



Detección de Loci de Caracteres Cuantitativos para tolerancia a bajas temperaturas durante las primeras etapas del desarrollo del maíz.

Erika Mroginski^{1,2*}, Juan Pablo Ortíz³ y Guillermo Eyherabide².

¹Universidad Nacional de Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Bs.As., Argentina.

²Instituto Nacional de Tecnología Agrícola (INTA), Pergamino, Argentina. ³Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina.

*Autor para Correspondencia, e-mail: mroginski.erika@inta.gov.ar

INTRODUCCIÓN

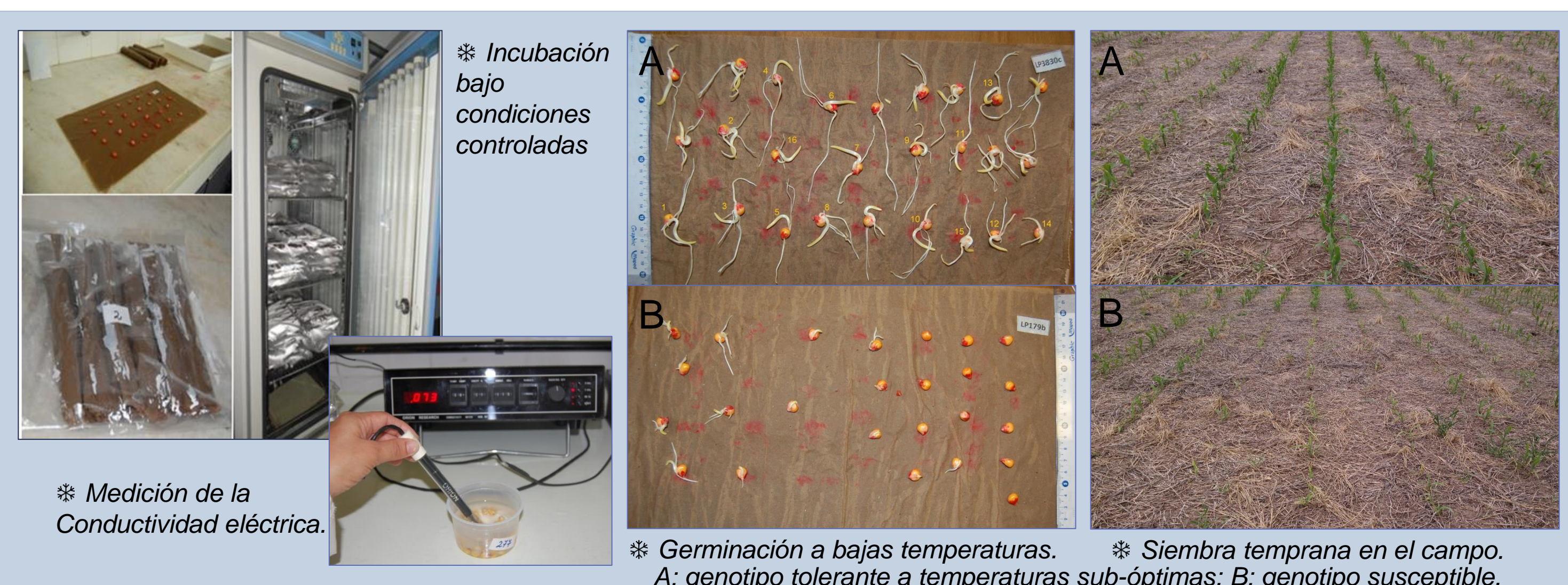
El enfriamiento, es decir la exposición a temperaturas entre 5 y 15° C, afecta al maíz en todos sus estados fenológicos, pero es particularmente nocivo durante el **proceso germinativo y el crecimiento heterotrófico** de las plántulas, causando fallas en la germinación, emergencia errática y un menor crecimiento de las plántulas, impidiendo un buen establecimiento posterior del cultivo. La tolerancia al frío es un **rasgo poligénico** complejo, siendo el mapeo de **QTL** una de las estrategias empleadas para el estudio de este tipo de caracteres.

Objetivo: Caracterizar la base genética de la tolerancia al frío durante la germinación y las etapas tempranas del desarrollo en una población F₂ de maíz mediante un análisis de QTL.

MATERIALES Y MÉTODOS

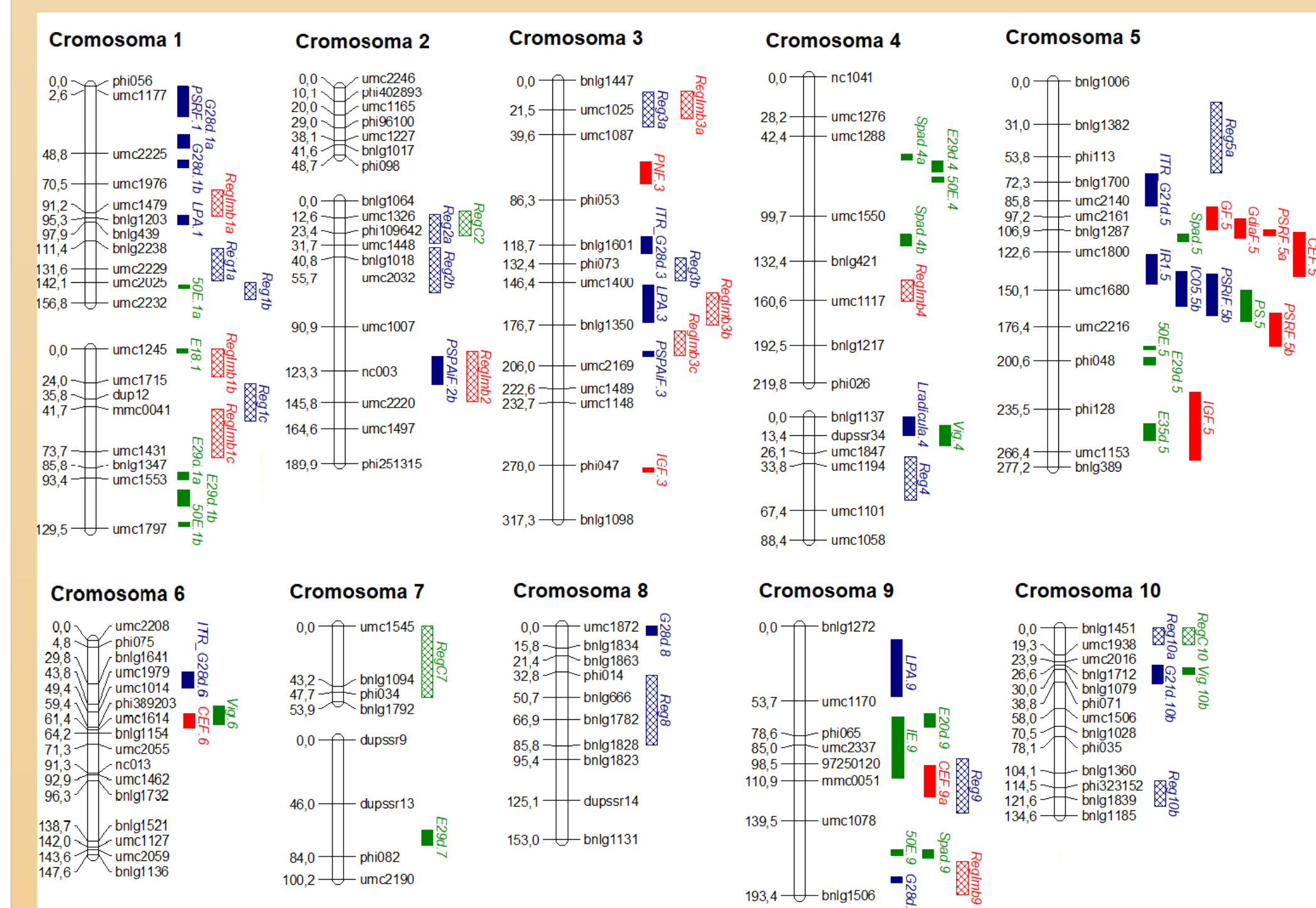
- ❖ Población F₂ (LP3830tolerante a bajas temp. x LP179susceptible).
- ❖ Genotipado: 139 marcadores moleculares (137 SSRs y 2 INDELS).
- ❖ Mapa de ligamiento con el paquete R/qt.
- ❖ Fenotipado: 227 familias F_{2:4}, en tres experimentos.
- ❖ Mapeo por Intervalo Múltiple con el programa WinQTLCartographer V2.5_011.

Condiciones	EXPERIMENTO 1	EXPERIMENTO 2	EXPERIMENTO 3
	Germinación bajo condiciones de incubación controlada (temperatura aumentando gradualmente de 8°C a 15°C, con cambios cada 7 días).	Imbibición de semillas a 5°C durante 15 días y continuación del proceso germinativo a 24°C durante 7 días.	Emergencia en el campo bajo condiciones de temperaturas subóptimas (siembra temprana).
Atributos evaluados	<ul style="list-style-type: none"> * GF(%): Porcentaje de germinación, a los 21, 28 y 35 días. * R1 y C05(%): Porcentaje de sem.con radícula > 1 cm o coleóptilo > 0,5 cm. * PNF(%): Porcentaje de plántulas normales al finalizar el experim. * IG, IC05, IR1(días): Tiempo medio de germinación, de semillas con coleop. > 0,5 cm o con radículas > 1 cm. * Gdia(% día⁻¹): Semillas germ.por día. * 50G(días): Número de días hasta el 50% de germinación. * PSPAIF y PSPAF(g): Peso seco de las partes aéreas por plántula y total. * PSRIF y PSRF(g): Peso seco radicular por plántula y total. * LPA(cm): Long. de parte aérea por pl. * Lradicula(cm): Long. de la radíc. por pl. * LRT(cm): Long. total de raíces por pl. * NRS: Número de raíces por pl. 	<ul style="list-style-type: none"> * GF(%): Porcentaje de germinación (luego de 3 días a 24°C). * PNF(%): Porcentaje de plántulas normales al finalizar el experim. * IGF(días): Tiempo medio de germinación. * GdiaF(% día⁻¹): Sem.germ. por día. * PSPAF(g): Peso seco total de las partes aéreas. * PSRF(g): Peso seco total de las raíces. * CEF(mS cm⁻¹): Conductividad eléctrica del agua de remojo luego del periodo de imbibición de las semillas. 	<ul style="list-style-type: none"> * E(%): Porcentaje de emergencia, a los 18, 20, 23 y 35 días. * PNF(%): Porcentaje de plántulas normales al finalizar el experim. * IE(días): Tiempo medio de emergencia. * Edia(% día⁻¹): Pl. emerg. por día. * 50E(días): Número de días hasta el 50% de emergencia. * PS(g): Peso seco por planta (parte aérea) en V3-V4. * Spad(U): Contenido clorofílico en la tercer hoja expandida. * AF(cm²): Área Foliar por planta 50 días luego de la siembra. * Vig(% día⁻¹ g): Índice de Vigor.



RESULTADOS

- La población mostró variabilidad genotípica para todos los rasgos (p<0,001) y valores de heredabilidades (H) moderados a altos (>50%), indicando una fuerte influencia genética.
- Se identificaron 101, 56 y 48 QTLs y 22, 11 y 23 interacciones epistáticas entre QTLs en los experimentos 1, 2 y 3, respectivamente.



Localización de los QTLs y regiones cromosómicas donde co-localizaron QTLs detectados mediante mapeo por intervalo múltiple (MIM), en los experimentos 1 (azul), 2 (rojo) y 3 (verde).

*Las distancias en centimorgans se indican a la izquierda de cada cromosoma y los marcadores moleculares a la derecha. Los QTLs individuales que no se agruparon con otros se indican con barras coloreadas y las regiones cromosómicas donde co-localizaron QTLs para diferentes rasgos se indican con barras rayadas. El nombre del QTL está formado por el nombre del carácter al cual está asociado, más el número de cromosoma en el cual se encuentra, seguido por una letra en el caso de que hubiese más de un QTL en un mismo cromosoma para un mismo carácter. Las regiones se nombran como Reg (Experimento 1), Reg1b (Experimento 2) y RegC (Experimento 3), más el número de cromosoma en el cual se encuentra, seguido por una letra en el caso de que hubiese más de una región en un mismo cromosoma.

- QTLs para diferentes rasgos mapearon conjuntamente en las mismas regiones genómicas.

Región	Bin	Intervalo	+	QTLs (R ²)	
Experimento 1	Reg1a	1.04	117 - 141	P1	50G.1(6), Gdia.1(5), PSPAF.1(7), PSRIF.1b(6), ITR_PSRi.1(3)
	Reg1b	1.05	142 - 154	P1	GF21d.1(10), ITR_G21d.1(11), R128d.1(5), ITR_R128d.1(7), IG.1(10), NRS.1(7), LRT.1(4)
	Reg1c	1.08	25 - 52	P1	GF21d.2(9), ITR_G21d.2(8), R128d.2(6), ITR_R128d.2(5), IG.2(10), IR1.2(6), IC05.2(11), 50G.2(12), Gdia.2(14), PSPAF.2(16), PSPAF.2a(15), PSRF.2(9), PSRIF.2(7), LPA.2(6)
	Reg2a	2.03-2.04	10 - 31	P2	GF35d.2(9), C0528d.2(11), ITR_C0528d.2(9), PNF.2(8)
	Reg2b	2.04	34 - 67	P2	GF21d.3(9), ITR_G21d.3(8), GF35d.3(8), C0528d.3(13), ITR_C0528d.3(10), IG.3(8), IC05.3(7), 50G.3(7), Gdia.3(8)
	Reg3a	3.04	9 - 34	P1	NRS.3(10), LRT.3(8)
	Reg3b	3.05	128 - 145	P2	PSRIF.4(13), NRS.4(8), LRT.4(7)
	Reg4	4.07	29 - 60	P1	PSRIF.5a(5), NRS.5(5), LRT.5(5)
	Reg5a	5.01	15 - 66	P1	IG.5(6), IC05.5a(13), ITR_C0528d.5(8)
	Reg5b	5.04	104 - 121	P1	ITR_G28d.8(10), C0528d.8(9), ITR_C0528d.8(11), IC05.8(10), PSPAF.8(5), LPA.8(6)
Reg9	9.04	95 - 134	P1	GF21d.9(5), ITR_G21d.9(7), Lradicula.9(3)	
Reg10a	10.02	0 - 12	P1	GF21d.10a(29), ITR_G21d.10(20), R128d.10(15), ITR_R128d.10(15), IG.10(16), IR1.10(17), 50G.10(12), Gdia.10(15), PSPAF.10(11), PSPAF.10(14), PSRF.10(9), PSRIF.10a(8), LPA.10(10), Lradicula.10(14), PSRIF.10b(5), NRS.10(5), LRT.10(6)	
Reg10b	10.07	110 - 128	P2		
Experimento 2	Reg1mb1a	1.03	75 - 94	P1	CEF.1a(4), PSRF.1a(4), ITR_PSPA.1a(10)
	Reg1mb1b	1.07	0 - 20	P2	GF.1a(12), ITR_G.1(17), PNF.1(17), ITR_PN.1(17), GdiaF.1a(10), ITR_Gdia.1a(10), ITR_PSPA.1b(15)
	Reg1mb1c	1.08-1.09	43 - 78	P2	GdiaF.1b(17), PSRF.1b(16), ITR_PSPA.1c(6), GF.1b(9), IGF.1(14), ITR_IG.1(20), ITR_Gdia.1b(7), PSPAF.1(22), CEF.1b(6)
	Reg1mb2	2.06	109 - 145	P2	GF.2(13), ITR_G.2(18), PNF.2(12), ITR_PN.2(15), IGF.2(7), ITR_IG.2(11), GdiaF.2(9), ITR_Gdia.2(6), PSPAF.2(7), PSRF.2(10)
	Reg1mb3a	3.04	8 - 28	P2	GdiaF.3a(10), PSPAF.3(8), PSRF.3(9)
Reg1mb3b	3.06	154 - 177	P2	GF.3(11), ITR_G.3(9), ITR_PN.3(11)	
Reg1mb3c	3.06	181 - 199	P2	GdiaF.3b(9), ITR_Gdia.3(12)	
Reg1mb4	4.04	146 - 161	P1	PNF.4(5), ITR_PSPA.4(26)	
Reg1mb9	9.07	169 - 193	P1	CEF.9b(22), IGF.9(28), ITR_IG.9(24), ITR_G.9(14), ITR_PN.9(13)	
Exp. 3	RegC2	2.04	7,8 - 25,1	P1	E18d.2a(10), E20d.2(6), Spad.2(10), PS.2(22), AF.2(14), Vig.2(22)
	RegC7	7.00-7.02	0 - 51	P2	E18d.7(3), E20d.7(8), PS.7(11), AF.7(13)
	RegC10	10.02	0 - 12	P1	E20d.10(5), E23d.10(10), IE.10(13), PS.10a(18), AF.10(7), Vig.10a(22)

*Región: Nombre de la región cromosómica donde co-localizaron los QTLs; Bin: Segmento cromosómico; Intervalo: posición, en centimorgans, de los extremos que delimitan la región; +: parental que aporta el alelo favorable (P1: LP3830; P2: LP179); QTLs: QTLs que mapean en la región; R²(%): porcentaje de la varianza fenotípica explicada por cada QTL.
ITR: Índice de tolerancia relativa: medida del atributo en el tratamiento a bajas temperaturas en relación al valor de dicho atributo registrado a 24° C.

CONCLUSIONES

- * Se detectaron QTLs asociadas con la tolerancia a temperaturas sub-óptimas durante el proceso germinativo (Exp. 1) y la imbibición de las semillas (Exp. 2) y en siembras tempranas en el campo (Exp. 3). Asimismo, se detectaron interacciones epistáticas entre QTLs que contribuyeron a explicar la variación observada en cada rasgo fenotípico.
- * Gran parte de los QTLs para diferentes rasgos mapearon conjuntamente en las mismas regiones genómicas. Los QTLs de cada región se asociaron a caracteres que evidenciaron correlación fenotípica significativa entre ellos, presentando intervalos de confianza superpuestos y efectos aditivos del mismo signo por lo que podrían tratarse de un único QTL con efecto pleiotrópico sobre diferentes rasgos o genes estrechamente ligados.
- * Se destaca una región localizada en el cromosoma, donde co-localizaron QTLs para atributos evaluados tanto bajo condiciones controladas como en el campo (regiones Reg10a y RegC10).