

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

Torrent I¹; Presello DA²; Rodríguez GR³; Velazco JG¹; Roig J¹; Lorea RD².

¹Hybrid Breeding, Bayer Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); ³Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agraria, Universidad Nacional de Rosario (UNR).

ignacio.torrent@bayer.com

INTRODUCCIÓN

Entre las enfermedades de maíz 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. El presente trabajo tiene como objetivo **caracterizar la variabilidad genética existente para las respuestas frente a TC, RC y MRC en un panel diverso de 484 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

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 los ensayos en donde se evaluó la respuesta a enfermedades fúngicas se realizó inoculación artificial con el patógeno mientras que 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.

La respuesta a TC y RC (RTC y RRC, 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 utilizó el índice de severidad de la enfermedad por parcela (MRC_ISE; Bomanico et al., 2013). Los componentes de variancia y BLUPs para la RTC, RRC y MRC_ISE fueron estimados utilizando un modelo lineal mixto con genotipo y ambiente como efectos aleatorios.

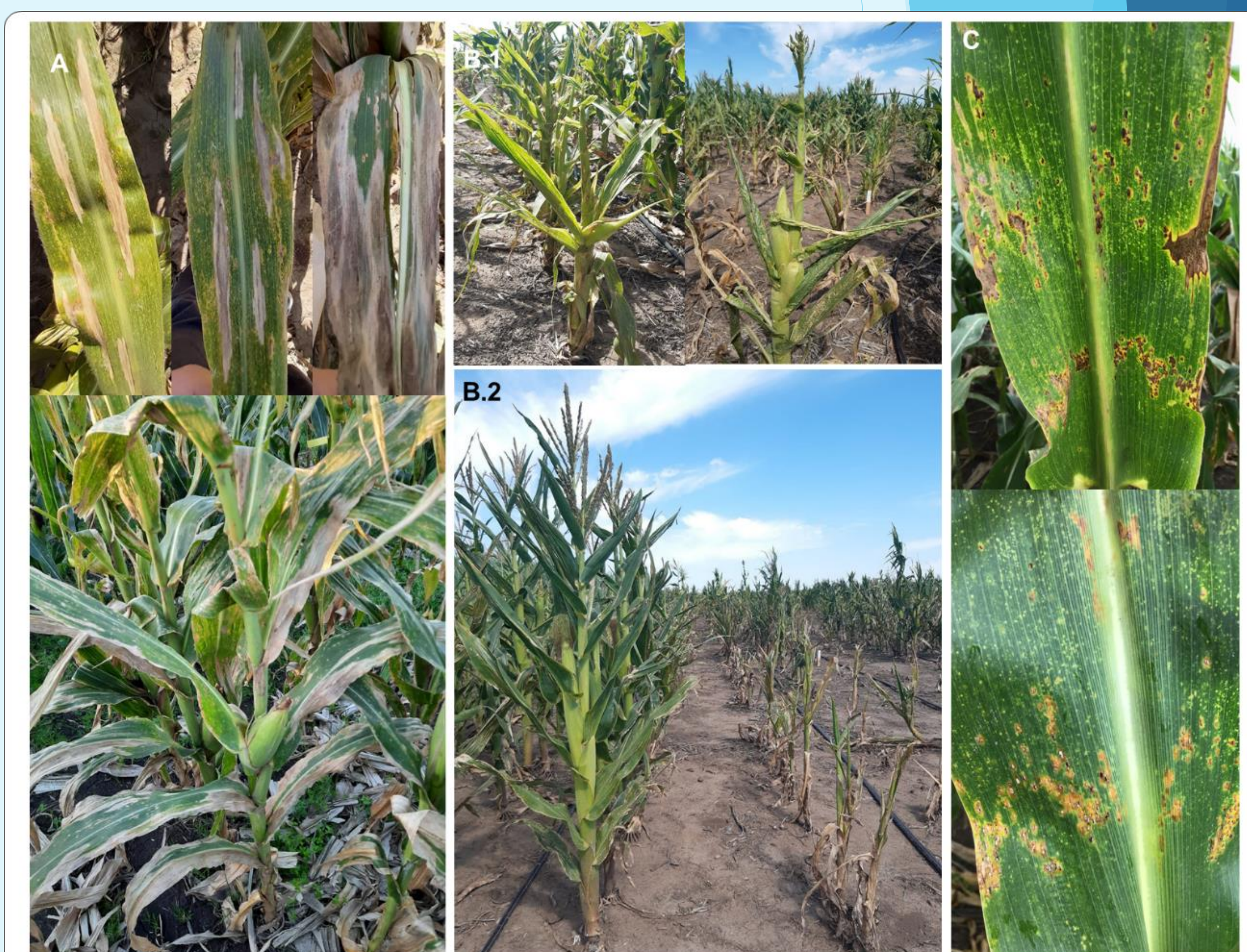


Figura 1 – Imágenes de síntomas observados en los ensayos a campo realizados para la evaluación de la respuesta de 484 líneas de maíz. A: tizón común, B.1: síntomas severos de mal de Río Cuarto, B.2: respuesta a mal de Río Cuarto de genotipo resistente (izquierda) y susceptible (derecha); C: roya común.

RESULTADOS

La evaluación del panel de líneas en múltiples ambientes evidenció una amplia variabilidad genética para la respuesta a las tres enfermedades (Fig. 2). Para la RTC y RRC, se observaron correlaciones entre ambientes altas ($>0,76$) y estadísticamente significativas ($p<0,001$), y altas heredabilidades en sentido amplio (0,94 and 0,96, respectivamente). Para MRC_ISE, se observó correlaciones entre ambientes moderadas a altas (0,44-0,77) y estadísticamente significativas ($p<0,001$), y moderada heredabilidad en sentido amplio (0,56). Se observó una distribución continua de los BLUPs para los tres caracteres, lo que indicaría una compleja arquitectura genética en su herencia, 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

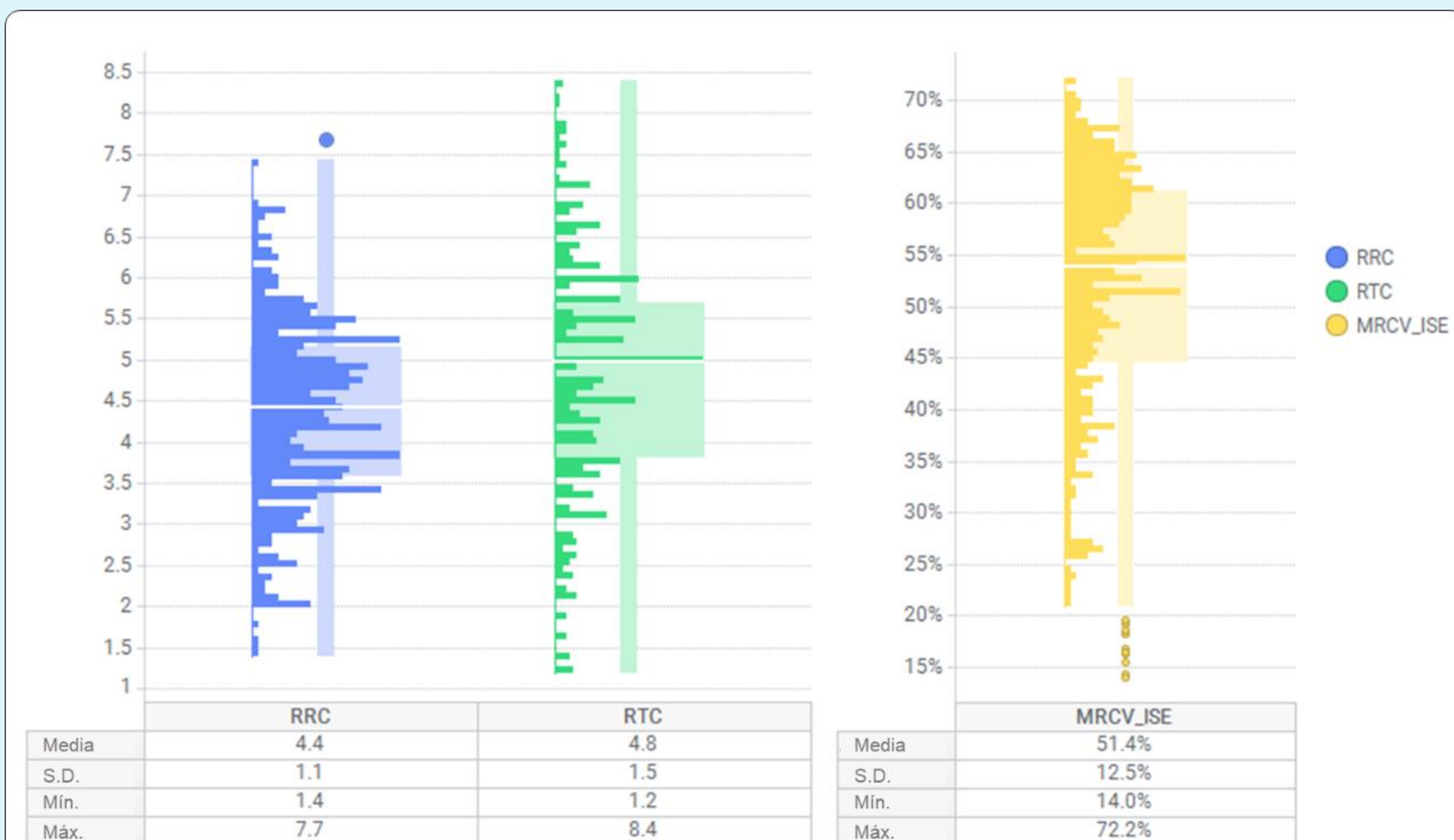


Figura 2 – Gráfico de cajas y medidas resumen de los BLUPs para la respuesta frente a tizón común (RRC), roya común (RTC) y mal de Río Cuarto (MRCV_ISE) de las 484 líneas de maíz evaluadas.

CONCLUSIÓN

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.