



QTLs para arquitectura de planta y su índice de tolerancia en respuesta al aumento de la densidad en maíces tardíos.

Navas, M. ¹, López, C. ¹, Incognito, S. ¹, Maddoni, G. ²

¹ FCA-UNLZ. IIPAAS-CIC. RUTA 4 Km. 2, Llavallol. ² FA-UBA. (IFEVA-CONICET), Av. San Martín 4453. CABA salinco-@hotmail.com

Introducción

La arquitectura de la planta es un factor clave para seleccionar genotipos adaptados a la alta densidad (AD) en maíz (*Zea mays* L.). Los análisis retrospectivos demuestran que la arquitectura de la planta ha jugado un rol importante en la adaptación de los híbridos de maíz a los incrementos históricos en la densidad de siembra en busca de la maximización de los rendimientos. Por ello es importante evaluar la respuesta de las variables arquitecturales ante aumentos en la densidad medida a través de un índice de tolerancia. El entendimiento de la base genética de los rasgos de la arquitectura de planta en respuesta a la AD, podrían ser utilizados para generar genotipos con mayor tolerancia a la densidad.

OBJETIVOS: i) identificar regiones genómicas asociadas a características relacionadas con la arquitectura de planta bajo condiciones de baja (BD) y alta densidad (AD) y a su índice de tolerancia en respuesta al aumento de la densidad en maíces tardíos y ii) establecer si existe co-localización de QTLs para las variables arquitecturales y su índice de tolerancia.

Metodología

Material vegetal: 160 RILs provenientes de la población IBM (Mo17xB73) Syn 4 sembradas el 22 de Diciembre de 2014.

Diseño experimental: diseño de parcelas divididas con tres repeticiones y 2 densidades contrastantes 5 (BD) y 10 (AD) pl m⁻².

Mediciones: Sobre las 2 hojas por encima y por debajo de la espiga de 4 plantas en competencia perfecta se registró: Se registro: Largo total (LT), Largo al quiebre (LQ), su relación (LQ/LT), Ancho de hoja (AH), Área foliar (AF) (AH×LT×0.75), Ángulo foliar (AV), Valor de orientación (VOH) [VOH=1/nΣ(AV)(LQ/LT)], Altura de planta (AP), Altura de espiga (AE) y su relación (AE/AP).

Análisis de datos: Los BLUPs utilizados para el análisis de QTL fueron generados usando un modelo mixto multi-carácter multi-ambiente (MCMA), que también permitió calcular un índice de tolerancia para cada variable. Según: $S = (Y_{AD}/Y_{BD}) / (Y_{MAD}/Y_{MBD})$. El mapa genético se construyó con 1158 marcadores de ADN. Los QTL fueron mapeados utilizando el procedimiento MC/MA, que utiliza mapeo por intervalos compuestos. Un LOD=3 fue utilizado para declarar la presencia significativa de un QTL.

Resultados

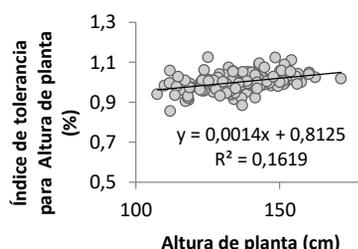
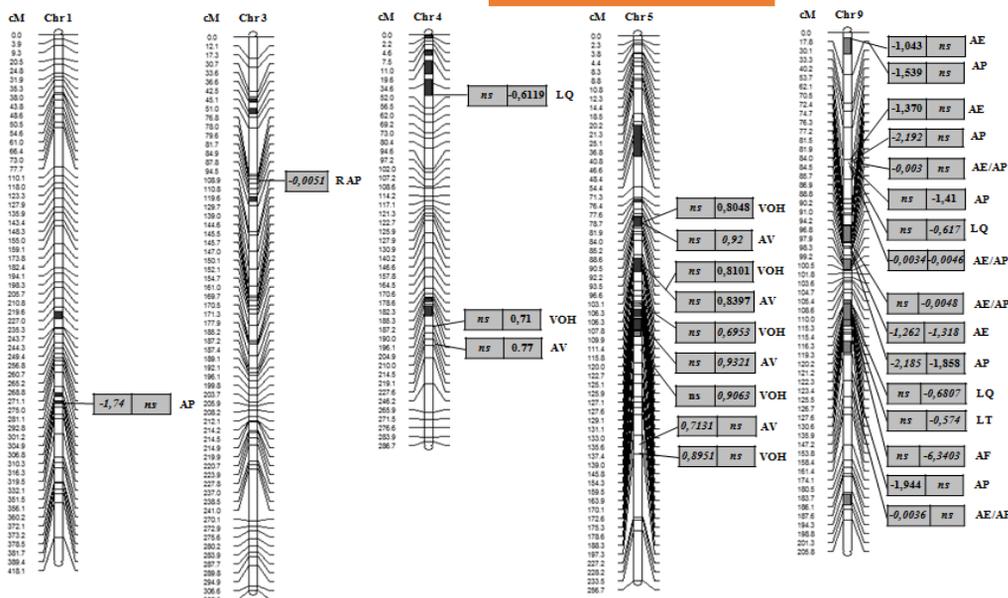


Figura 2. Relación entre altura de planta y el índice de tolerancia para la altura de planta.

Se detectaron 30 QTL (Fig. 1). El Cromosoma 4 y 5 se asoció principalmente a QTLs para VOH y sus componentes mientras que el 9 a QTLs para AE/AP y sus componentes. Solo se detectó un QTL para el índice de tolerancia de Altura de planta (R AP).

Conclusión

Nuestros resultados sugieren que las variables bajo estudio podrían ser controladas principalmente por un conjunto común de genes (QTL constitutivos, presentes en ambas densidades) que podrían ser influenciados por QTL adicionales cuando las plantas fueron cultivadas bajo AD.

Aunque se halló un relación entre AP y R AP (Fig. 2), la misma no fue confirmada a nivel genético ya que no se encontraron co-localizaciones entre el la variables per se y su índice de tolerancia lo que indicaría que el control genético de ambas podría ser independiente.