

MV 23

UTILIZACIÓN DE POBLACIONES NATIVAS DE LA REPÚBLICA ARGENTINA COMO FUENTE DE PRECOCIDAD EN MAÍZ

Solmi A.¹, R. Defacio^{2,3}, N. Salvi³, R.D. Lorea^{2,3}. ¹Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia. de Bs. As. ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino, Bs. As. ³Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Pergamino, Bs As.
Email: lorea.roberto@inta.gob.ar

Una estrategia posible en la región pampeana Argentina para disminuir el monocultivo de soja y aumentar la sustentabilidad, es la implementación de secuencias de cultivos múltiples (maíz/soja) en un mismo ciclo agrícola, para ello se debe contar con maíces de ciclo ultraprecoz. Así, evaluamos 6 poblaciones nativas de maíz (del sur de Argentina) y sus cruzamientos con 2 líneas precoces (LP29 y LP214) en un ensayo dialélico parcial. Se realizaron 2 ensayos (2014/15 y 2015/16) en fechas de siembras tempranas utilizando un diseño DCBA con dos repeticiones. Las variables evaluadas fueron tiempo térmico a antesis (A), floración femenina (R1), madurez fisiológica (MF), período de llenado de granos (R1-MF), sincronía floral (ASI) y rendimiento en grano (REND). Se realizaron análisis de variancia y test de comparación de medias. Se aplicó la metodología de Dudley para determinar la frecuencia de alelos favorables y la estrategia de utilización. Se realizó un análisis dialélico parcial para determinar la aptitud combinatoria general y específica. Los resultados indican que las poblaciones aportan precocidad (R1 y MF) y permiten aumentar R1-MF, pero no permiten mejorar el REND. Se detectaron efectos aditivos y no aditivos en la mayoría de las variables, pero para precocidad los efectos más importantes fueron aditivos. Se detectaron alelos favorables en las poblaciones ARZM21006 y ARZM19010 para mejorar la precocidad de LP29 y LP214 respectivamente, pero el comportamiento para rendimiento implica generar poblaciones de mejora con sólo un 25 % de población nativa.

MV 24

GENOME WIDE ASSOCIATION (GWAS) DISCOVERS RICE GRAIN QUALITY GENES IN THE STARCH METABOLISM, GRAIN SIZE AND CELL WALL SYNTHESIS PATHWAYS

Quero G.¹, L. Gutiérrez², S. Fernández³, P. Blanco³, F. Pérez de Vida³, S. Garaycochea⁴, E. Monteverde⁴, S. McCouch⁴, J. Rosas³, N. Berberian⁵, S. Simondis⁶, V. Bonnacarrère³. ¹Department of Plant Biology, College of Agriculture, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ²Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, USA. ³Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. ⁴Department of Plant Breeding and Genetics, Cornell University, Ithaca, USA. ⁵Department of Statistics, College of Agriculture, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ⁶Mathematics Area, College of Natural and Exact Sciences, Universidad Nacional de Cuyo (FCEN-UNCuyo), Mendoza, Argentina.
Email: vbonnacarrere@inia.org.uy

Rice is one of the most important staple foods in the world. There has recently been a shift in consumer demand for higher grain quality. Therefore, understanding the genetic basis of grain quality in rice is key to produce rice in a sustainable manner. The main objective of this work was to identify the genomic regions associated to grain quality in rice. We used a large GWAS panel of rice composed of 637 elite rice lines from the indica and tropical japonica rice breeding programs. Lines were genotyped with GBS to obtain 92 K SNPs for indica and 45 K SNPs for tropical japonica. Elite lines were phenotyped in three years and evaluated for three key grain quality properties: percentage of total milled rice after milling (YAM), percentage of head rice recovery (PHR), and the weight of chalky grains (GC). GWAS was conducted using mixed models. After quantitative trait loci (QTL) identification, a candidate gene approach using genome annotation for credible biological function was performed. This strategy allowed us to understand the genetic basis of rice grain quality, identifying genes and markers readily available for deployment in breeding programs. We identified genes associated to starch metabolism, cell wall synthesis and grain size. Furthermore, we detected a variation of the OsSPL16 gene that has been proven to be associated to grain size, shape and quality in rice. This shows how a thorough approach to GWAS and gene annotation in a large structured rice breeding population could lead to causative variants readily available in breeding programs.