

# Dilucidando la arquitectura genética de la resistencia a múltiples enfermedades de espiga de maíz (*Zea mays* L.)

Peñas Ballesteros, A.<sup>1,2,3</sup>; Baricalla, A.<sup>4</sup>; Federico, M.L.<sup>2,5</sup>; Iglesias, J.<sup>2,3</sup>  
 1 CITNOBA (UNNOBA - UNSAdA – CONICET), Buenos Aires, Argentina

2 Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-Estación Experimental Pergamino (INTA-EEA Pergamino), Buenos Aires, Argentina

3 Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Buenos Aires, Argentina

4 Instituto Multidisciplinario de Investigaciones Biológicas San Luis (IMIBIO-SL), CONICET, San Luis, Argentina

5 Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina

\*[pballesteros.andrea@inta.gob.ar](mailto:pballesteros.andrea@inta.gob.ar)

## INTRODUCCIÓN

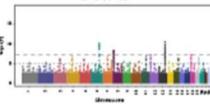
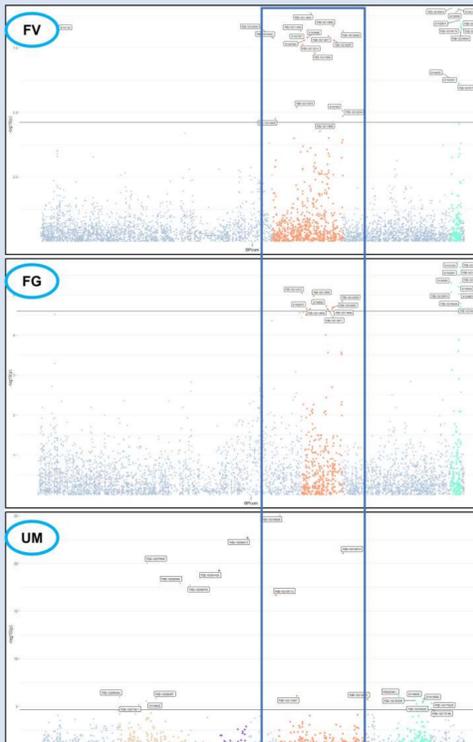
- ✓ El maíz es uno de los cultivos con mayor producción a nivel mundial, pero su rendimiento puede verse afectado por diversas enfermedades.
- ✓ En **Argentina**, en la **región maicera núcleo**, prevalecen las podredumbres de espiga causadas por *Fusarium verticillioides* (necrótrofo), *F. graminearum* (hemibiótrofo), que producen la **contaminación de los granos** con micotoxinas perjudiciales para la salud humana y animal, y *Ustilago maydis* (biótrofo).

## OBJETIVO

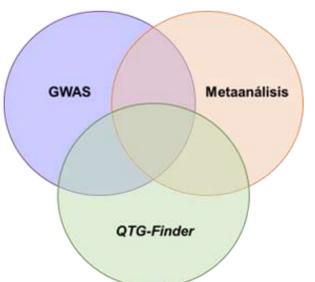
Investigar la arquitectura genética de la resistencia múltiple a podredumbres de espiga mediante un protocolo que integra GWAS (del inglés, *Genome-Wide Association Study*), datos transcriptómicos y priorización de genes candidatos (GC) utilizando un algoritmo de aprendizaje automático recientemente entrenado para maíz.

## MATERIALES Y MÉTODOS

## RESULTADOS

<p><b>GWAS</b></p>  <p><b>Región cromosómica</b></p>  <p><b>QTG-Finder</b></p> 	<ul style="list-style-type: none"> <li>✓ 63 líneas del programa de mejoramiento genético (PMG) de maíz de INTA-EEA Pergamino</li> <li>✓ <i>Maize Illumina BeadChip</i> (50K)</li> <li>✓ <i>Best linear unbiased estimator</i> (BLUE)</li> <li>✓ <i>F. verticillioides</i> (FV) y <i>F. graminearum</i> (FG) en 2 ambientes</li> <li>✓ <i>Ustilago maydis</i> (UM) en 5 ambientes</li> <li>✓ Posición de los SNP significativos</li> <li>✓ Desequilibrio de ligamiento para determinar regiones de interés</li> <li>✓ <i>Regions</i> de <i>MaizeMine</i> en <i>MaizeGDB</i> para listar genes candidatos posicionales</li> <li>✓ Algoritmo de aprendizaje automático</li> <li>✓ <i>Ranking</i> por posible causalidad</li> </ul>		<p><b>Figura 1.</b> <i>Manhattan Plots</i> de los p-valores obtenidos por GWAS en un panel de 63 líneas del programa nacional de mejoramiento de maíz de INTA Pergamino evaluadas frente a FV, FG y UM para el cromosoma 2. Cada punto representa un SNP diferente. El eje x indica la posición de cada SNP en el cromosoma 2. El eje y refiere al logaritmo negativo de los p-valores. Se resalta la región que contiene SNPs asociados a la resistencia a los tres patógenos. Debido a la proximidad de los SNP significativos detectados en los bins 2.05 y 2.06, se decidió estudiar la región en su totalidad para determinar GC posicionales (coordenadas: chr2:133102900-187924419). En dicha región, se encuentran 880 genes que fueron rankeados por posible causalidad utilizando <i>QTG-Finder</i>.</p>
---	---	---	--

<p><b>RNA-seq</b></p> 	<ul style="list-style-type: none"> <li>✓ Metaanálisis de datos transcriptómicos</li> <li>✓ Genotipos resistentes y susceptibles</li> <li>✓ 48 y 72 horas <i>post</i> infección</li> </ul>	<p>401 genes diferencialmente expresados entre genotipos resistentes y susceptibles</p> <p>→</p> <p><b>Zm00001eb093560</b>  <b>Zm00001eb093580</b>  <b>Zm00001eb099760</b>  <b>Zm00001eb094550</b>  <b>Zm00001eb099740</b></p> <p>En la región del cromosoma 2</p>
---	---	--

	<ul style="list-style-type: none"> <li>✓ 880 genes candidatos posicionales en la región detectada mediante GWAS</li> <li>✓ 5 genes diferencialmente expresados en dicha región</li> <li>✓ <i>Ranking</i> (<i>QTG-Finder</i>)</li> <li>✓ Información funcional</li> </ul>	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Identificador</th> <th>Posición en ranking</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Zm00001eb093560</td> <td>3</td> </tr> <tr> <td>Zm00001eb093580</td> <td>185</td> </tr> <tr> <td>Zm00001eb099760</td> <td>430</td> </tr> <tr> <td>Zm00001eb094550</td> <td>667</td> </tr> <tr> <td>Zm00001eb099740</td> <td>734</td> </tr> </tbody> </table> <p><b>Tabla 1.</b> <i>Ranking</i> obtenido para los 5 genes identificados por el protocolo integrado.</p> <p><b>wri1</b> ➤ Factor de transcripción sensible al etileno, involucrado en la biosíntesis de ácidos grasos, cutina y cera.</p> <p>➤ Se asocia a mecanismos de defensa a patógenos por términos ontológicos.</p>	Identificador	Posición en ranking	Zm00001eb093560	3	Zm00001eb093580	185	Zm00001eb099760	430	Zm00001eb094550	667	Zm00001eb099740	734
Identificador	Posición en ranking													
Zm00001eb093560	3													
Zm00001eb093580	185													
Zm00001eb099760	430													
Zm00001eb094550	667													
Zm00001eb099740	734													

**CONCLUSIÓN** Los GC identificados siguiendo el protocolo integrado propuesto, potencialmente asociados a la resistencia múltiple a podredumbres de espiga, serán evaluados en estudios funcionales