

IDENTIFICACIÓN DE REGIONES GÉNICAS CANDIDATAS PARA RESISTENCIA MÚLTIPLE A ENFERMEDADES DE ESPIGA EN MAÍZ

Montenegro LD¹; Baricalla AA^{1,2}; Perdomo SI¹; Iglesias J^{1,3*}.

¹ Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Monteagudo 2772, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

² Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la provincia de Buenos Aires CITNOBA (UNNOBA - UNSAdA - CONICET), Monteagudo 2772, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

³ Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria-Estación Experimental Pergamino (INTA-EEA Pergamino), Av. Frondizi (Ruta 32) Km 4,5, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.

* iglesias.juliana@inta.gob.ar

Introducción

El maíz es afectado por *Fusarium verticillioides*, *Fusarium graminearum* y *Ustilago maydis*, que causan enfermedades de espiga y disminuyen la productividad y la calidad de los granos.



Fusarium verticillioides

Fusarium graminearum

Ustilago maydis

A la fecha actual no existen métodos de control químico que sean efectivos. Por lo tanto, el desarrollo de resistencia genética se presenta como una alternativa sustentable y durable.

El mapeo de asociación de genoma completo (GWAS = *Genome wide association mapping*) es una herramienta útil para identificar QTLs y/o regiones candidatas para resistencia a una o múltiples enfermedades (MDR = *multiple disease resistance*).

Objetivo del trabajo

Identificar regiones genómicas asociadas a MDR para *Fusarium verticillioides*, *Fusarium graminearum*, *Ustilago maydis*, en un panel de 63 líneas puras del Programa de Mejoramiento de Maíz Pergamino de EEA INTA, a través de un estudio GWAS.

Materiales y métodos

1) **Material genético:** 63 líneas endocriadas del Programa de Mejoramiento Genético de Maíz de la EEA INTA Pergamino.

2) **Fenotipado:**

***Fusarium verticillioides* y *F. graminearum*:** Infección artificial, 2 ambientes. Severidad de síntomas según una escala del 1-6.

Modelo Lineal General Mixto -valores BLUE de cada genotipo.

***Ustilago maydis*:** Bajo infección natural, 5 ambientes.

Se evaluó incidencia de la enfermedad (plantas enfermas/ N° total plantas por parcela).

Se ajustó una distribución binomial y se obtuvieron los valores BLUE de los genotipos.

3) **Análisis genotípico**

• Se llevó a cabo a partir del Chip MaizeSNP50 de Illumina: B73v5 como línea de referencia (Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0).

• Número final: 41.586 SNPs.

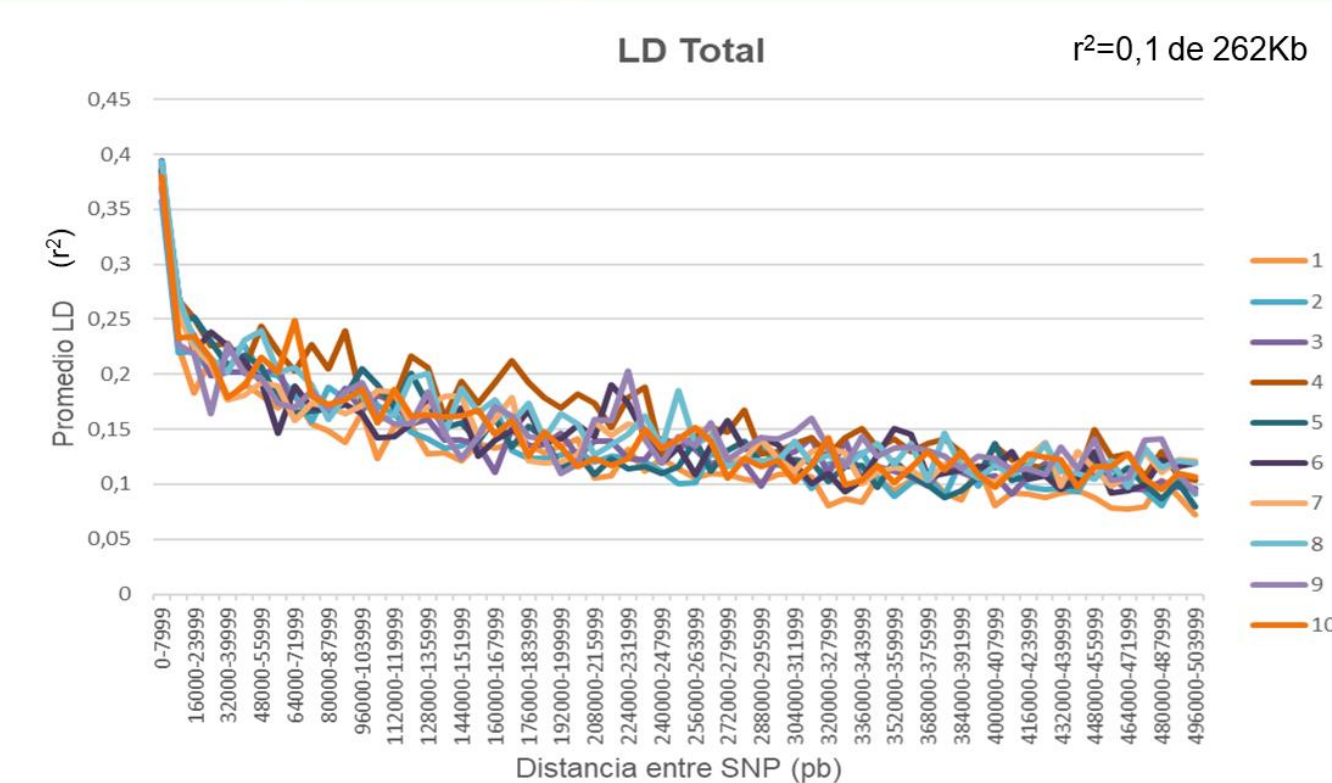
• Se usó TASSEL para realizar el GWAS y el cálculo del desequilibrio por ligamiento (DL). Estructura: MLM (Q+K).

Resultados

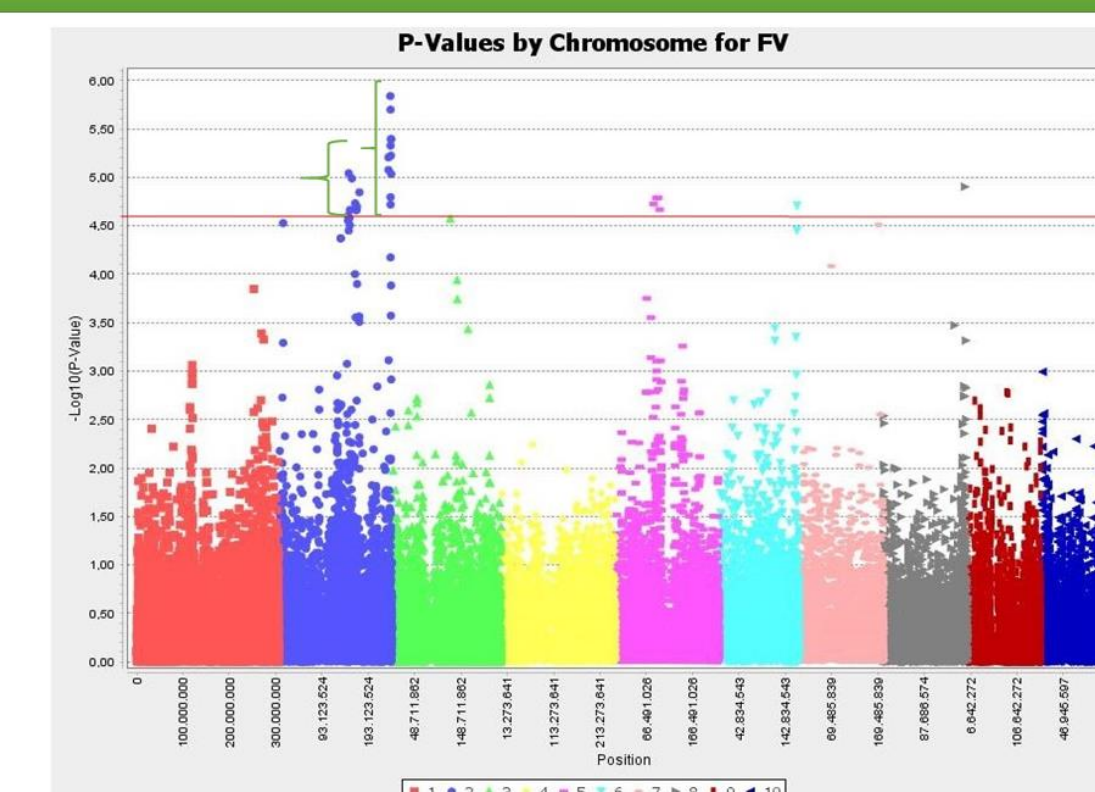
El GWAS permitió identificar 49 SNPs significativos ubicados en 21 segmentos cromosómicos (bins), con regiones génicas que codifican moléculas implicadas en vías de reconocimiento de patógenos y defensa.

DL $r^2=0,1$ de 262Kb

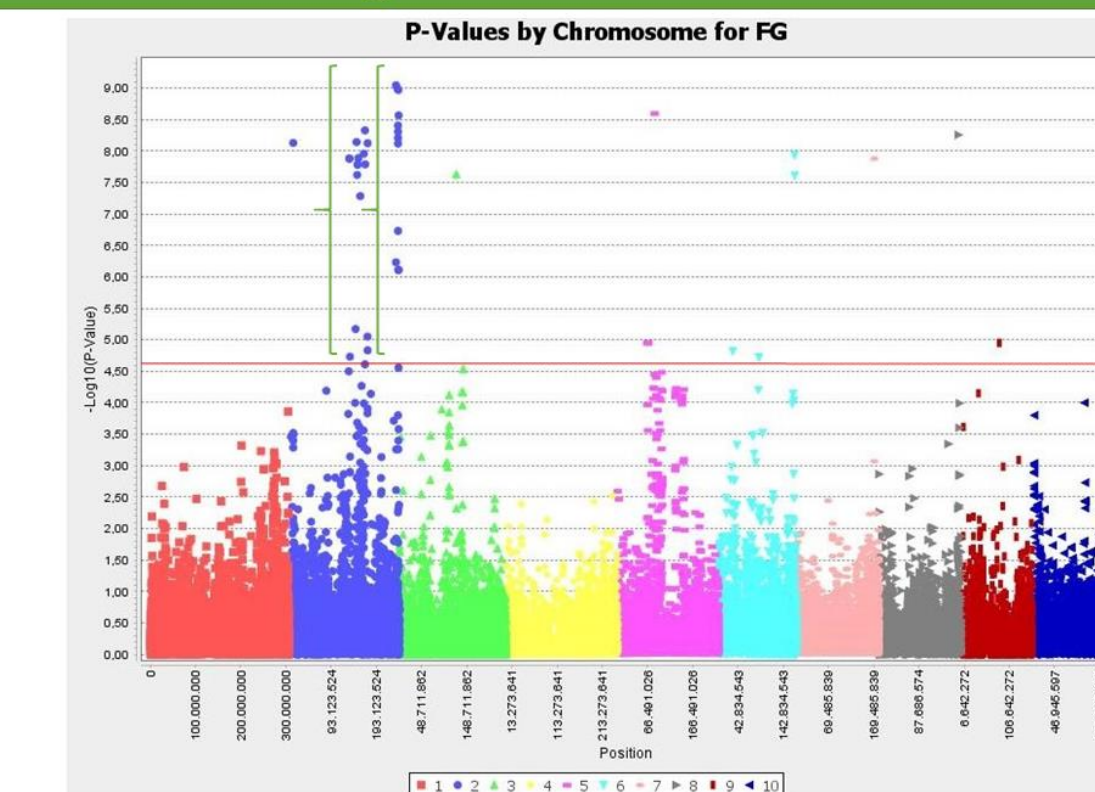
Resultados Desequilibrio de Ligamiento



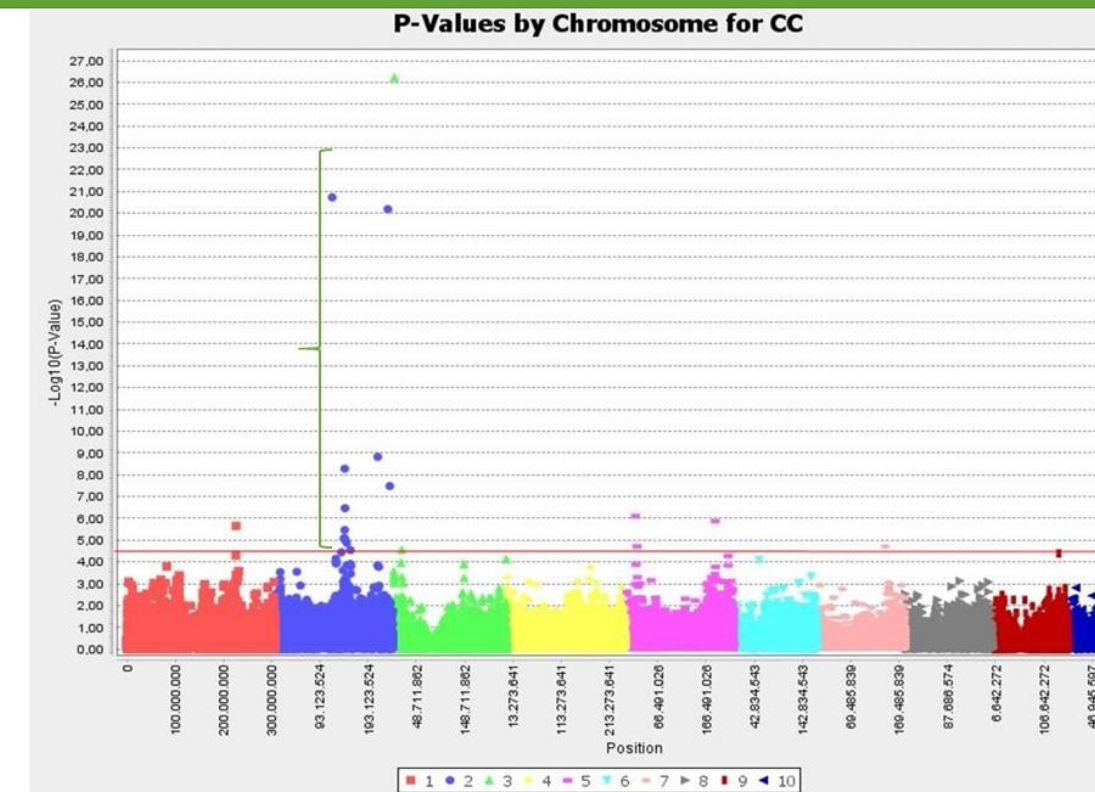
Resultados Asociación *F. verticillioides*



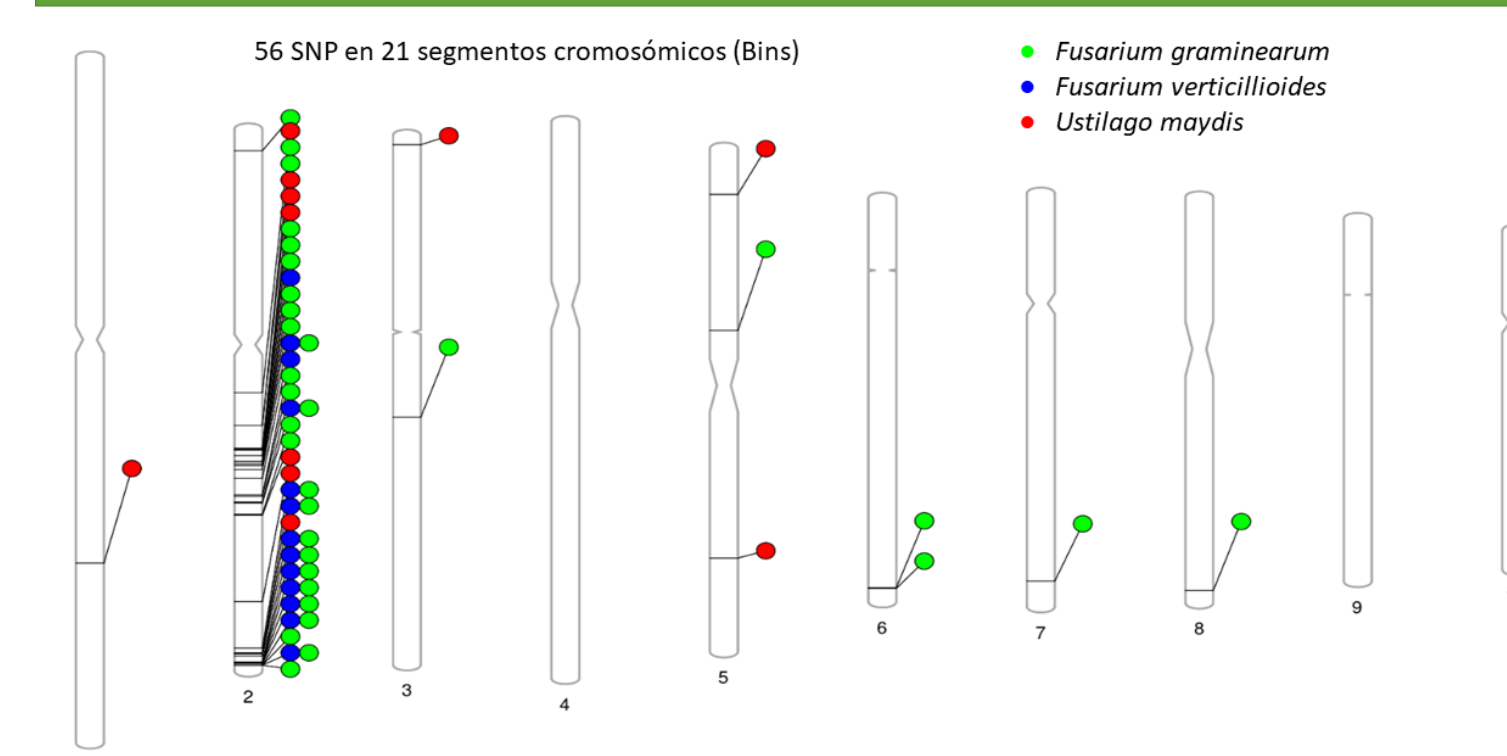
Resultados Asociación *F. graminearum*



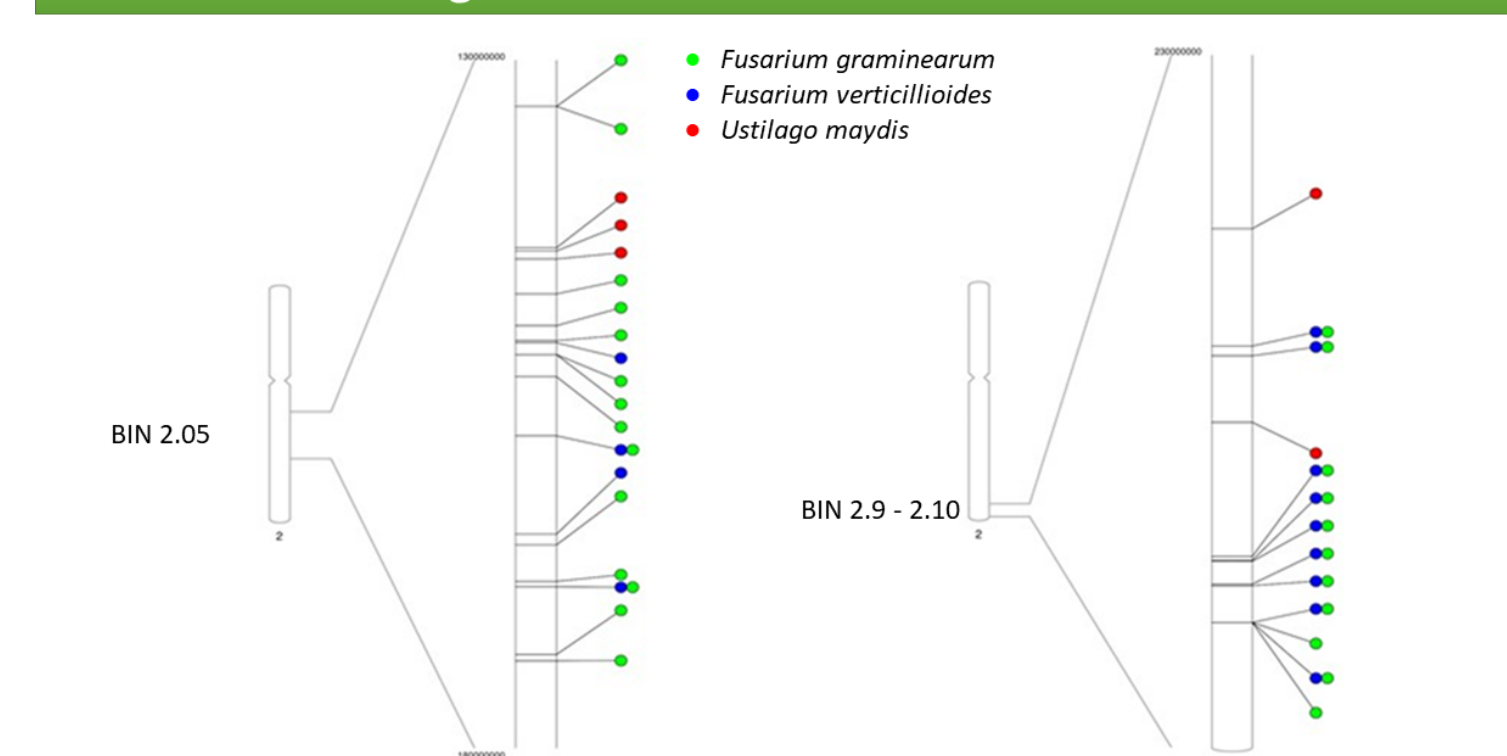
Resultados Asociación *Ustilago maydis*



Resultados SNPs significativos



Resultados SNPs significativos



Conclusiones

Este trabajo destaca dos regiones génicas de MDR a los 3 patógenos considerados (bins 2.05 y 2.09)

Ningún estudio previo encontró regiones comunes para estas enfermedades y es la primera vez que se explora la MDR de espiga en germoplasma argentino y en el mundo.

Los resultados obtenidos a partir de este trabajo nos permitirán ahondar en el conocimiento de estos patosistemas y contar con más herramientas para contribuir a reducir pérdidas económicas y a desarrollar variedades de maíz genéticamente resistentes.

Financiamiento: Programa de Promoción de la Investigación Científica de la UNNOBA- EXP 2691/2019 Resol. N° 1002/2019; Proyecto INTA 2019-PE-E6-1114-072