

25. GENÉTICA DE LA RESPUESTA A TEMPERATURA Y RADIACIÓN EN ETAPA REPRODUCTIVA EN GERMOPLASMA DE ARROZ DE INIA

I. Rebollo¹, I. Aguilar², J. E. Rosas³

PALABRAS CLAVE: QTL, single-step GBLUP, tolerancia a baja radiación, tolerancia al frío

INTRODUCCIÓN

Una de las principales fuentes de inestabilidad del rendimiento en el cultivo de arroz en Uruguay es la ocurrencia de bajas temperaturas y baja radiación en el período crítico de floración. El programa de mejoramiento genético de arroz de INIA (PMGA) tiene como objetivo no solo desarrollar variedades con mayor rendimiento, sino también más tolerantes a bajas temperaturas para brindar estabilidad en el rendimiento. Actualmente, la tolerancia a bajas temperaturas en etapa reproductiva a campo se evalúa usando épocas de siembra tardías en los ensayos de evaluación final. Existen también métodos para fenotipado de tolerancia a frío en etapa reproductiva en condiciones controladas en cámara refrigerada, pero no se ha estudiado la correlación genética entre la tolerancia en condiciones de campo y en cámara. Por otra parte, la combinación de objetivos de mejoramiento de herencia compleja como el rendimiento y la tolerancia a frío en etapa reproductiva requiere evaluar si abordajes como el mapeo asociativo y la selección genómica podrían contribuir a mejorar estas características en forma más eficiente. Este trabajo tiene como objetivo general estudiar la genética del rendimiento y tolerancia a baja radiación y temperatura (en cámara y campo) en etapa reproductiva en germoplasma adaptado del PMGA. En particular se busca determinar las correlaciones genéticas entre estos

rasgos e identificar las regiones del genoma que los explican.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos de campo corresponden a los últimos 23 años de ensayos de evaluación fenotípica del PMGA sistematizados para su análisis conjunto (Rebollo *et al.* 2020), seleccionándose para este análisis 655 ensayos en la Unidad Experimental Paso de la Laguna (UEPL, Treinta y Tres, 33,27 E, 54,17 S) con diseño experimental de bloques completos al azar con 2 (etapas tempranas) o 3 repeticiones (etapas avanzadas). Se utilizó la información de pedigrí de las líneas, de rendimiento y la fecha de 50% de floración de cada parcela (F50). A partir de los datos agroclimáticos de la UEPL se computó para cada parcela, la media de las temperaturas mínimas durante el período comprendido entre 15 días antes y 15 días después de la F50 y la acumulación de heliofanía en el período de 20 días antes y 20 días después de la F50. Los datos de cámara de frío corresponden al peso de granos llenos de 314 líneas *indica* y 320 de tipo *japónica tropical* sometidas a dos tratamientos: frío (5 °C ± 0,5, 24 horas) y ambiente (24 °C promedio). La información genotípica utilizada corresponde a 50.854 SNP de 395 líneas avanzadas *indica* y 23.614 SNP de 570 líneas avanzadas tipo *japónica*, ambas representativas del germoplasma avanzado del PMGA. Se ajustó el siguiente modelo:

¹ Inés Rebollo, Ing. Agr. INIA, estudiante de maestría Cs. Agrarias F. Agronomía, UDELAR.

² Ignacio Aguilar, Ph.D. INIA, Programa Nacional de Producción de Leche.

³ Juan E. Rosas, Dr. INIA, Programa Nacional de Arroz. jrosas@inia.org.uy

$$y_{ijk} = \mu + ID_i + \beta_{ti}t_j + \beta_{ri}r_k + e_{ijk}$$

donde y_{ijk} es el valor fenotípico observado (rendimiento en kg/ha para campo y peso de granos en g para cámara), μ la media general, ID_i es el efecto del intercepto de la i -ésima línea, β_{ti} el coeficiente de regresión para temperatura (en °C) de la i -ésima línea, β_{ri} es el coeficiente de regresión para radiación (en horas de sol, solamente para campo) de la i -ésima línea, la $Var(ID_i, \beta_{ti}, \beta_{ri}) = H \otimes \Sigma$, H es la matriz de relaciones entre las líneas que combina la información genotípica y la de pedigrí, Σ es la matriz de varianzas y covarianzas genéticas entre los efectos $ID_i, \beta_{ti}, \beta_{ri}$ y e_{ijk} el efecto residual con $e \sim N(0, \sigma_e^2)$. La estimación de varianzas y covarianzas así como el ajuste de los modelos se realizó en el programa BLUPF90 con adaptaciones para contemplar las generaciones de autofecundación en la matriz de parentesco propias de la especie. Se calculó la heredabilidad generalizada para cada carácter. La asociación marcador-carácter se estudió con el siguiente modelo mixto: $y = Xb + Zu + e$, donde y es el vector de efectos predichos por el paso anterior para los caracteres línea, respuesta a temperatura y respuesta a radiación, b un vector de efectos fijos (la media general y el efecto de cada SNP en forma individual), u es un vector de efectos genotípicos aleatorios con $e \sim N(0, G\sigma_g^2)$, es un vector de efectos residuales con $e \sim N(0, \sigma_e^2)$, X y Z son matrices de incidencia que relacionan con y con b y con u , respectivamente, y G es la matriz de relaciones genotípicas realizadas. Se definió como QTL a uno o más SNP significativos a menos de 1 Mpb entre sí. Para calcular la varianza explicada por los SNP más significativos se ajustó un modelo mixto igual al definido para el mapeo asociativo donde b incluye inicialmente a los SNP más significativos de todos los QTL identificados y una selección *backwards* eliminando SNP no significativos (P -valor $> 0,05$) hasta que todos los SNP incluidos en b fueron significativos. El coeficiente de determinación (R^2) de este último modelo se utilizó como estimador de la proporción de la varianza fenotípica explicada por los SNP significativos.

RESULTADOS DE LA INVESTIGACIÓN

Tanto en campo como en cámara, la varianza genética capturada por el efecto línea es lo que captura la mayor proporción de la varianza (87.990.000 kg² y 95.705.000 kg² para campo y 1,233 g² y 0,97 g² para cámara para *índica* y *japónica* respectivamente. El efecto línea en este modelo de regresión representa el desvío de cada línea con respecto a la media general del rendimiento cuando las variables regresoras temperatura y radiación valen cero. El efecto de respuesta general del rendimiento por °C en campo representó una varianza de 137.760 kg² para *índica* y 151.600 kg² para *japónica* mientras que la varianza de la respuesta a cada hora de sol fue de 157,23 kg² para *índica* y 171,56 kg² para *japónica*. En cámara, la varianza por respuesta del peso de granos por °C fue de 0,002 g² para ambas subespecies. A su vez, se observó que en términos genéticos, el efecto línea covaría de forma negativa tanto con la respuesta a temperatura (-3.323.900 kg² en campo y -0,042154 g² en cámara) como a radiación (-97,133 kg²). Esto significa que las líneas con mayor rendimiento en general son las más estables frente a cambios de temperatura y radiación. La covarianza genética entre la respuesta a cada cambio en temperatura y radiación es positiva (2.945,6 kg² para *índica* y 3,191 kg² para *japónica*), lo que implica que en general las líneas con sensibilidad a un factor son también sensibles al otro. En la figura 1 se pueden observar los valores predichos para las líneas genotipadas, sus correlaciones y heredabilidades. En la figura 2 se presentan los gráficos de respuesta en campo frente a la temperatura y radiación que se pueden generar a partir de los valores predichos por el modelo de regresión aleatoria utilizado para algunas variedades y líneas avanzadas a modo de ejemplo.

Se identificaron regiones genómicas asociadas a todas las características en ambas subespecies. Existen regiones genómicas compartidas entre los distintos efectos y subespecies (Cuadro 1). Se encontraron valores

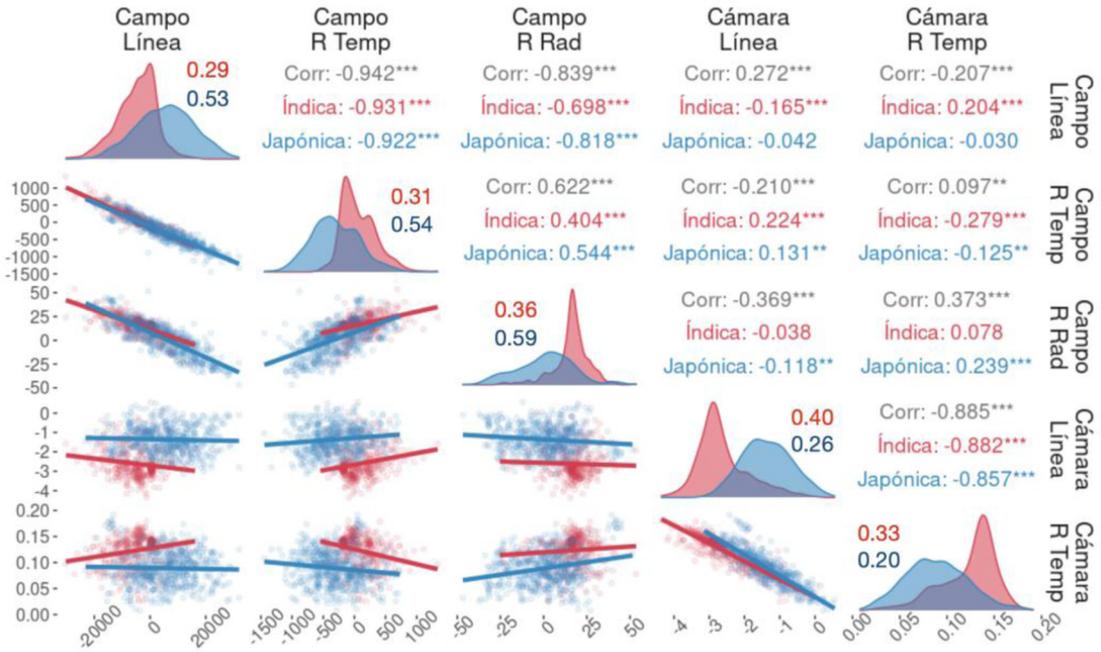


Figura 1. Distribución de los valores fenotípicos predichos para las desviaciones del rendimiento promedio en el efecto línea en condiciones de campo (Campo Línea) y campo (Cámara Línea), la respuesta a temperatura en campo (Campo R Temp) y cámara (Cámara R Temp) y la respuesta a radiación en campo (Campo R Rad) y sus heredabilidades (diagonal), correlaciones (arriba de la diagonal) y gráficos de dispersión (abajo de la diagonal) para ambas subespecies: *indica* (rojo) y *japónica* (azul).

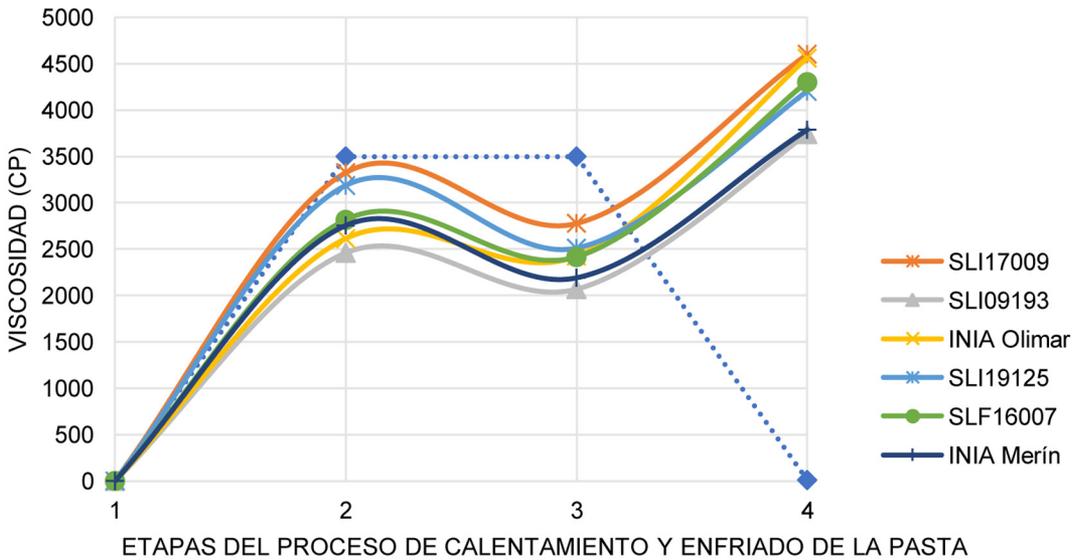


Figura 2. Respuesta a la temperatura promedio durante el período de 15 días antes y 15 días después de floración, en condiciones promedio de radiación (A) y a la acumulación de radiación durante los 20 días antes y 20 días después de floración, en condiciones promedio de temperatura (B) de algunas variedades y líneas avanzadas seleccionadas.

Cuadro 1. Número total de regiones cromosómicas identificadas (diagonal) y número de regiones en común entre las variables (fuera de la diagonal) y número de SNP significativos luego de ajustar el modelo con los SNP más significativos de cada QTL y el R² del modelo únicamente con los significativos.

		Índica					Japónica					
		Campo			Cámara		Campo			Cámara		
		Línea	Temp	Rad	Línea	Temp	Línea	Temp	Rad	Línea	Temp	
Índica	Campo	Línea	30	2	3	0	0	0	0	1	2	1
		Temp		29	3	0	1	0	0	1	0	1
		Rad			35	0	0	0	0	1	1	0
Cámara		Línea				17	2	0	0	0	0	0
		Temp					13	0	0	0	0	0
		Línea						12	2	0	0	1
Japónica	Campo	Temp						7	0	0	0	0
		Rad							14	1	0	0
	Cámara	Línea								3	1	1
	Temp										4	4
	n SNP		16	17	26	8	12	11	9	14	3	4
	R ²		0,70	0,66	0,73	0,28	0,54	0,46	0,42	0,49	0,10	0,22

altos para la proporción de la varianza explicada por los SNP más significativos de cada QTL, con un mínimo de 0,10 para el efecto de las líneas *japónica* en cámara y un máximo de 0,73 para la respuesta a radiación de *índica* en campo (Cuadro 1).

CONCLUSIONES

El estudio fue posible gracias a la disponibilidad de una base de datos de información fenotípica de campo unificada y al banco de datos de información climática de INIA, lo que subraya la importancia de contar con adecuadas herramientas de gestión de datos. Los resultados indican que, en el rango de variabilidad genética de materiales adaptados a las condiciones locales de Uruguay, la respuesta al frío en el ensayo de cámara no es un buen predictor de la respuesta a bajas temperaturas

en condiciones de campo. Esto no descarta su utilidad como método de *screening*. Dada la proporción de la varianza explicada por los SNP identificados en el análisis de mapeo asociativo para los rasgos estudiados, la incorporación de esos marcadores en un panel de genotipado de baja densidad puede ser una estrategia útil para aumentar la ganancia genética en estas características.

BIBLIOGRAFÍA

Rebollo, I.; Scheffel, S.; Iriarte, W.; Blanco, P.; Molina, F.; Peirez De Vida, F.; Rosas, J. 2020. Consolidación de los datos históricos del programa de mejoramiento de arroz en una base de datos. In: Terra, J. A.; Martínez, S.; Saravia, H.; Mesones, B.; Álvarez, O. (Eds.) Arroz 2020. Montevideo (UY): INIA. p. 5-8. (Serie Técnica 257). Doi: <http://doi.org/10.35676/INIA/ST.257>