

MARCADORES MOLECULARES IDENTIFICADOS EN EL PROYECTO MAPEO ASOCIATIVO PARA ASISTIR EL MEJORAMIENTO GENETICO DE ARROZ

V. Bonnacarrere D.Sc.^{*1*4}, G. Quero MSc^{*2}, J. Rosas MSc.^{*1}, Lic. S. Fernández^{*3}, S. Garaycochea MSc.^{*1}, S. Martínez MSc^{*1}, F. Perez de Vida PhD.^{*1}, P. Blanco MSc.^{*1}, N. Berberian^{*2}, L. Gutierrez PhD.^{*2}.

^{*1} Programa de Arroz, INIA Treinta y Tres, ^{*2} Unidad de Tecnologías de la Información, INIA Dirección Nacional, ^{*3} Unidad de Biotecnología, INIA Las Brujas, ^{*4} Departamento de Biometría, Estadística y Cómputos, Facultad de Agronomía, UdelaR.

^{*4} Autor para correspondencia:

Estación Experimental Wilson Ferreira Aldunate, INIA. Ruta 48 Km 10, Rincón del Colorado, Canelones. Correo electrónico: vbonnacarrere@inia.org.uy

Palabras claves: QTL, SNP, yesado del grano.

Introducción

En este informe se plantean los resultados del proyecto “Mapeo asociativo para la identificación de marcadores asociados a rendimiento, calidad y resistencia a enfermedades en la población de mejoramiento de arroz de INIA”. Este proyecto tiene como objetivo identificar marcadores moleculares, SNP (del inglés, Single Nucleotide Polymorphism) para ser utilizados en selección asistida por el programa de mejoramiento, de manera de mejorar más rápidamente para características de calidad (yesado, grano entero y blancura de grano) y resistencia a enfermedades del tallo (*Rhizoctonia oryzae-sativae* y *Sclerotium oryzae*). En este reporte se presentaran los resultados para caracteres de calidad y fisiológicos. A partir de los datos de secuenciación parcial del genoma de 665 líneas del programa de mejoramiento se identificaron los 57400 SNPs y se procesaron los datos fenotípicos para los caracteres de interés como fue reportado en la Serie Técnica de Difusión de Arroz (2013). A partir de análisis de bioestadísticos de asociación entre datos genotípicos y fenotípicos se encontraron regiones cromosómicas o QTLs (del inglés, Quantitative Trait Loci), marcadores moleculares y genes candidatos asociados a yesado, grano entero, blancura del grano, fecha de floración y altura de la planta. La primer etapa en este proceso de análisis es la determinación de la estructura genética de la población de estudio, de manera de disminuir asociaciones espurias entre marcadores y fenotipo.

Materiales y métodos

Determinación de la estructura de la población de mapeo y análisis de asociación

Para los análisis de asociación se utilizó un modelo lineal mixto que corrige por estructura de la población utilizando los coeficientes obtenidos por análisis de componentes. El modelo utilizado fue el siguiente: $y = X\beta + Qv + \epsilon$ (Price et al. 2006) donde: Y = vector fenotípico, X = matriz de marcadores moleculares, β =vector de efectos alélicos, Q = estructura de la población representada por los scores de los ejes relevantes del PCA, v = vector del efecto poblacional y ϵ = errores residuales.

Anotación de genes

A partir de la información de QTLs encontradas y considerando umbrales de p valores superiores a 1×10^{-4} se seleccionaron los SNPs. Utilizando las coordenadas de localización de

éstos SNPs, se localizaron en el genoma de arroz reportado en RAP (Rice Annotation Project) de modo de vincularlos a genes cuya función puede ser asociada al carácter de interés.

Resultados

El análisis de componentes principales (PCA) de los datos genotípicos mostró una clara estructura correspondiente a los tipos *indica* y *japónica* tropical presentes en la población. Los dos componentes principales explicaron más del 60% de la varianza genotípica. El germoplasma *Indica* presenta mayor diversidad que el *Japonica*.

Se encontraron QTLs asociados a todas las características evaluadas. Para fecha a floración se destaca un QTL en el cromosoma 3; para altura de la planta en los cromosomas 1, 3, 5, 6, 8, 10, 11 y 12; para grano entero en cromosomas 3, 4 y 6; para yesado en cromosomas 1,2,3,6,7,8,10; y para blancura del grano en los cromosomas 1, 4, 6 y 12.

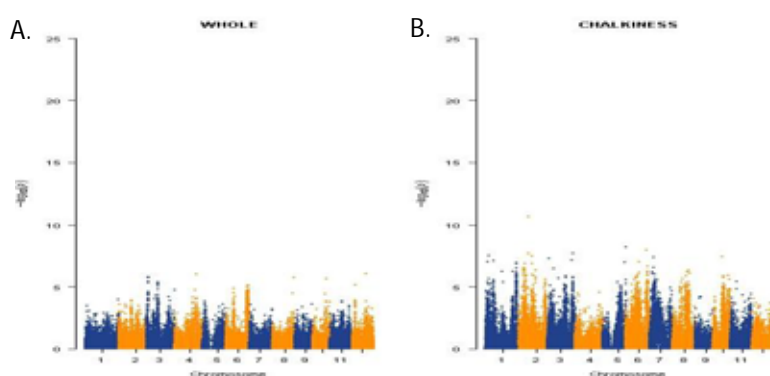


Figura 1. Manhattan plot que muestran los QTLs asociados a los caracteres de interés. A. Grano entero. B. Yesado del grano.

Los SNPs asociados para los diferentes caracteres fueron visualizados en el genoma del arroz, encontrando que muchos de ellos se encontraban en secuencias génicas. A partir de revisiones bibliográficas, se seleccionaron aquellos SNPs asociados que se localizaban en genes cuya función pudiera estar relacionada con el carácter estudiado. En el caso de grano entero y yesado se encontró una asociación muy alta en 3 SNPs localizados en un gen del cromosoma 6 que codifica para una topirim domain-containing protein implicada en la degradación del almidón. Además, para grano entero se encontró un SNP en un gen de expansina en el cromosoma 4 cuya función está asociada al tamaño del grano.

Conclusiones

Se identificaron marcadores asociados a caracteres de calidad como yesado, grano entero y blancura del grano y a caracteres fisiológicos como fecha a floración y altura de la planta que serán utilizados como marcadores para selección asistida en el programa de mejoramiento de INIA.

Bibliografía

Elshire, R.; Glaubitz, J.; Sun, Q.; Poland, J.; Kawamoto, K.; Buckler, E.; Mitchell, S. 2011. A robust, simple genotyping-by-sequencing (GBS) approach for high diversity species. Plos One v. 6, no.5, e 19379.