

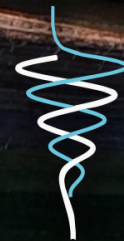
Caracterización molecular y mapeo por asociación para la resistencia al tizón común (*Exserohilum turcicum*) en líneas públicas de maíz templado.

Ing. Agr. MSc. Ignacio Torrent

Ing. Agr. MSc. Roberto Daniel Lorea

Dr. Julián Roig

Dra. Mirian del Pilar González



ALAG

6 TO 9
OCTOBER

2019

MENDOZA, ARGENTINA

**Genome
architecture:**
its expression in
phenotypes
and populations

Germoplasma público con adaptación local



- Programa de Mejoramiento de Maíz Templado de la EEA INTA Pergamino: desarrollo de líneas de maíz con adaptación a la región productiva templada de la República Argentina.
- Germoplasma de diversos orígenes: **Flint Argentino**, otras regiones del mundo.

El tizón (TC) común en maíz

- Agente causal: *Exserohilum turcicum*.
- **Argentina: pérdidas de rendimiento del 30-50%** (Formento, 2010). Intensidad creciente en las últimas campañas.
- Resistencia genética de arquitectura compleja.



Objetivo:

Evaluación de un panel diverso de **líneas endocriadas desarrolladas por el Programa de Mejoramiento de Maíz Templado de la EEA INTA Pergamino**:

- I. Caracterización de su **estructura y diversidad genética**.
- II. Identificación de **regiones genéticas asociadas a la resistencia al TC** por medio de un estudio de GWAS.

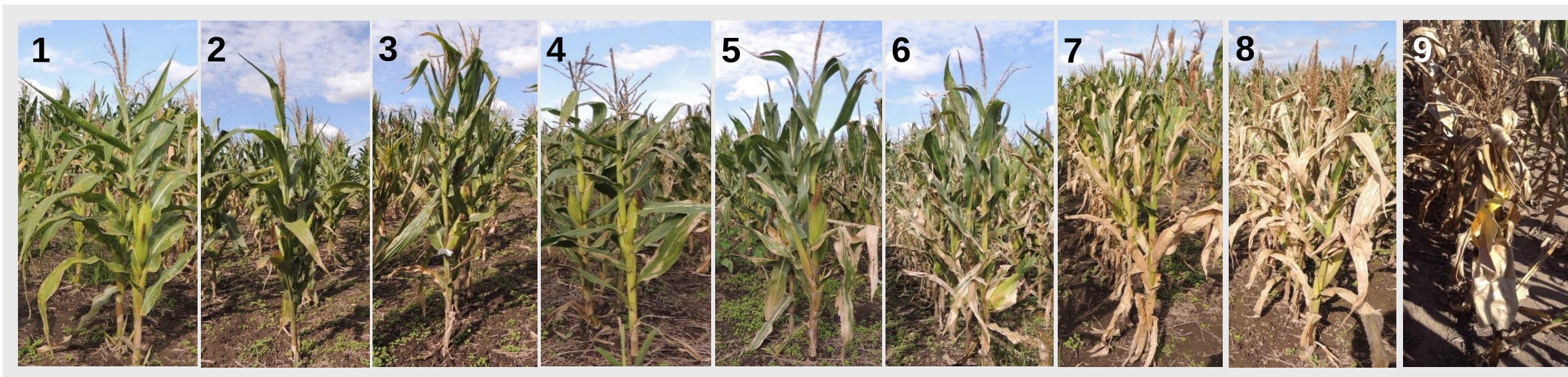
Materiales y Métodos

Panel de estudio: 216 líneas públicas de maíz del Programa de Mejoramiento de Maíz Templado de la EEA INTA Pergamino.

Información genotípica: 56.110 SNPs uniformemente distribuidos a lo largo del genoma.

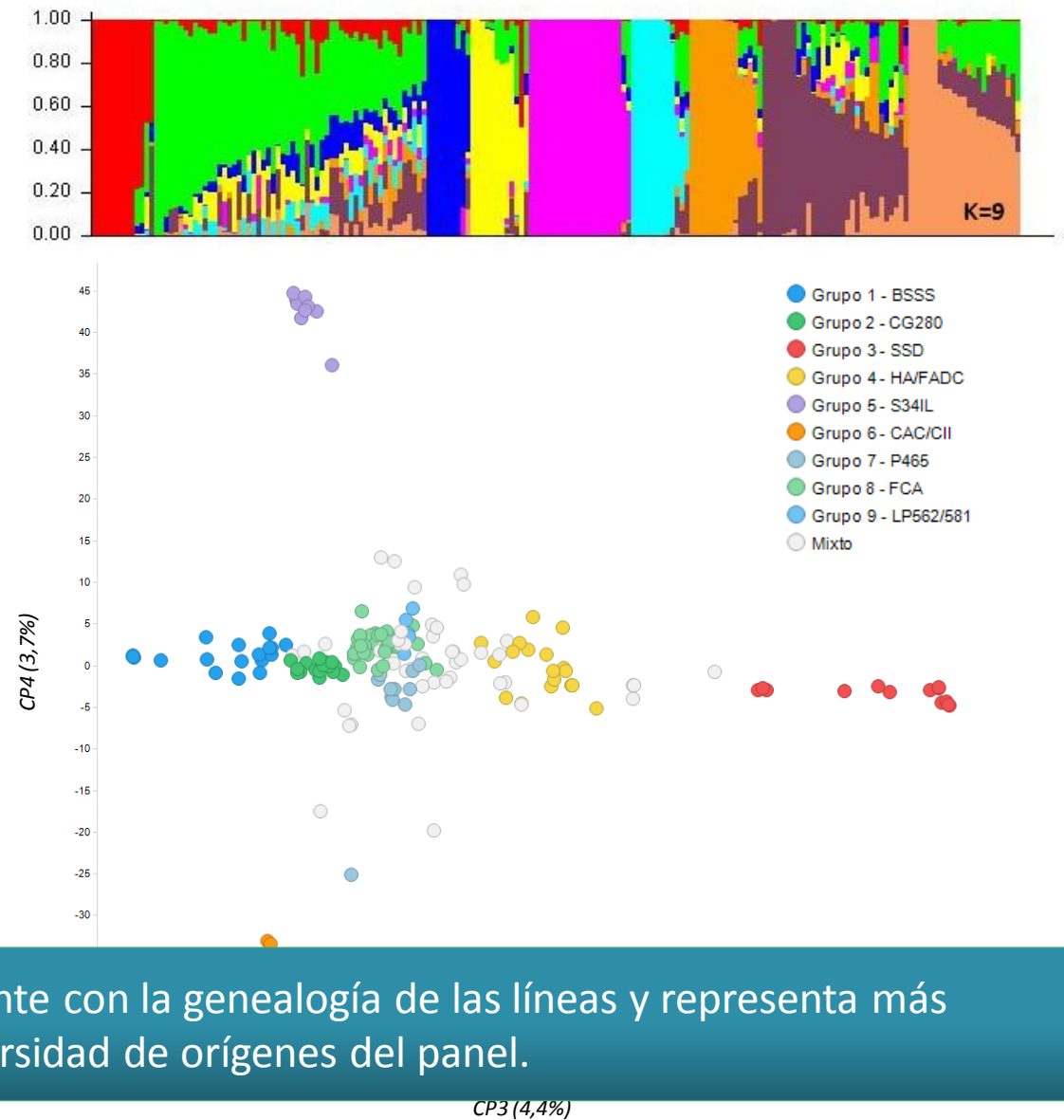
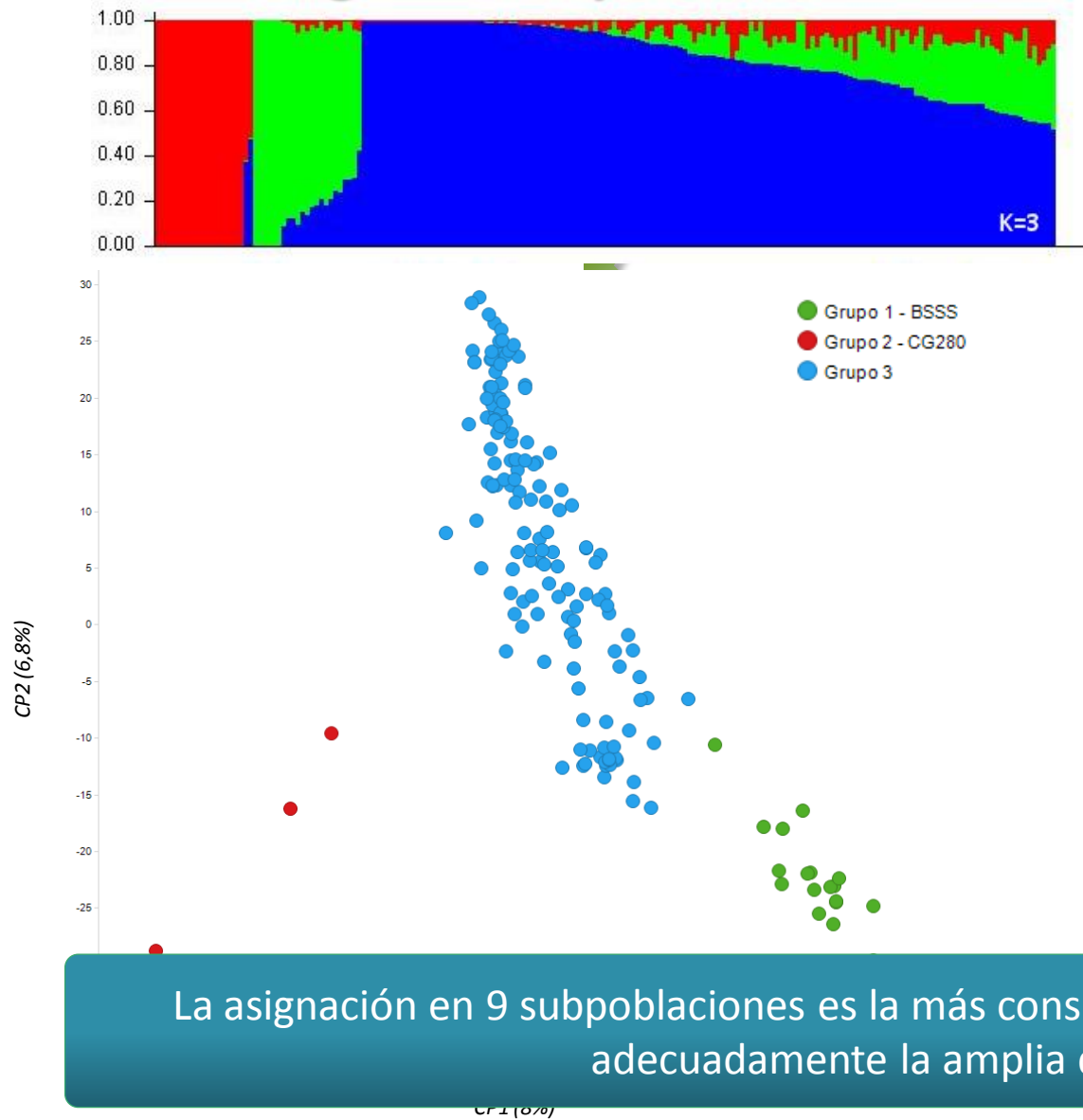
Caracterización molecular: estructura genética poblacional, parentesco relativo (K), distancia genética (D_R), desequilibrio de ligamiento.

Evaluación fenotípica: en 4 ambientes bajo inoculación artificial (RTC).

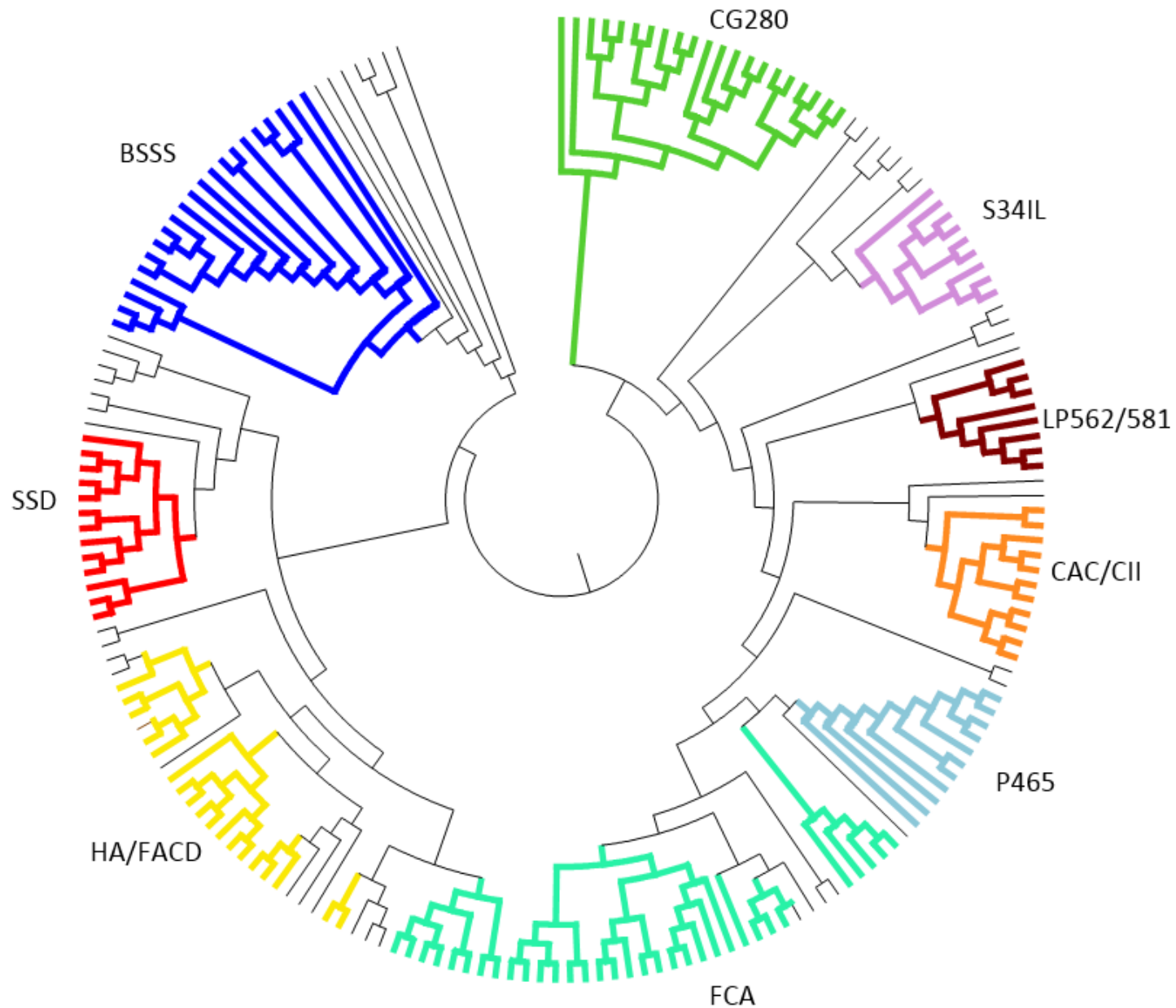


Mapeo por asociación: RTC a través de ambientes y por ambiente.

Estructura genética poblacional



La asignación en 9 subpoblaciones es la más consistente con la genealogía de las líneas y representa más adecuadamente la amplia diversidad de orígenes del panel.



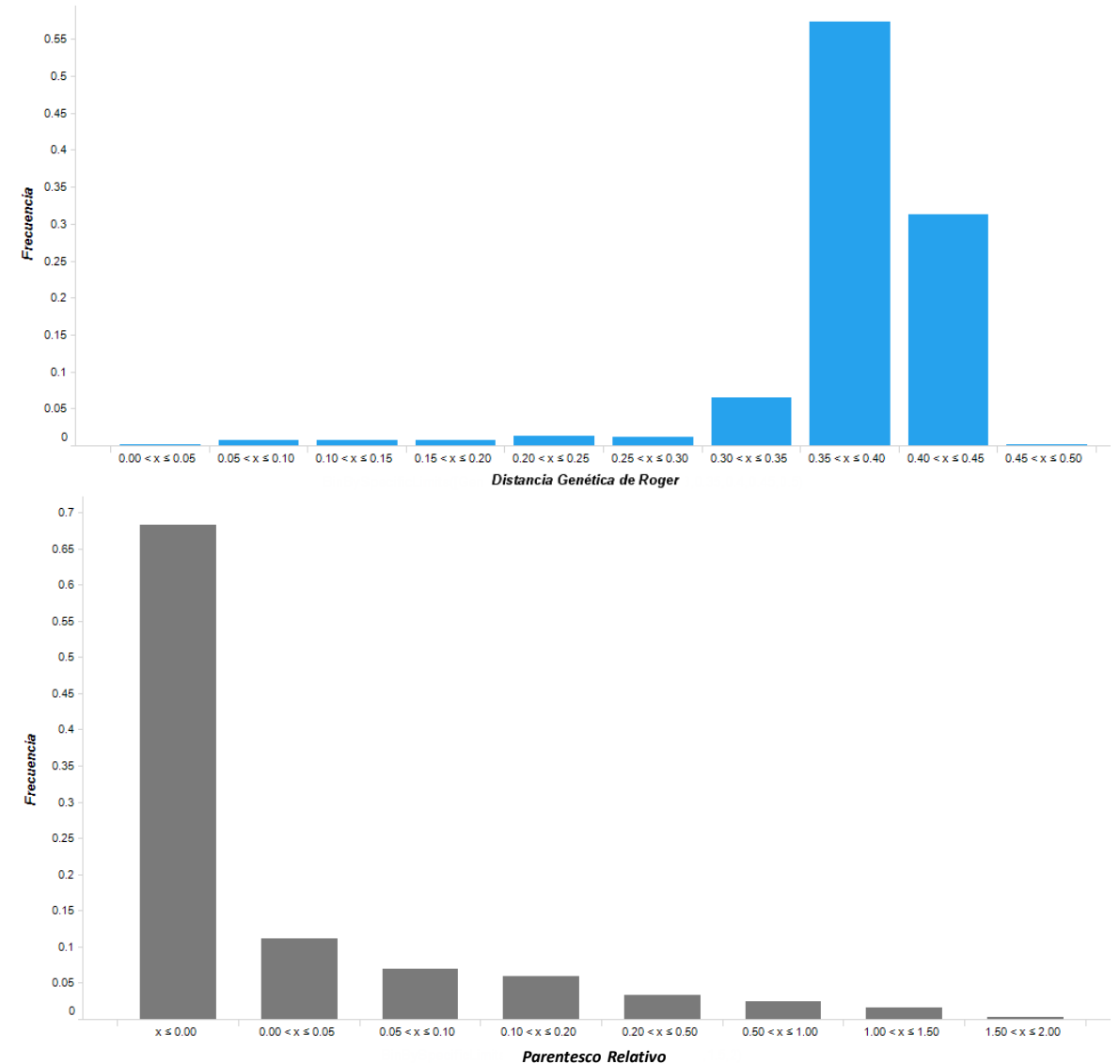
- En el dendrograma generado a partir de las distancias genéticas, las líneas evaluadas fueron separadas en dos ramas principales y cuatro grandes grupos, con subgrupos dentro de dos de ellos.
- Buena correspondencia con lo observado en lo observado previamente.

Distancia Genética y Parentesco Relativo

- D_R : >0,3 para el 95,1% de las comparaciones entre líneas.
- Parentesco relativo (K): 0 en la mayoría de las comparaciones (68,2%).

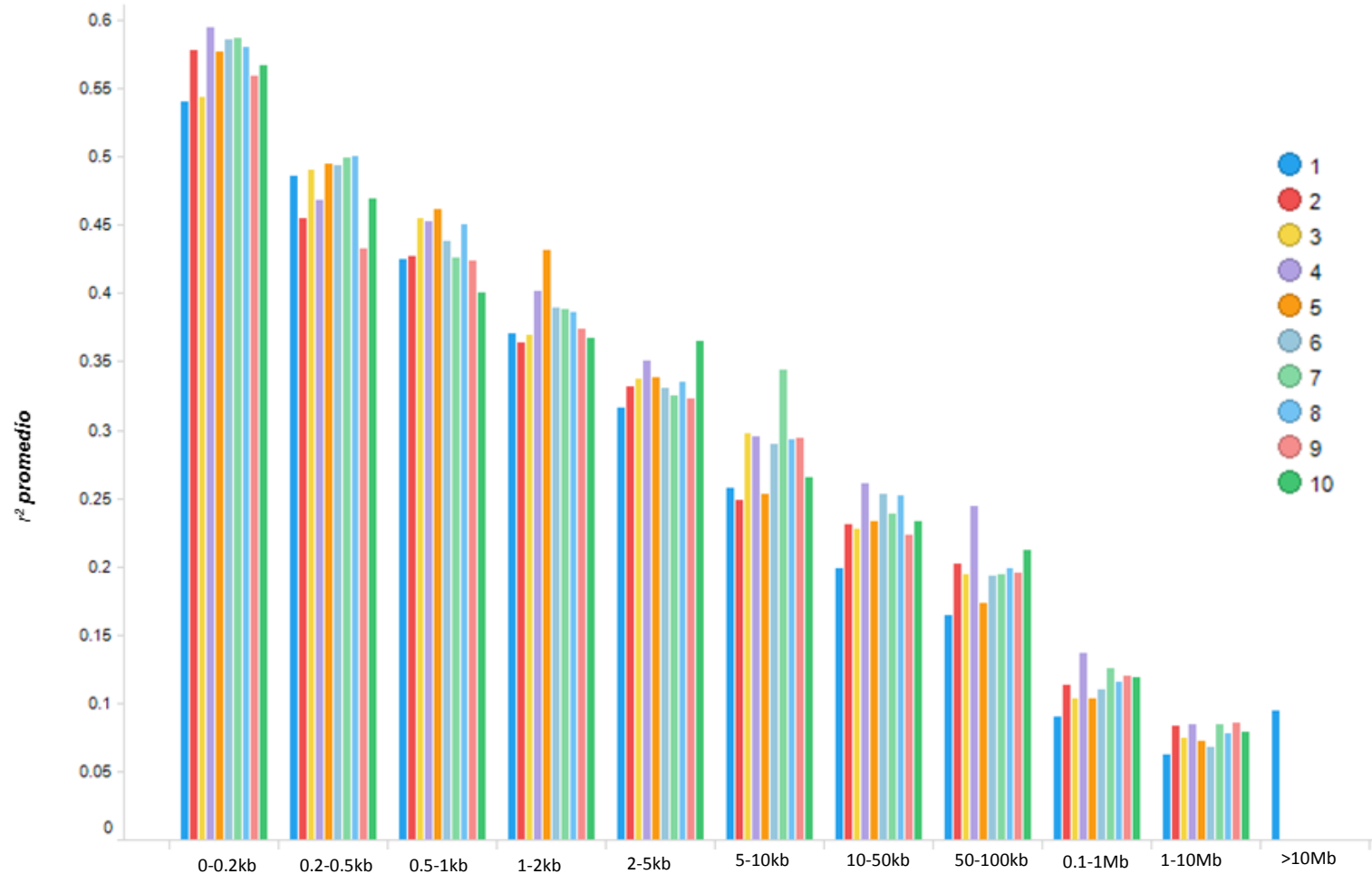


- **Baja redundancia** entre las líneas del panel.



Distribución de la distancia genética de Roger (D_R) y los coeficientes de parentesco relativo (K) calculados para cada par de las 191 líneas del panel a partir de 29.261 SNPs.

Desequilibrio de Ligamiento



Desequilibrio de ligamiento (r^2) promedio para cada cromosoma en diferentes rangos de distancia entre marcadores medido en 191 líneas de maíz con 36.665 SNPs. Diferentes colores indican cromosomas distintos.

Matriz 37k: un SNP cada 65,5kb.

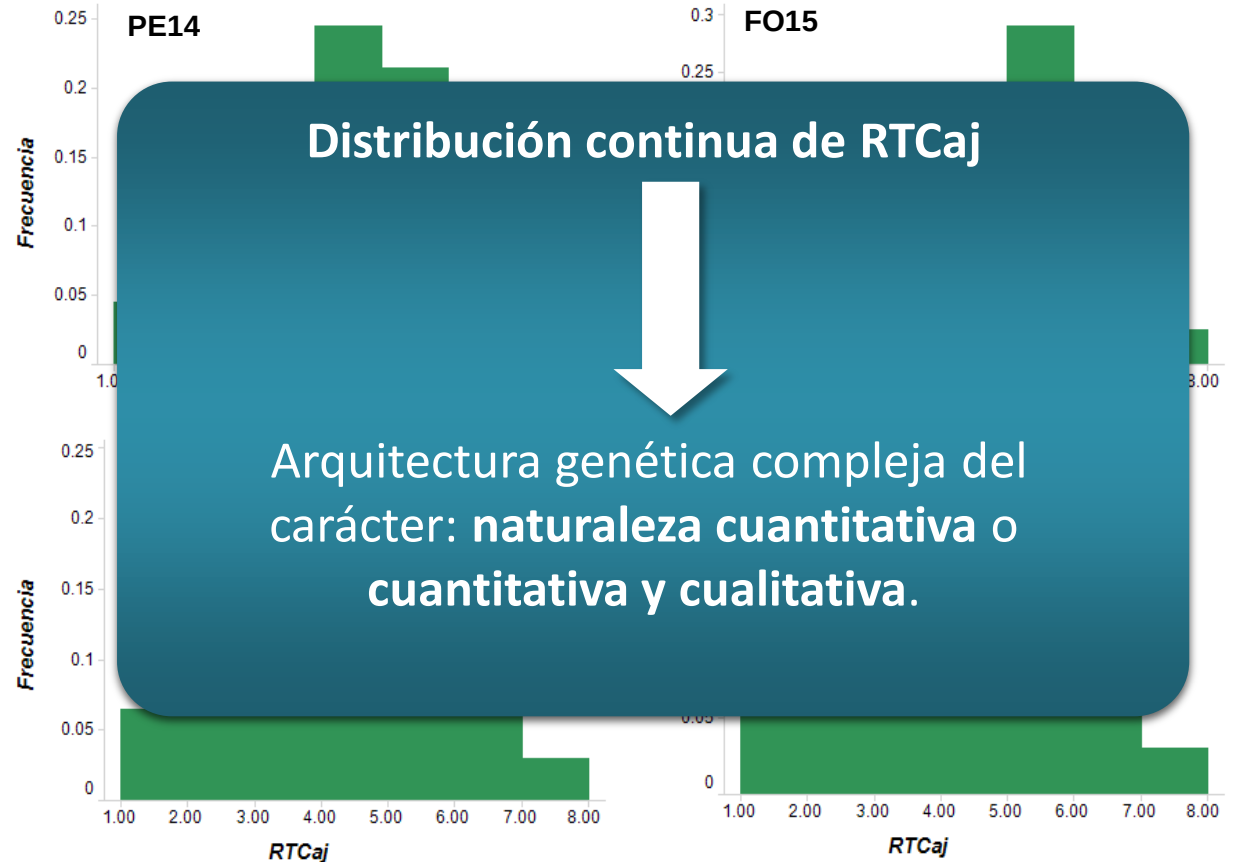
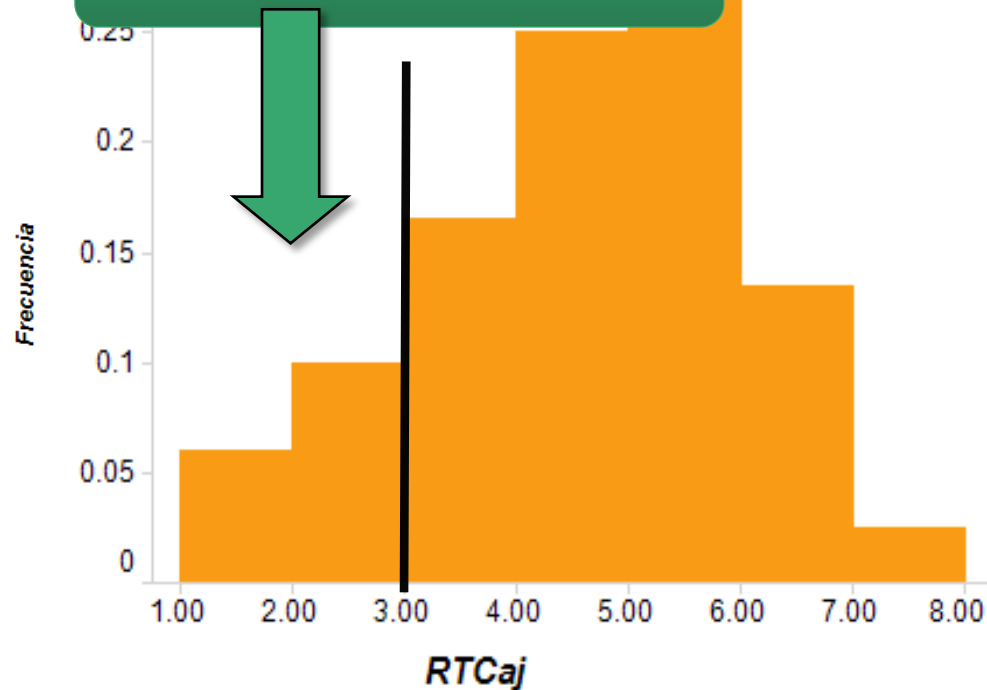
DL promedio para esta distancia fue de **0,18-0,24**.



Buena potencia para identificar sitios funcionales mediante MA.

Estudio del comportamiento frente al TC

32 genotipos de
excelente
comportamiento.



Distribución de las medias ajustadas de la respuesta frente a tizón (RTC) común de 200 líneas de maíz templado en cuatro ambientes

Medias ajustadas para la RTC

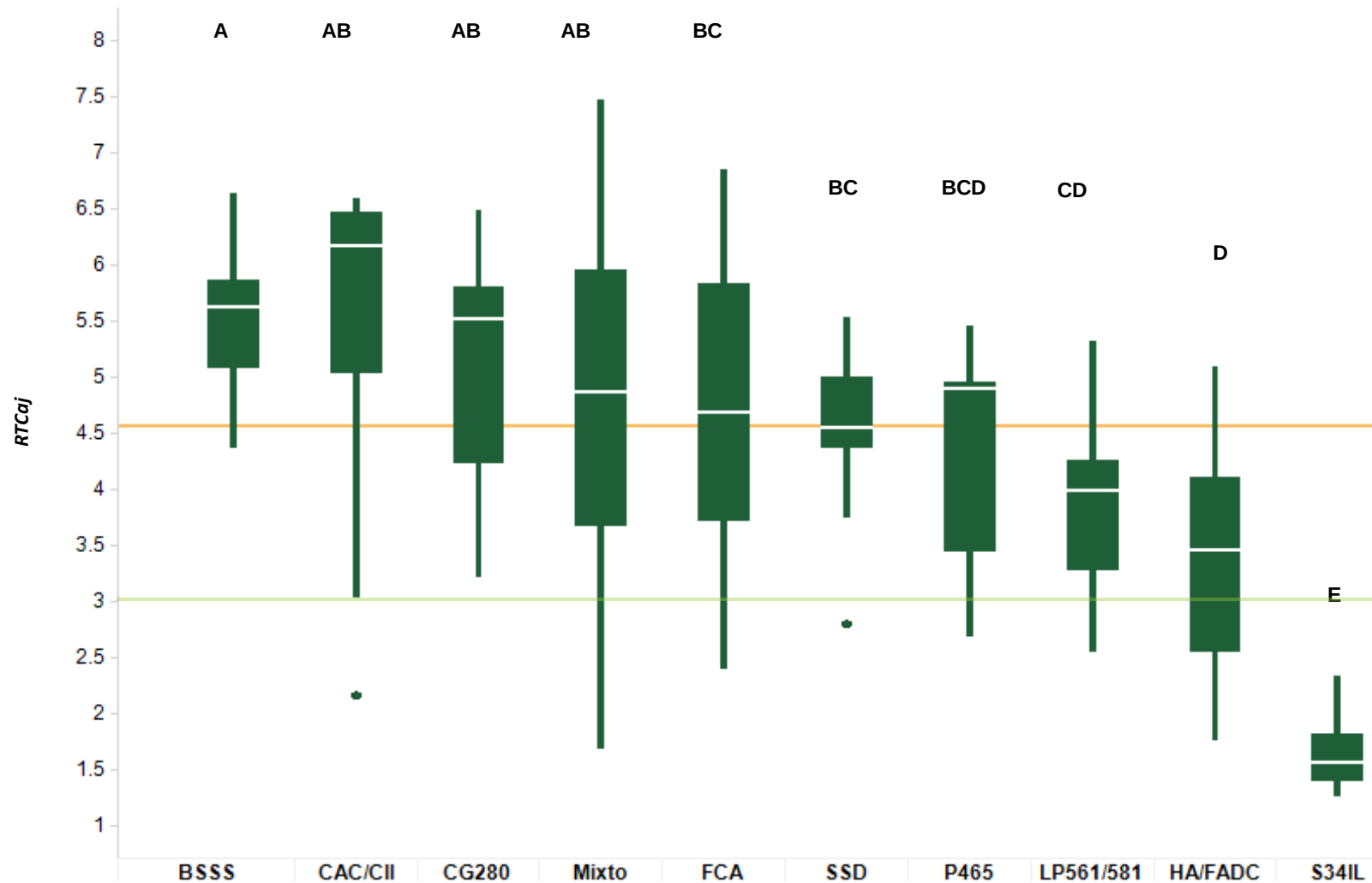
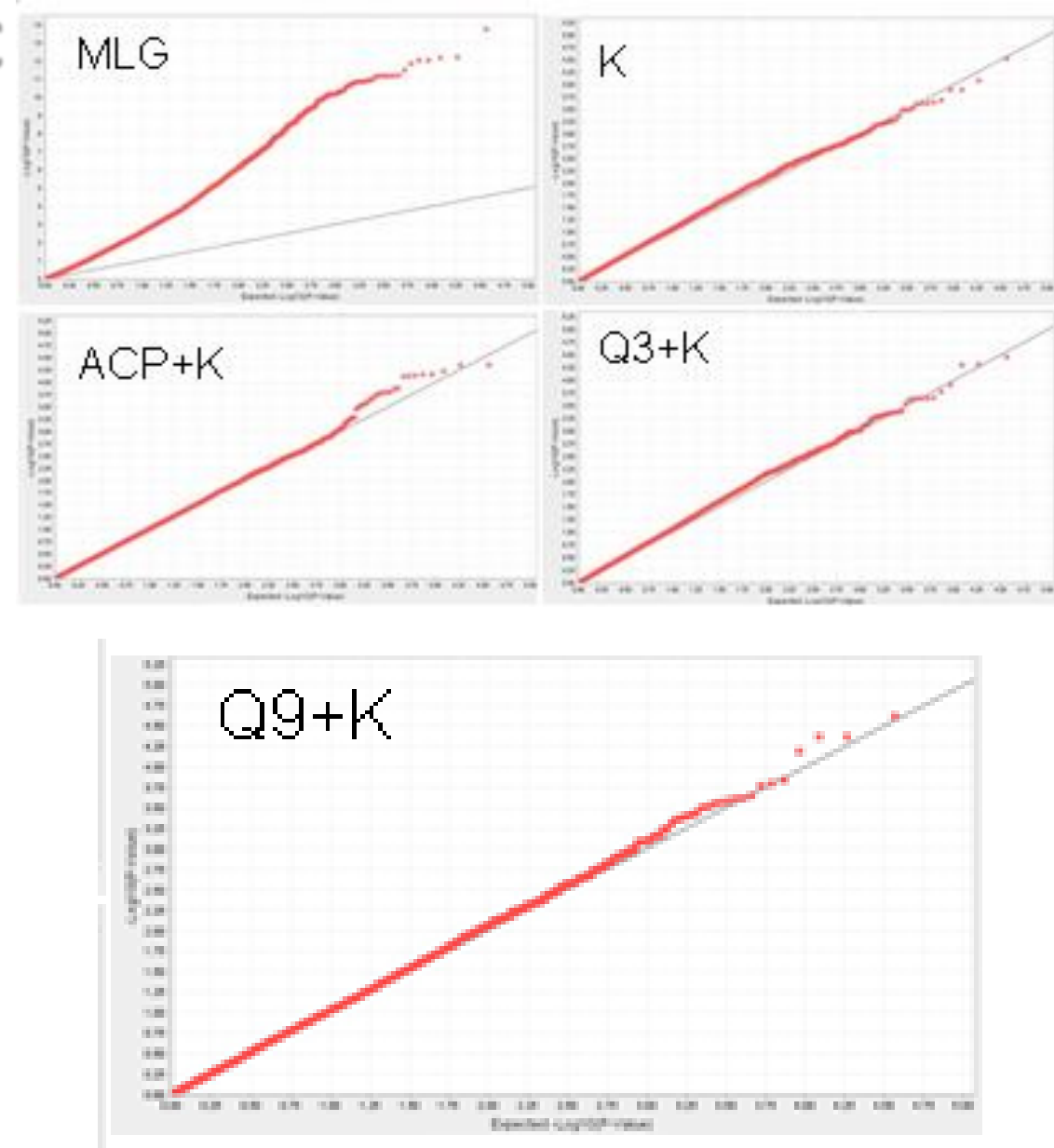


Gráfico de cajas para las medias ajustadas de la respuesta frente a tizón (RTCa) común de 200 líneas de maíz templado a través de 4 ambientes para diferentes poblaciones determinadas a partir del análisis de estructura poblacional.

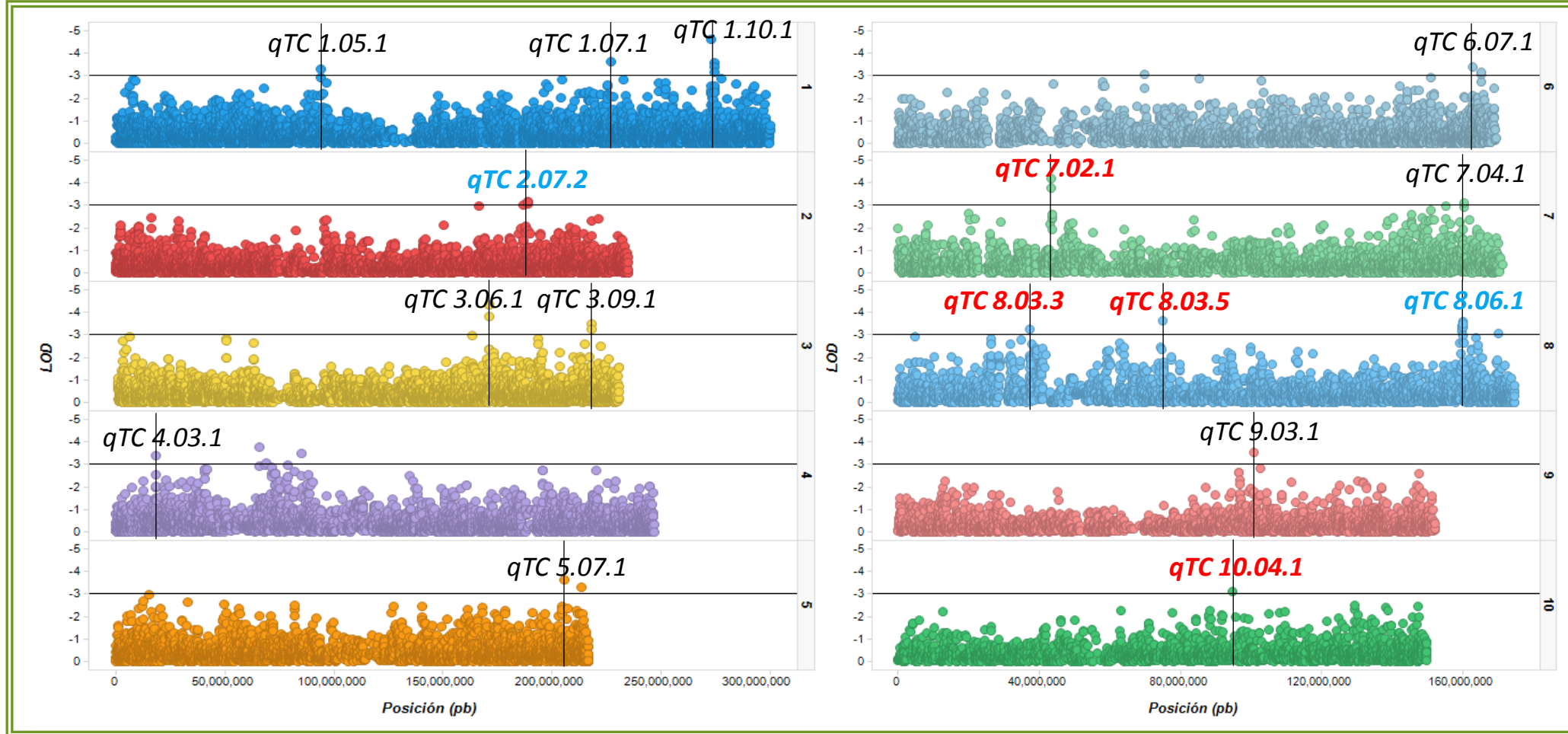
Estudio de GWAS para la resistencia al TC

Elección del modelo estadístico

- Importancia de implementar el modelo de GWAS correcto:
 - compleja estructura genética poblacional,
 - subpoblaciones difieren en la RTC,
 - patrones complejos de parentesco dentro de estos subgrupos.
- **Q9+K** fue seleccionado para el **GWAS**.



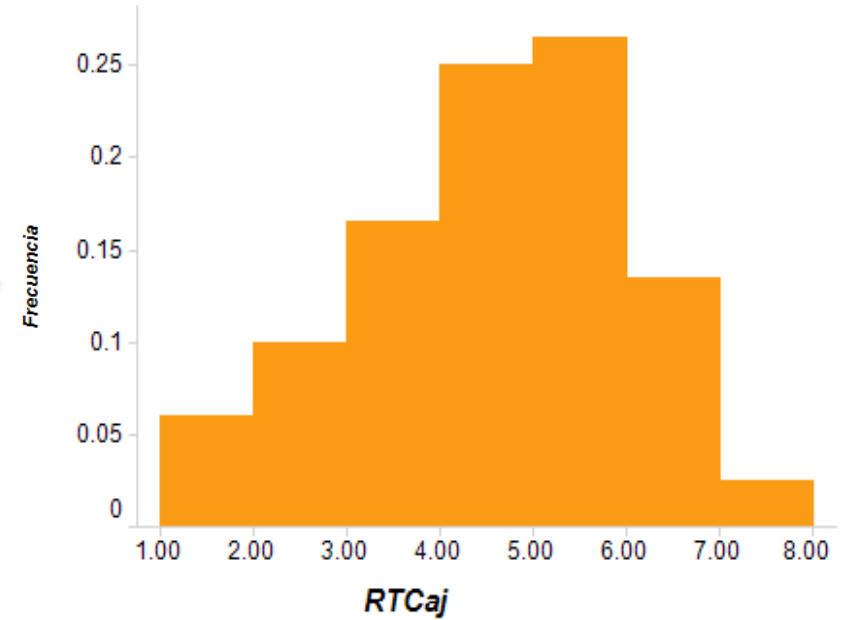
Resultados del GWAS



- **16 QTL estables:** altos ESA (0,8-2), alta prop. variación explicada (7-10%).
- **qTC 2.07.2** y **qTC 8.06.1** se encuentran en *bins* de genes mayores conocidos (*Ht1* y *Htn1*).
- Las regiones cromosómicas de **qTC 7.02.1**, **qTC 8.03.3**, **qTC 8.03.5** y **qTC 10.04.1** fueron informadas por primera vez en este estudio.

Código de Línea	RTCaj comb	qTC 1.05.1	qTC 1.07.1	qTC 1.10.1	qTC 2.07.2	qTC 3.06.1	qTC 3.09.1	qTC 4.03.1	qTC 5.07.1	qTC 6.07.1	qTC 7.02.1	qTC 7.04.1	qTC 8.03.3	qTC 8.03.5	qTC 8.06.1	qTC 9.03.1	qTC 10.04.1
LP178	1.68	NEG	NEG	NEG	POS	POS	-	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	POS
[Syn34IL]-143	1.82	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	-
[CII]-180	2.39	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS
[SynSD]-2189	2.80	NEG	NEG	NEG	POS	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	-
ZN6	3.37	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	POS	-
LP918	3.39	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	POS
[BSGA]-4119	3.48	POS	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS
[CDP]-649	3.72	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	POS
[AX882]-755	4.36	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS
[BS13]-30	4.37	NEG	NEG	NEG	POS	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	-
LPB2	4.42	NEG	NEG	NEG	NEG	-	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	NEG	POS
(LP611xLP613)-2	4.70	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS
LP612	5.46	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS
LP2542-1	5.73	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS
[BS13]-238	6.12	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	NEG	POS	POS	POS	POS	POS
(7310x7266)-52	6.32	NEG	POS	POS	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	-	POS	POS	NEG	NEG	POS
(LP199xLP122)-1332	6.51	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	NEG	POS
[BS13]-235	6.64	NEG	NEG	NEG	POS	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS	POS
[BSGA]-4092	6.85	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS	POS
[LP561xBS13]BS13]-5539	6.91	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS
LP2	7.47	NEG	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	NEG	NEG	NEG	NEG	POS	POS	POS	POS

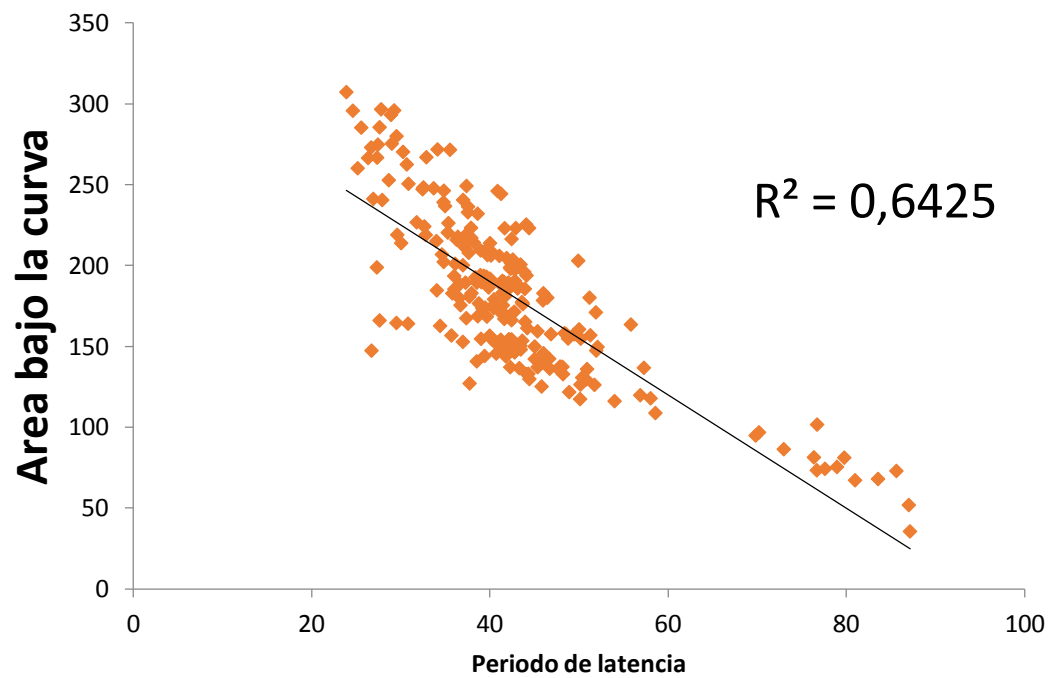
Detección de QTL



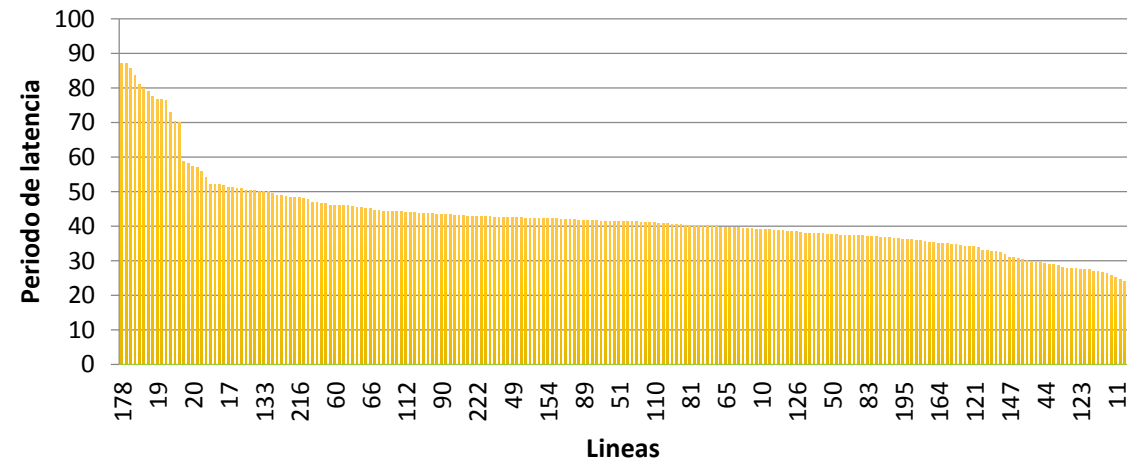
Frecuencias del alelo que confiere el mejor comportamiento: **9,2%** (*qTC* 1.05.1) a **94,2%** (*qTC* 8.03.3).

Estudio de los mecanismos de resistencia al TC

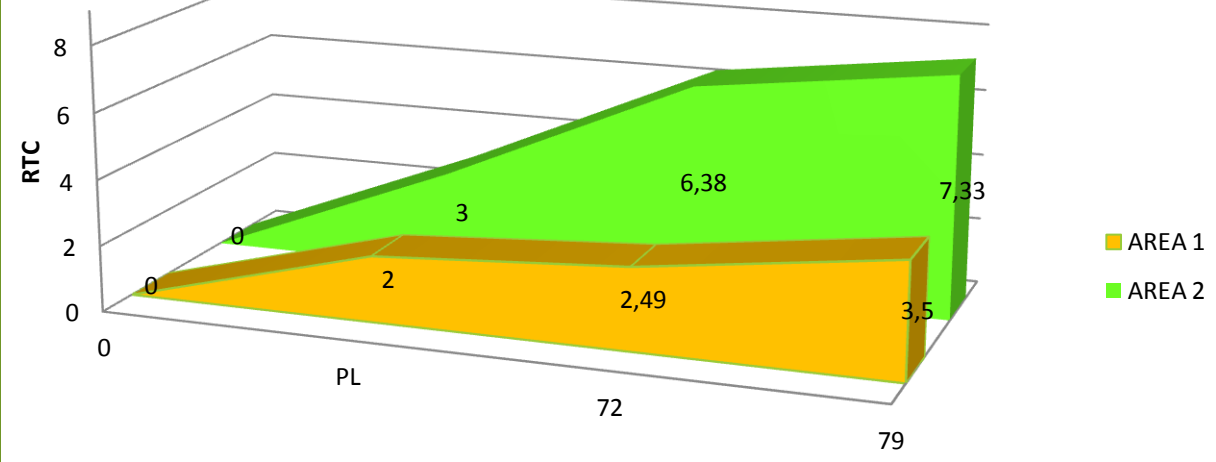
Area bajo la curva vs P. Latencia



Período de Latencia



Area bajo la curva



Relevancia de los resultados para el mejoramiento de la resistencia al TC

- El panel estudiado presenta una **amplia variabilidad genética** para la RTC. Identificación de **líneas públicas adaptadas a los ambientes templados** de nuestro país con **excelente comportamiento frente al TC**.
- Identificación de regiones genéticas asociadas a la resistencia al TC. Es esperable que los **QTL detectados presenten una respuesta estable en ambientes templados de la República Argentina** bajo infestación natural de la enfermedad.
- **Potencial de los QTL detectados en la mejora de la resistencia al TC** en germoplasma de la República Argentina, perteneciente al sector público o privado. Selección indirecta mediante marcadores moleculares:
 - en poblaciones segregantes (MAS),
 - durante la introgresión a materiales *elite* (MABC).
- Estrategia: generación de poblaciones segregantes dentro de cada grupo heterótico con el objetivo **generar líneas de excelente comportamiento con resistencia durable que apilen todos o gran parte de estos QTL**.

Siguientes pasos...

- Enfoque holístico >> generación de modelos de **predicción genómica**.
- Expansión del panel a 483 líneas.
- Variables fenológicas y respuesta a enfermedades:



Tizón Común

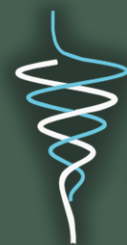


Roya Común



Virus Mal de
Rio Cuarto

¡Gracias!



ALAG

6 TO 9
OCTOBER

2019

MENDOZA, ARGENTINA

Genome
architecture:
its expression in
phenotypes
and populations

Agradecimientos:

Equipos de mejoramiento de maíz de INTA y Bayer

