

Mapeo por Asociación para caracteres de interés agronómico en soja convencional [*Glycine max* (L.) Merr.]

Bernardi C.^{1,*}, Carrio A.¹, Conde M.B.¹, Lenzi L.¹, Soldini D.¹, Demichelis M.¹, Chialvo E.¹, Mir L.¹, Vanzetti L.S.^{1,2}

¹ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), EEA Marcos Juárez. Ruta 12 s/n, CP 2850 Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. ² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Godoy Cruz 2290, CP C1425FQB Buenos Aires, Argentina. * bernardi.clarisa@inta.gob.ar

Introducción

En Argentina, la soja ocupa un lugar preponderante en la economía debido a su posición como exportador mundial de granos, así como de harina y aceite. En mejoramiento, el Mapeo por Asociación (MA) permite detectar regiones genómicas asociadas a caracteres fenotípicos complejos, y posibilita el desarrollo de útiles herramientas moleculares. Este trabajo propone: 1- Obtener información fenotípica sobre caracteres de interés de una colección de soja convencional. 2- Detectar regiones cromosómicas asociadas a los caracteres evaluados mediante MA.

Materiales y métodos

Población MA: Colección de 204 genotipos (GM III a V) del BAG de la EEA Marcos Juárez.

Genotipado: Realizado por USDA con Chip 50K SNPs.

Ensayos: A campo en la EEA Marcos Juárez bajo un Diseño Experimental Aumentado en microparcels (2s x 1m) durante 2019, 2020 y 2021. Controles 3 genotipos de GM III, IV y V.

Caracteres evaluados: Se evaluaron 10 plantas de cada parcela para: (1)- Contenido de proteína en grano, (2)- Rendimiento por planta, (3)- Nro. de semillas por planta, (4)- Nro. de vainas por planta, (5)- Nro. de semillas por vaina, (6)- Peso de mil granos y (7-10)- Días a R1, R3, R6 y R8.

GWAS: Se utilizó el paquete GAPIT3 de R y el modelo BLINK. Las asociaciones se realizaron por año de evaluación y BLUPs (conjunto 3 años). Subsets de SNPs se analizaron en un MLM (SAS University) donde, SNPs, años e interacciones se consideraron efectos fijos y GM como efecto aleatorio.

Resultados

Como resultados del MA se obtuvieron 75 SNPs asociados para los 10 caracteres fenotípicos evaluados considerando años de evaluación y BLUPs (FDR < 0.05) (Fig.1).

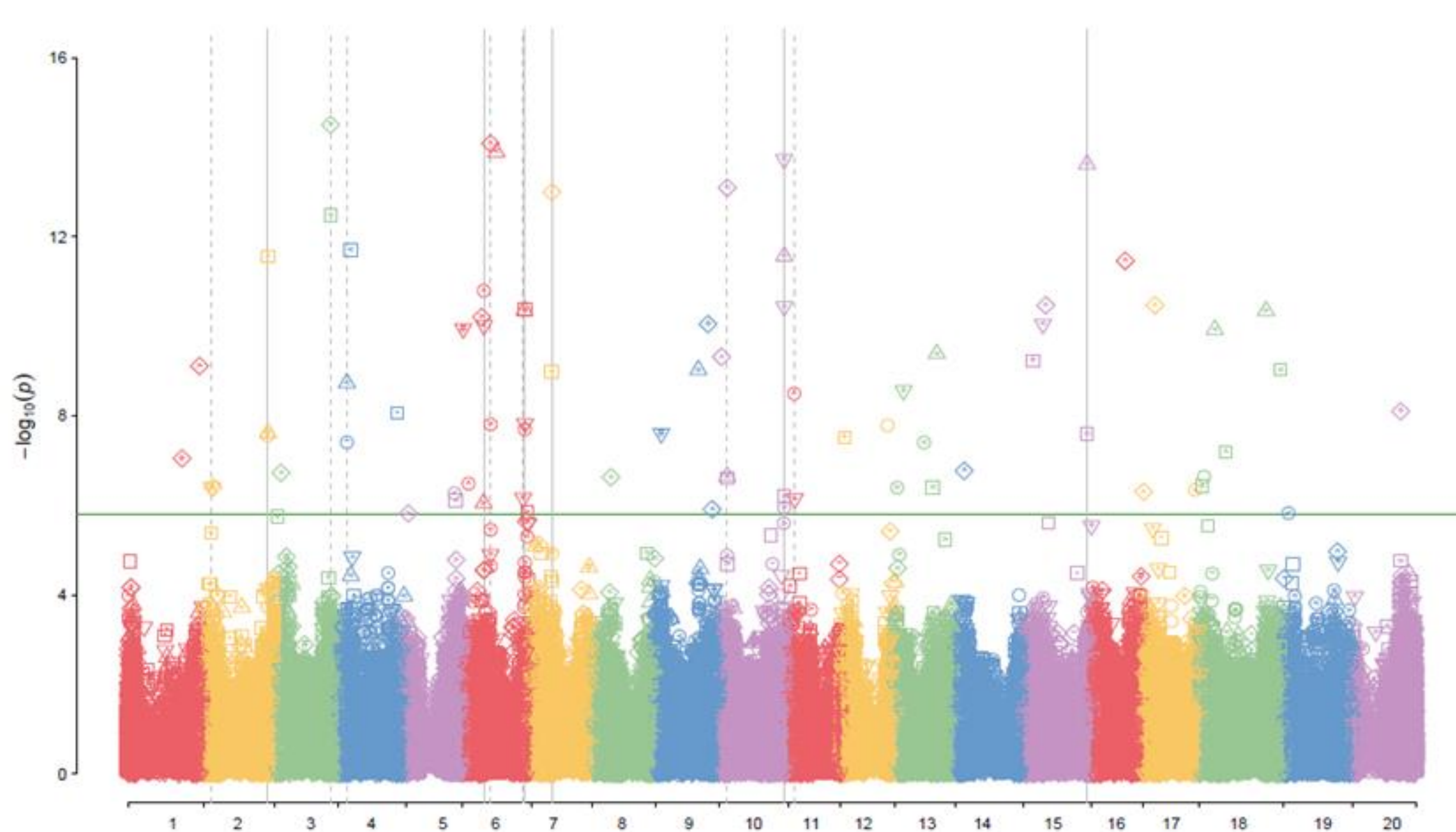


Fig. 1: Grafico de Manhattan mostrando los 75 SNPs asociados para los 10 caracteres fenotípicos evaluados por año de evaluación (2019, 2020 y 2021) y BLUPs distribuidos en los 20 cromosomas (eje X).

Para Contenido de Proteína en Grano (CPG), se detectaron 2 SNPs asociados con interacciones epistáticas entre sí ($P = 0.0011$) (Fig.2). El apilamiento de los alelos favorables eleva un 7.4% el CPG.

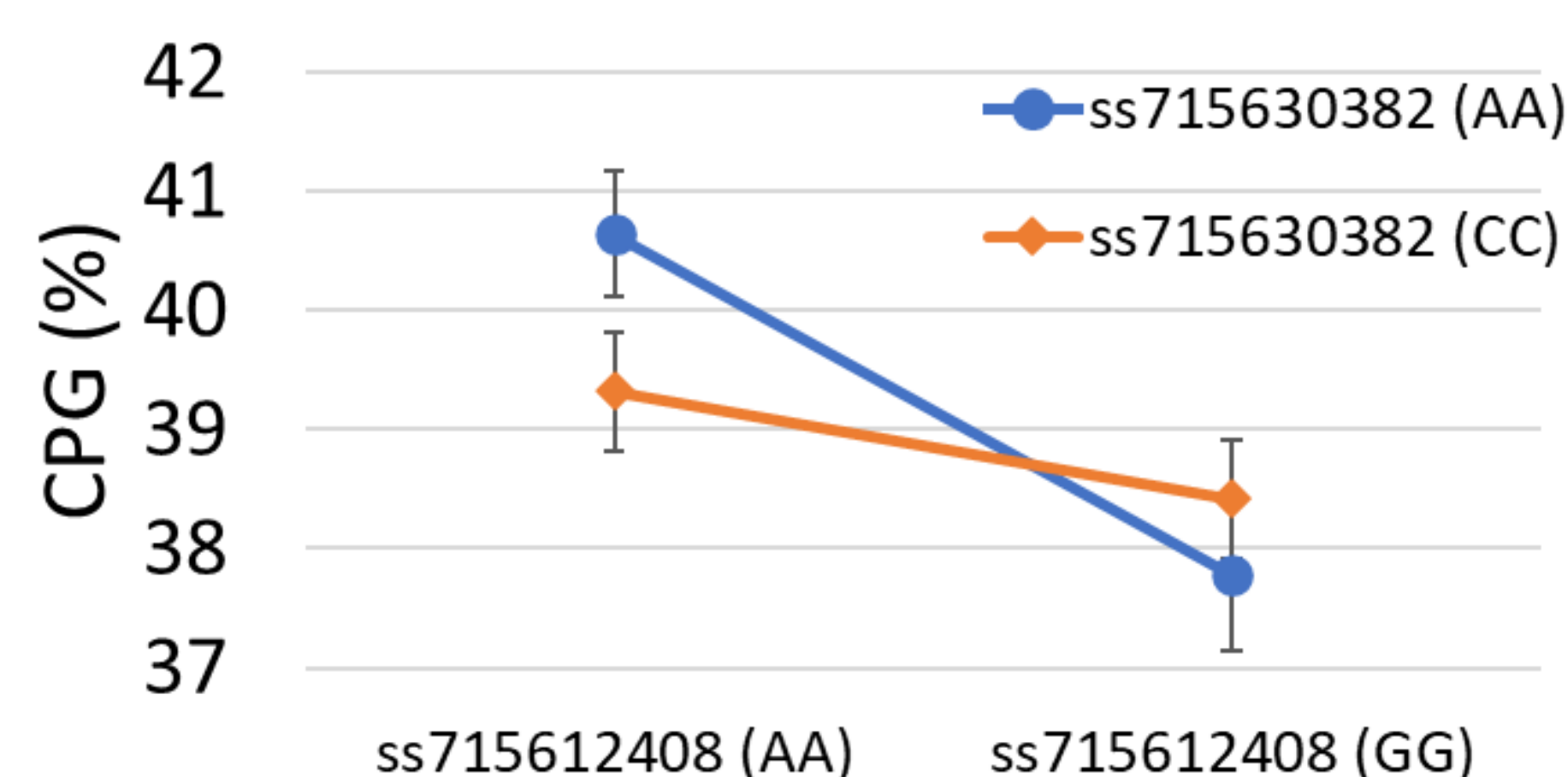


Fig. 2: Interacciones epistáticas entre los SNPs ss715612408 y ss715630382 localizados en los cromosomas 12 y 18 respectivamente. Error = Error estándar

Por otro lado, para Rendimiento (REND) por planta se evaluaron 2 de los SNPs asociados. Ambos presentan interacciones entre sí y con el año, triple interacción ($P < 0.0001$). Los dos alelos favorables para estos SNPs aumentan siempre el REND por planta, 21% en 2019, 80% en 2020 y 12% en 2021, aunque es significativo estadísticamente solo en 2020 (Fig.3).

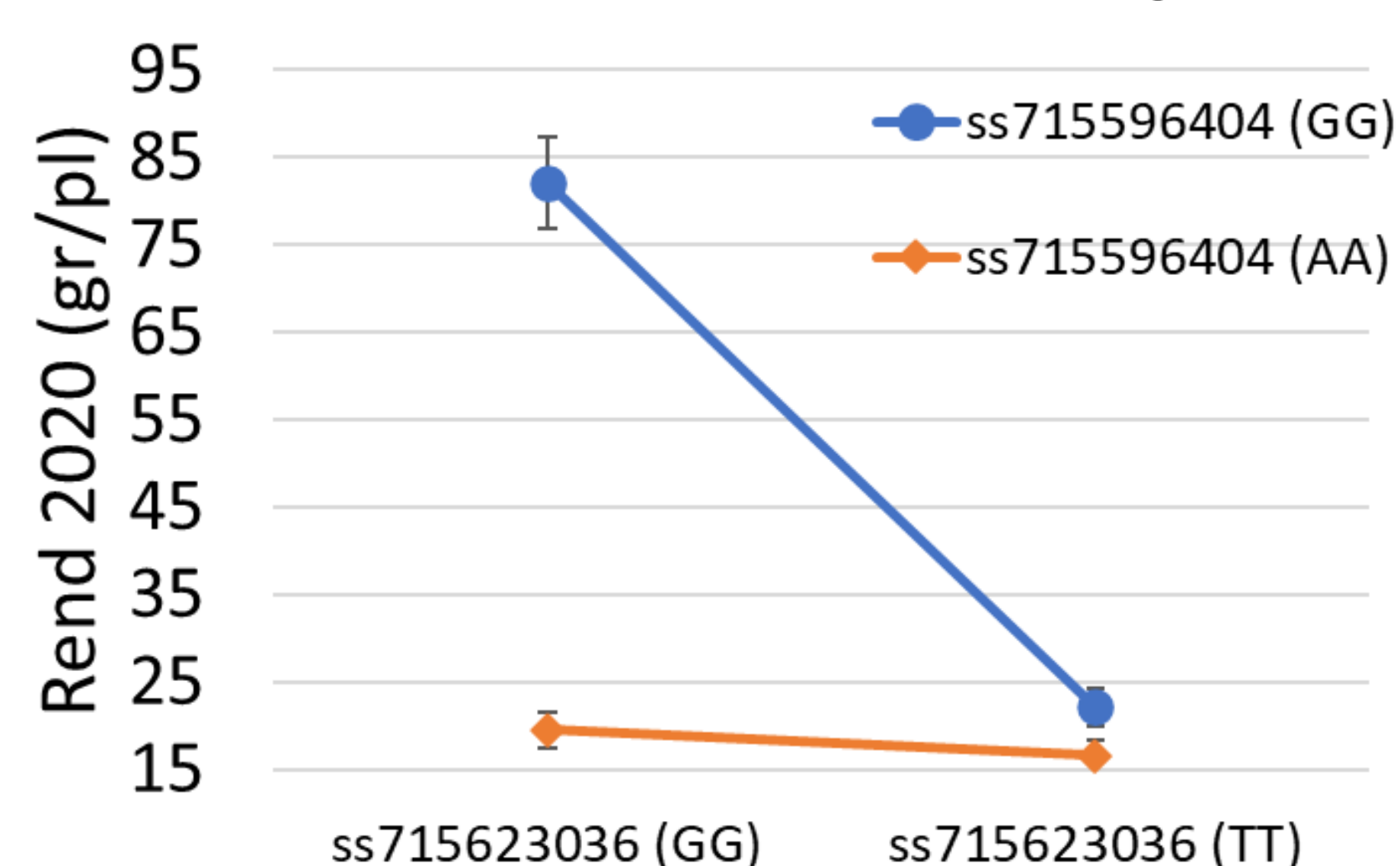


Fig. 3: Interacciones epistáticas entre los SNPs ss715623036 y ss715596404 localizados en los cromosomas 15 y 7 respectivamente durante la campaña 2020. Error = Error estándar

Para Peso de mil granos (P1000) se evaluó un SNP, el cual presenta interacción con el año ($P = 0.0047$), el alelo favorable produjo un aumento del P1000 en un 36% en 2019, 15% en 2020 y 12% en 2021, siendo este último no significativo estadísticamente.

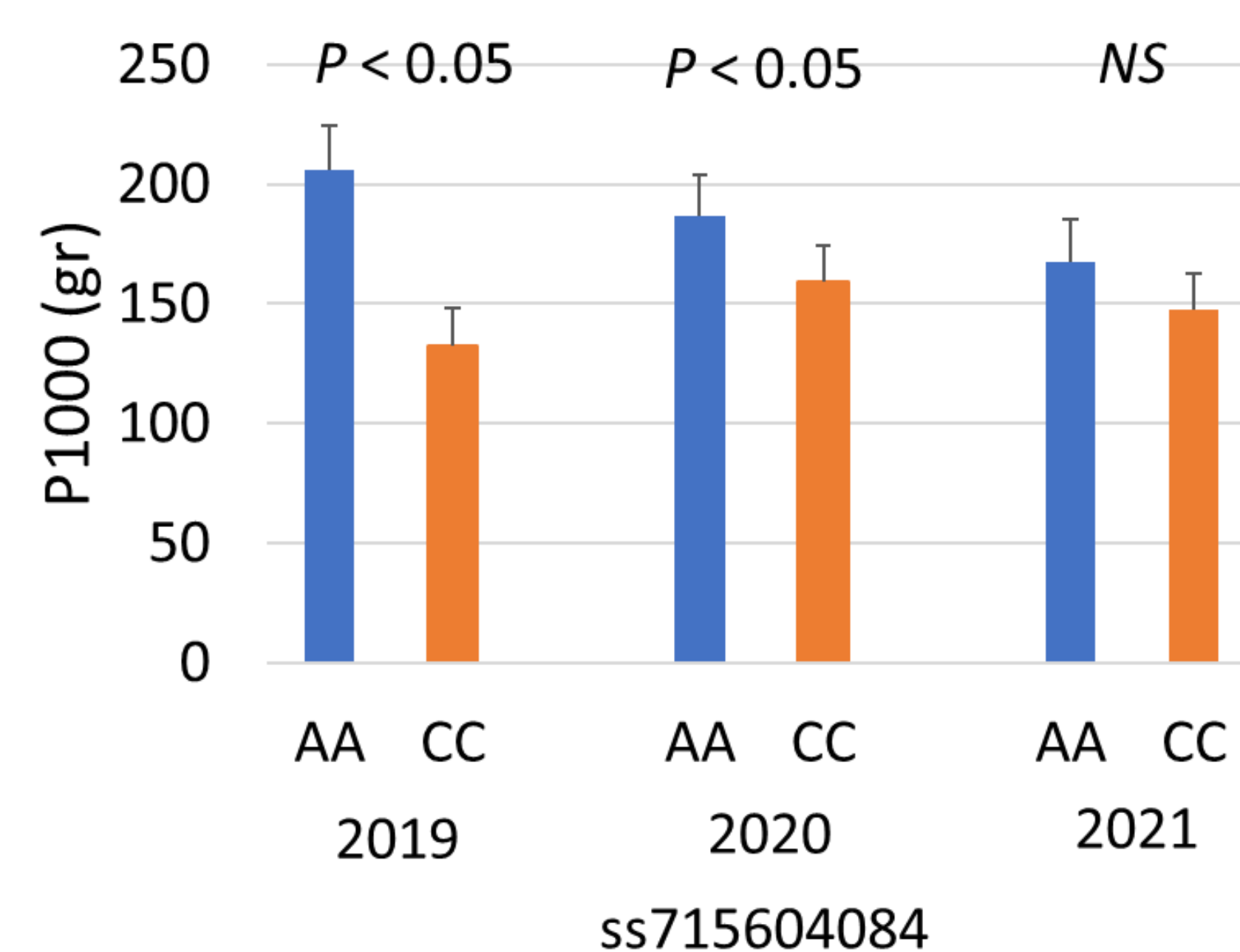


Fig. 4: Efecto del SNP ss715604084, localizado en el cromosoma 9 por año de evaluación. Barras azules alelo favorable. Error = Error estándar

Conclusiones

La colección utilizada presenta variabilidad fenotípica para los caracteres evaluados y el MA es una herramienta útil para identificar regiones genómicas asociadas a caracteres agronómicos de interés.