



# MAÍZIFICANDO CONCIENCIA

XII CONGRESO NACIONAL DE MAÍZ

Eje

## Genética y mejoramiento

8, 9 y 10 de Noviembre  
Pergamino, BA  
UNNOBA



Secretaría de Agricultura,  
Ganadería y Pesca  
Ministerio de Economía  
Argentina

20  
22





# CARACTERIZACIÓN DE LA RESISTENCIA A TIZÓN COMÚN, ROYA COMÚN Y MAL DE RÍO CUARTO EN GERMOPLASMA TEMPLADO ARGENTINO DE MAÍZ

**Torrent I<sup>1</sup>; Presello DA<sup>2</sup>; Rodríguez GR<sup>3</sup>; Velazco JG<sup>1</sup>; Roig J<sup>1</sup>; Lorea RD<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Hybrid Breeding, Bayer Argentina; <sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); <sup>3</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agraria, Universidad Nacional de Rosario (UNR).  
[ignacio.torrent@bayer.com](mailto:ignacio.torrent@bayer.com)

## CHARACTERIZATION OF THE RESISTANCE TO NORTHERN LEAF BLIGHT, COMMON RUST, AND 'MAL DE RIO CUARTO' VIRUS IN TEMPERATE ARGENTINIAN CORN GERMPLASM

### Abstract

Northern leaf blight (NLB), common rust (CR) and 'mal de Rio Cuarto' virus (MRC) are the most relevant corn diseases in temperate environments in Argentina. The objective of this study was to characterize the genetic variability of the reaction to NLB, CR and MRC in a set of 484 lines developed by INTA Temperate Corn Breeding Program. The evaluation of these lines in multiple environments showed a large genetic variation for the response to the three diseases. For NLB and CR, we observed high ( $>0,76$ ) and significant ( $p<0,001$ ) correlation between environments and high broad sense heritabilities (0,94 and 0,96, respectively). For MRC, we observed moderate to high (0,44-0,77) and significant ( $p<0,001$ ) values of correlation between environments and moderate broad sense heritability (0,56). Several lines with excellent and stable response to these diseases were identified in this study, which presents great potential for breeding for NLB, CR and MRCV resistance. In addition, this work represents a key initial step in the development of genomic prediction models for early selection in breeding populations by INTA Temperate Corn Breeding Program



## Introducción

Las enfermedades causadas por factores bióticos se encuentran entre las principales limitantes al rendimiento del cultivo de maíz a nivel mundial. Entre las enfermedades presentes en la región productiva templada de nuestro país, el tizón común (TC), la roya común (RC), y el mal de Río Cuarto (MRC) son las de mayor relevancia económica debido a su severidad, incidencia y distribución geográfica (Bonamico *et al.*, 2012; Couretot *et al.*, 2013).

El TC es una enfermedad foliar fúngica que se encuentra diseminada por toda la zona maicera, cuya intensidad ha crecido asociada a la amplia adopción de fechas de siembra tardías, que provocan que el período de desarrollo del cultivo coincida con condiciones climáticas favorables para el desarrollo del patógeno (De Rossi *et al.*, 2016). Infecciones de TC en materiales susceptibles pueden provocar pérdidas de rendimiento de más del 50%. Por su parte, la RC es una enfermedad foliar fúngica endémica de la zona maicera templada argentina que se presenta anualmente con diferentes niveles de severidad (Gonzalez *et al.*, 2011), pudiendo causar pérdidas de rendimiento superiores al 20% (Formento, 2010). Por último, el MRC es causado por el virus de mal de Río Cuarto y transmitido por medio del insecto vector *Delphacodes kuscheli*, el cual constituye el principal inóculo de la enfermedad (Ornaghi *et al.*, 1993). Este virus puede provocar múltiples alteraciones a la planta como acortamiento de entrenudos, recortado de hojas y atrofiamiento de espigas y panojas, habiéndose registrado pérdidas de rendimiento superiores al 70% en lotes con alta incidencia (Laguna *et al.*, 2000).

Numerosos estudios para la resistencia a TC y RC sugieren una arquitectura genética compleja, con QTL de efecto menor dispersos a lo largo del genoma, así como regiones de efecto mayor, generalmente asociadas a la resistencia a razas específicas (Chen *et al.*, 2016; Chung *et al.*, 2010; Ogliari *et al.*, 2007; Olukolu *et al.*, 2016; Poland *et al.*, 2011; Torrent, 2019; Wisser *et al.*, 2006; Zheng *et al.*, 2018). Por otro lado, la resistencia al MRC ha sido reportada como de naturaleza poligénica, con múltiples loci de efecto bajo a moderado distribuidos a lo largo del genoma (Bonamico *et al.*, 2012; Di Renzo *et al.*, 2004; Kreff *et al.*, 2006; Rossi *et al.*, 2019). Dentro de este contexto la predicción genómica es una herramienta que permitiría integrar los múltiples loci asociados a la respuesta a estas enfermedades de manera efectiva para su selección en base a marcadores moleculares en un programa de mejoramiento (Meuwissen *et al.*, 2001).

Desde 1992 INTA y empresas productoras de semillas de maíz de Argentina conforman el Convenio de Vinculación Tecnológica INTA-SEMILLEROS (CVT), cuyo principal objetivo es la producción de líneas endocriadas para ser utilizadas por estas empresas y el INTA con diversos objetivos, tales como la incorporación de características agronómicas específicas, fuente de variabilidad en la generación de nuevas poblaciones de mejora o para su utilización directa en forma comercial. El presente trabajo, enmarcado dentro este CVT, tiene como objetivo caracterizar la variabilidad genética existente para las respuestas frente a TC, RC y MRC en un panel diverso de líneas endocriadas desarrolladas por el Programa de Mejoramiento de Maíz Templado de la Estación Experimental Agropecuaria (EEA) INTA Pergamino como un paso inicial para el desarrollo de modelos de predicción genómica para estos caracteres.



## Materiales y métodos

El material vegetal de este trabajo consiste en 484 líneas de maíz desarrolladas para su adaptación a los ambientes templados de la República Argentina que representan ampliamente la diversidad genética presente en el Programa de Mejoramiento de Maíz Templado de la EEA INTA Pergamino. Para evaluar la respuesta frente a TC, RC y MRC de este panel, se realizaron ensayos a campo durante las campañas 2019/20, 2020/21 y 2021/22 en la Estación Experimental de Bayer Argentina en Fontezuela, Buenos Aires y en la Estación Experimental de Bayer Argentina en Las Vertientes, Córdoba (Tabla 1). En los ensayos en donde se evaluó la respuesta a enfermedades fúngicas se realizó inoculación artificial con el patógeno y se utilizaron fechas de siembra que favorecieran la presencia de condiciones ambientales predisponentes para el desarrollo de la enfermedad a evaluar. Los ensayos de evaluación de la respuesta a MRC se situaron en Las Vertientes, localidad situada dentro del área en el cual la enfermedad se considera endémica.

Localidad	Campaña	Lat.	Long.	Ambiente	Parcela	F. S.	F.E.	Obj.	Irrig.	Inoc.	# Rep.
Las Vertientes, Córdoba	19/20	33°21' S	64°34'O	MRC_2019_1	2 surcos x 3m	31-oct.	22-ene.	MRC	Sí	No	2
Fontezuela, Buenos Aires	19/20	33°53' S	60°26'O	RC_2019_1	1 surco x 2m	9-nov.	5-feb.	RC	Sí	Sí	2
Fontezuela, Buenos Aires	19/20	33°53' S	60°26'O	TC_2019_2	1 surco x 2m	3-ene.	5-abr.	TC	Sí	Sí	2
Fontezuela, Buenos Aires	20/21	33°53' S	60°26'O	RC_2020_1	1 surco x 2m	16-oct.	22-ene.	RC	Sí	Sí	2
Fontezuela, Buenos Aires	20/21	33°53' S	60°26'O	RC_2020_2	1 surco x 2m	3-nov.	19-feb.	RC	Sí	Sí	2
Las Vertientes, Córdoba	20/21	33°21' S	64°34'O	MRC_2020_1	2 surcos x 3m	6-nov.	4-feb.	MRC	Sí	No	2
Las Vertientes, Córdoba	20/21	33°21' S	64°34'O	MRC_2020_2	2 surcos x 3m	20-nov.	20-feb.	MRC	Sí	No	2
Fontezuela, Buenos Aires	21/22	33°53' S	60°26'O	RC_2021_1	1 surco x 2m	12-oct.	15-ene.	RC	Sí	Sí	2
Las Vertientes, Córdoba	21/22	33°21' S	64°34'O	MRC_2021_2	2 surcos x 3m	16-nov.	14-feb.	MRC	Sí	No	2
Fontezuela, Buenos Aires	21/22	33°53' S	60°26'O	TC_2021_2	1 surco x 2m	28-dic.	10-abr.	TC	Sí	Sí	2

**Lat, Long:** coordenadas de la posición central de la estación experimental donde se localizó el ensayo; **Parcela:** se indica el número de surcos por parcela y el largo del surco en metros; **Ambiente:** identificador del ensayo; **F.S.:** fecha de siembra; **F.E.:** fecha de evaluación, **Obj:** objetivo del ensayo, MRC (evaluación para mal de Rio Cuarto), RC (Roya Comun), TC (Tizon); **Inoc.:** inoculación artificial con el patógeno objetivo; **# Rep:** número de repeticiones en cada experimento.

Tabla 1 . Ambientes y características de los experimentos a campo realizados para la evaluación fenotípica de las 484 líneas templadas de maíz.

La respuesta a TC y CR (RTC y RCR, respectivamente) de cada genotipo fue evaluada a nivel de parcela con una escala de 1 (muy resistente) a 9 (muy susceptible) basada en la severidad foliar en planta entera (Fig. 1). Para evaluar la respuesta a MRC se clasificaron todas las plantas de cada parcela según el nivel de severidad de la enfermedad utilizando la escala de cuatro grados propuesta por Ornaghi et al. (1999). En base estas mediciones, se calculó el índice de severidad de la enfermedad (MRC\_ISE; Bomanico et al., 2013) por parcela, como:

$$MRC_{ISE} = \sum_{i=0}^3 \left( \frac{\text{grado } i \times \text{n}^{\circ} \text{ plantas en el grado}}{\text{n}^{\circ} \text{ total plantas} \times 3} \right) \times 100$$

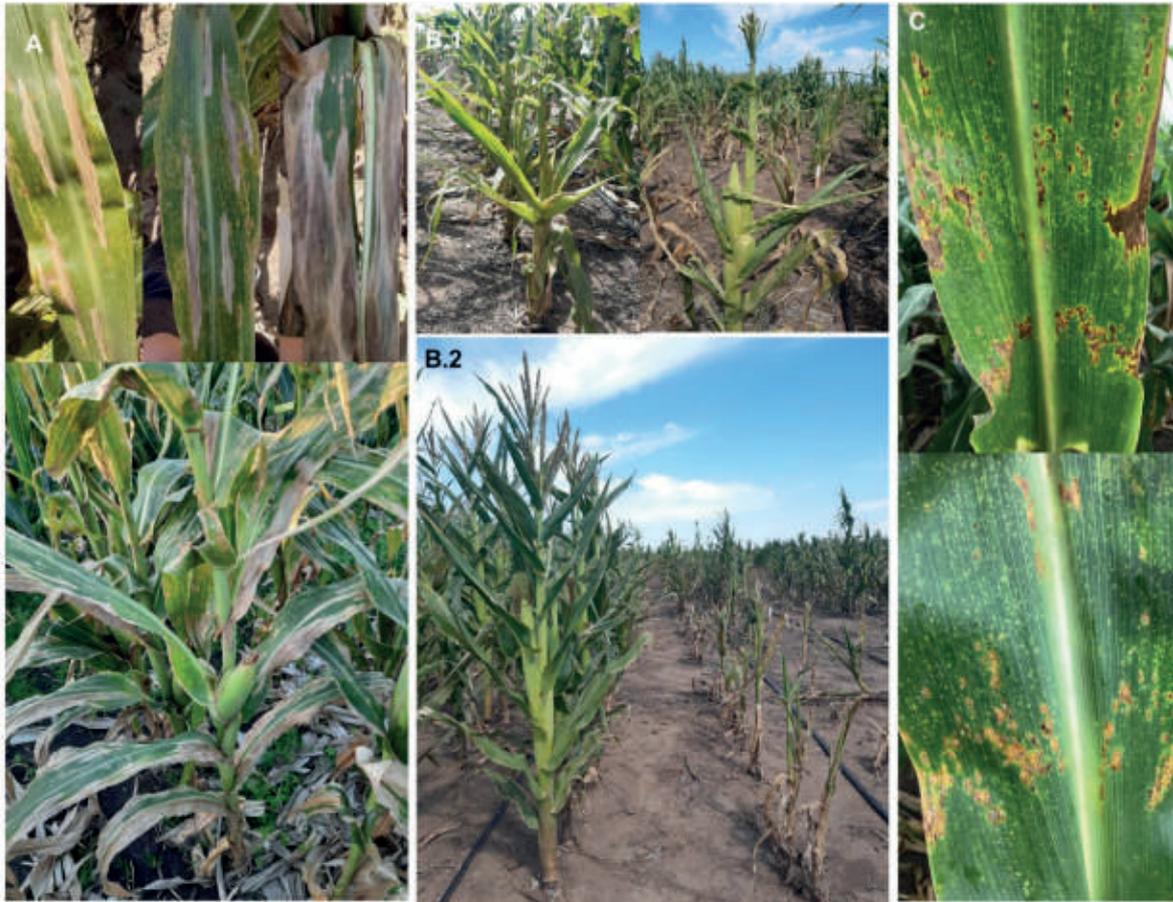
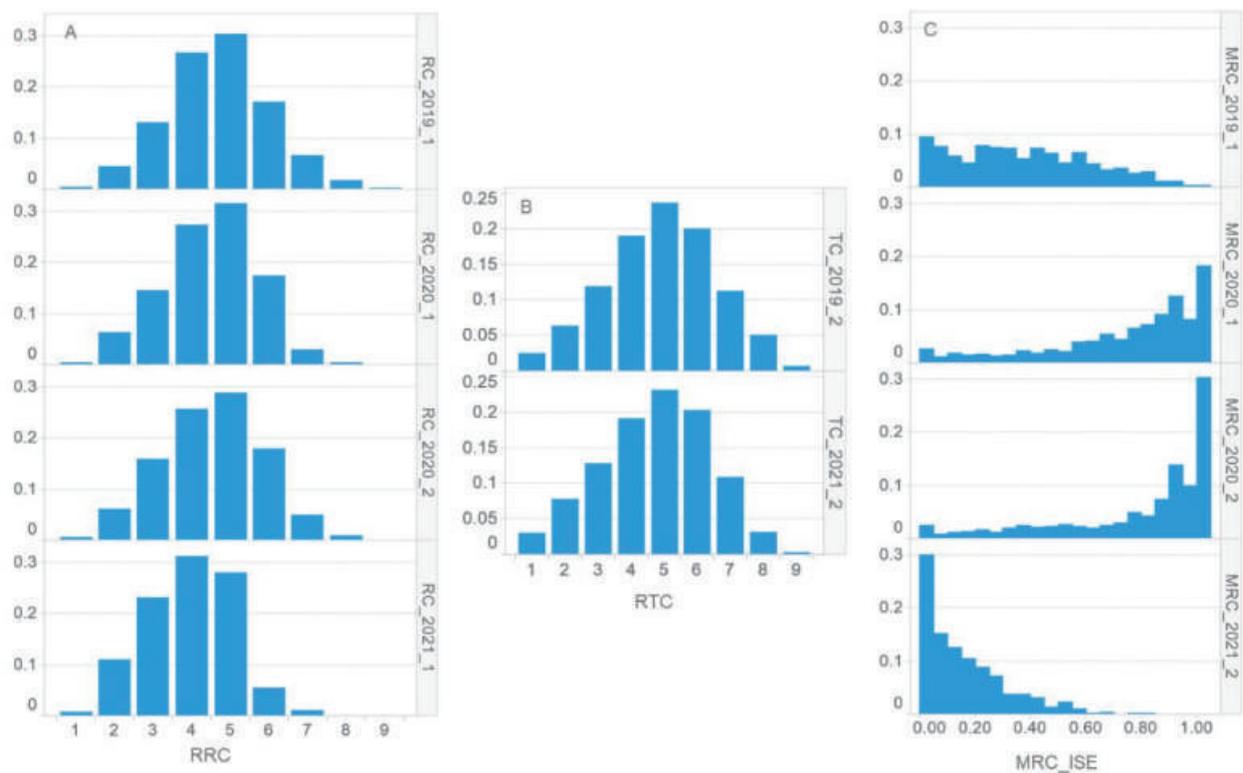


Figura 1 – Imágenes de síntomas observados en los ensayos a campo realizados para la evaluación de la respuesta de 484 líneas de maíz. A: tizón común, B.1: síntomas severos de mal de Río Cuarto, B.2: respuesta a de mal de Río Cuarto de genotipo resistente (izquierda) y susceptible (derecha); C: roya común.

Los componentes de variancia y BLUPs para la RTC, RCR y MRC\_ISE fueron estimados utilizando un modelo lineal mixto con genotipo y ambiente como efectos aleatorios. En base a las variancias resultantes, se calculó la heredabilidad en sentido amplio para las variables estudiadas (Holland et al., 2003).

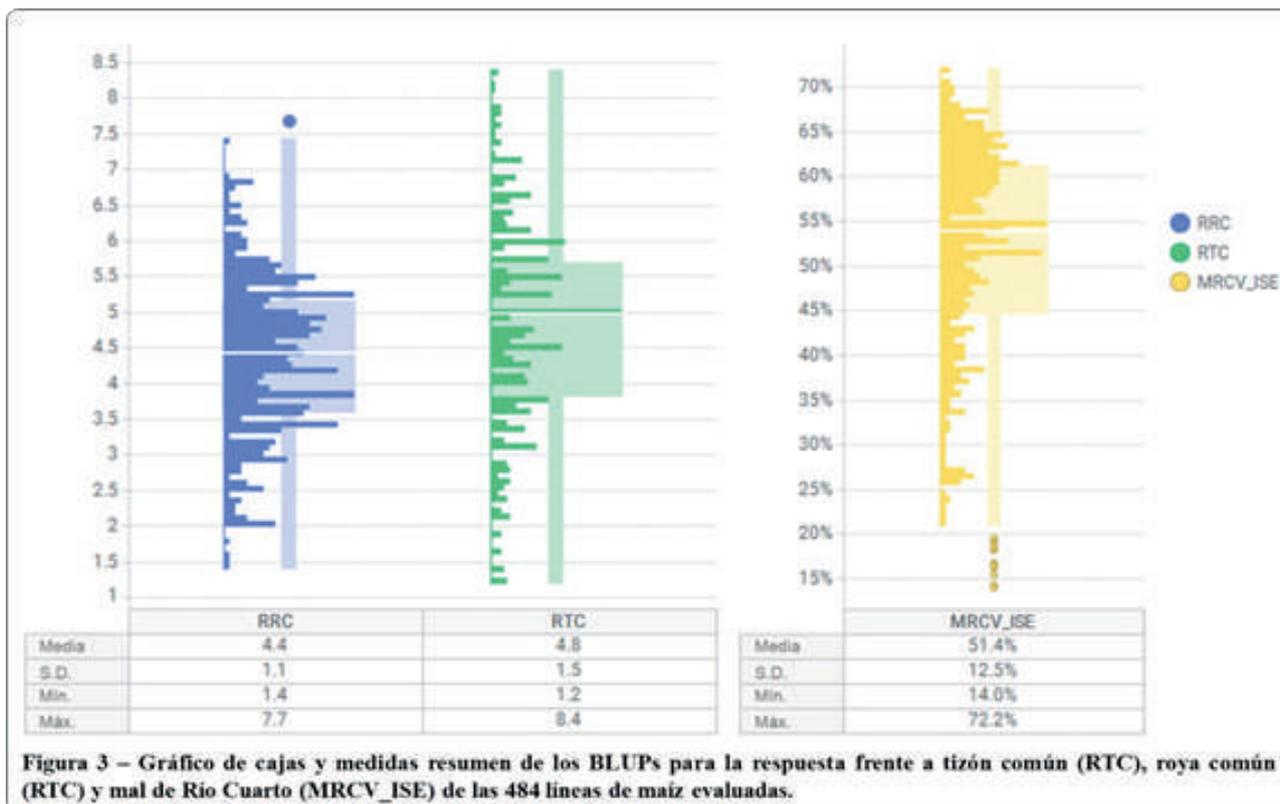
## Resultados y discusión

Los valores de la RRC, RTC y MRC\_ISE observados mostraron un amplio rango en los ambientes evaluados, lo que indica que la presión del patógeno en ellos fue discriminante y que la variabilidad fenotípica para los caracteres en el panel de líneas estudiado fue alta (Fig. 2). Los coeficientes de correlación de Pearson entre pares de ambientes oscilaron entre 0,76 y 0,90 para RRC y fue de 0,88 entre los dos ambientes evaluados para RTC, siendo estadísticamente significativos en todos los casos ( $p < 0,001$ ) e indicando una alta consistencia a través de los ambientes en la respuesta frente a estas enfermedades para las líneas evaluadas. En el caso de MRC\_ISE, estos coeficientes fueron estadísticamente significativos en todos los casos ( $p < 0,001$ ) y oscilaron entre 0,44 y 0,77, evidenciando mayores diferencias en la respuesta frente a MRC entre ambientes, lo que podría ser producto de las diferencias entre presión de la enfermedad entre ambientes.



**Figura 2 – Distribución de respuesta frente a roya común (RRC; A), tizón común (RTC; B) e índice de severidad de la enfermedad de mal de Río Cuarto (MRC\_ISE; C) en cada ambiente resultante de la evaluación de 484 líneas de maíz.**

Las heredabilidades en sentido amplio para la RRC, RTC y MRC\_ISE calculadas a partir de las variancias resultantes del modelo mixto implementado fueron de 0,96, 0,94 y 0,56, respectivamente. Los BLUPs resultantes del modelo oscilaron entre 1,4 y 7,7 para la RRC, entre 1,2 y 8,4 para la RTC y entre 14,0% y 72,2% para el MRCV\_ISE, mostrando una extensa variabilidad genética para estos caracteres en el panel estudiado (Fig. 3). Se observó una distribución continua de los BLUPs para los tres caracteres, lo que indicaría una compleja arquitectura genética en la herencia del carácter para el panel estudiado, de naturaleza completamente cuantitativa o conferida por los efectos de genes tanto cuantitativos como cualitativos. Se observaron líneas de excelente comportamiento, estable a través de los ambientes evaluados, frente a cada una de las enfermedades: 57 y 54 líneas presentaron BLUPs por debajo de 3 para RRC y RTC, respectivamente, mientras que 40 líneas mostraron BLUPs por debajo de 30% para MRC\_ISE.



## Conclusiones

El presente estudio permitió caracterizar la amplia variabilidad genética para la respuesta a RC, TC y MRC en el germoplasma del Programa de Mejoramiento de Maíz Templado de la EEA INTA Pergamino e identificar líneas de excelente comportamiento a estas enfermedades, lo cual presenta gran potencial para la mejora de estos caracteres tanto en el sector público como privado. Asimismo, este trabajo constituye un paso inicial fundamental para el desarrollo de modelos de predicción genómica que permitan la selección temprana de estos caracteres sin evaluación a campo en poblaciones de mejora pertenecientes a este programa de mejoramiento.

## Apoyo financiero

El presente proyecto se encuentra dentro del marco del CVT INTA- SEMILLEROS. Los ensayos a campo fueron realizados en las estaciones experimentales de Bayer Argentina.

## Referencias bibliográficas

- Bonamico NC, Di Renzo MA, Ibañez MA, Borghi ML, Díaz DG, Salerno JC, Balzarini MG. 2012. QTL analysis of resistance to Mal de Río Cuarto disease in maize using recombinant inbred lines. *The Journal of Agricultural Science* 150(05):619–629.
- Bonamico NC, Di Renzo MA, Borghi ML, Ibañez MA, Díaz DG, Salerno JC, Balzarini MG. 2013. Mapeo de QTL para una medida multivariada de la reacción al virus del Mal de Río Cuarto. *Journal of Basic and Applied Genetics* 24(2):11–21.
- Chen G, Wang X, Long S, Jaqueth J, Li B, Yan J, Ding J. 2016. Mapping of QTL conferring resistance to northern corn leaf blight using high-density SNPs in maize. *Molecular breeding* 36:4.
- Chung CL, Jamann T, Longfellow J, Nelson R. 2010. Characterization and fine mapping of a resistance locus for northern leaf blight in maize bin 8.06. *Theor Appl Genet* 121:205–227.
- Couretot L, Parisi L, Hirsch M, Suarez ML, Magnone G, Ferraris G. 2013. Principales enfermedades del cultivo de maíz en las últimas campañas y su manejo. INTA Informes.
- De Rossi RL, Guerra F, Plaza MC, Vuletic E, Brücher E, Guerra G, Couretot L, Parisi L, Magnone G. 2016. Enfermedades del maíz en las últimas cinco campañas. XXIV Congreso AAPRESID.
- Di Renzo MA, Bonamico NC, Díaz DG, Ibañez MA, Faricelli ME, Balzarini MG, Salerno JC. 2004. Microsatellite markers linked to QTL for resistance to Mal de Río Cuarto disease in *Zea mays* L. *Journal of Agricultural Science* 142(3):289–295.
- Formento AN. 2010. Enfermedades foliares reemergentes del cultivo de maíz: royas (*Puccinia sorghi* y *Puccinia polysora*), tizón foliar (*Exserohilum turcicum*) y mancha ocular (*Kabatiella zeae*). INTA Documentos.
- Gonzalez MP, Eyherabide G, Laguna IG. 2011. Variabilidad de *Puccinia sorghi* en la zona maicera núcleo Argentina. *Trop. plant pathol* 36(3) 195-199.
- Holland JB, Nyquist WE, Cervantes-Martinez CT. 2003. Estimating and interpreting heritability for plant breeding: An update. *Plant Breed Rev*, 22:9–112.
- Kreff E, Pacheco M, Díaz D, Robredo C, Puecher D, Céliz, A, Salerno J. 2006. Resistance to Mal de Río Cuarto virus in maize: A QTL mapping analysis. *Journal of Basic and Applied Genetics*, 17:41- 50.
- Laguna IG, Gimenez Pecci MP, Herrera P, Borgogno C, Ornaghi J, Rodriguez Pardina P. 2000. Rol de los cereales de invierno y verano en la epidemiología del virus del Mal de Río Cuarto (Provincia de Córdoba, Argentina). *Fitopatología* 35 (1): 41-49.
- Meuwissen THE, Hayes BJ, and Goddard ME. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819-29.
- Ogliari JB, Guimaraes MA, Aranha Carnargo LE. 2007. Chromosomal locations of the maize (*Zea mays* L.) HtP and rt genes that confer resistance to *Exserohilum turcicum*. *Genet Mol Bio* 30:630–634.
- Olukolu BA, Tracy WF, Wisser R, De Vries B, Balint-Kurti PJ. 2016. A genome-wide association study for partial resistance to maize common rust. *Phytopathology* 106:745–51.
- Ornaghi JA, Boito G, Sanchez G, March G, Beviacqua J. 1993. Studies on the populations of *Delphacodes kuscheli* Fennah in different years and agricultural areas. *J. Gen. Breed.* 47: 277- 282.

Ornaghi JA, March GJ, Boito GT, Marinelli A, Beviacqua JE, Giuggia J, Lenardon SL. 1999. Infectivity in natural populations of *Delphacodes kuscheli* vector of "Mal Rio Cuarto" Virus. *Maydica* 44: 219-223.

Poland JA, Bradbury PJ, Buckler ES, Nelson RJ. 2011. Genome-wide nested association mapping of quantitative resistance to northern leaf blight in maize. *Proc Natl Acad Sci USA* 108:6893–6898.

Rossi EA, Bonamico NC, Di Renzo MA. 2019. Mapeo por asociación de resistencia a la enfermedad Mal de Río Cuarto en maíz. 14-02-2019

Torrent I. 2018. Caracterización fenotípica y genética de líneas de maíz templado (*Zea mays* L) para el comportamiento frente a Tizón común (*Exserohilum turcicum*). 18-04-2018.

Wisser RJ, Balint-Kurti PJ, Nelson RJ. 2006. The genetic architecture of disease resistance in maize: A synthesis of published studies. *Phytopathology* 96:120–129.

Zheng, H., Chen, J., Mu, C. 2018. Combined linkage and association mapping reveal QTL for host plant resistance to common rust (*Puccinia sorghi*) in tropical maize. *BMC Plant Biol* 18, 310.