a salinidad.