

Modelización de la variabilidad fenotípica de la enfermedad Mal de Río Cuarto en maíz y su asociación con la variabilidad genotípica

Rossi Ezequiel¹, Ruiz Marcos¹, Balzarini Mónica², Bonamico Natalia¹

1INIAB-FAV-UNRC, 2CONICET-FCA-UNC, Argentina

E-mail: erossi@ayv.unrc.edu.ar

Resumen

El objetivo del trabajo fue modelizar la variabilidad fenotípica de Mal de Río Cuarto (MRC) en líneas diversas de maíz y asociarla con la variabilidad genotípica. Un panel diverso de 185 líneas endocriadas de maíz del CIMMYT se evaluaron durante dos años en dos localidades de la región en donde la enfermedad MRC es endémica. Se evaluaron distintos modelos lineales mixtos para modelar la variabilidad de la incidencia y la severidad de MRC considerando la correlación genética entre las líneas de maíz, la cual se estimó a partir de 86.929 SNPs. El modelo que considera estructura de varianza-covarianza heterogénea para el término de interacción genotipo-ambiente, y la correlación genética entre las líneas fue el que mejor modeló la variabilidad fenotípica de MRC. A partir de esta modelización de los datos fenotípicos, se realizó un mapeo asociativo con la variabilidad genotípica que permitió identificar cuatro SNPs asociados con la incidencia y cinco con la severidad de MRC, a través de ambientes.

Palabras Clave

Modelos lineales mixtos, maíz, Mal de Río Cuarto, Incidencia, Severidad.

Introducción

La investigación en Agricultura comúnmente presenta situaciones donde es necesario utilizar modelos lineales mixtos porque no se cumplen los supuestos de independencia, normalidad o igualdad de varianzas. En estudios donde se evalúan distintos genotipos en varios ambientes es razonable asumir que existen correlaciones entre observaciones del mismo ambiente (Casanoves, 2004). La modelización de la covarianza genotipo-ambiente permite obtener conclusiones más confiables sobre las diferencias fenotípicas entre los genotipos (Malosetti et al., 2008). El objetivo del trabajo fue modelizar la variabilidad fenotípica de Mal de Río Cuarto (MRC) y asociarla con la variabilidad genotípica de líneas diversas de maíz.

Material y Métodos

Material vegetal y ensayo de campo.

El material vegetal está constituido por un panel de 185 líneas endocriadas de maíz del CIMMYT. La incidencia (INC-MRC) y la severidad (SEV-MRC) de MRC se evaluaron durante 2017-18 y 2018-19 en cuatro ambientes del sur de Córdoba, Argentina: Sampacho 2017-18 (SA18) y 2018-19 (SA19), Río Cuarto 2017-18 (RC18) y 2018-19 (RC19). En cada ambiente se utilizó un diseño parcialmente repetido (Williams et al., 2011) con un 25% de los genotipos con tres repeticiones. Datos fenotípicos. Cada planta se clasificó por el grado de severidad de enfermedad según la escala propuesta por Ornaghi et al., (1999). El carácter INC-MRC es el porcentaje de plantas con síntomas respecto al total de plantas de cada unidad experimental. La SEV-MRC es el grado medio de las plantas con síntomas.

Datos genotípicos.

La caracterización de las líneas de maíz de CIMMYT con SNPs es de disponibilidad pública (Wu et al. 2016). A partir de 362.008 SNPs, se seleccionaron 86.929 en los 10 cromosomas, considerando una tasa de datos faltantes menor al 50% y una frecuencia superior al 0,05 en el alelo menos frecuente. Análisis estadístico. Los datos fenotípicos se analizaron con un modelo mixto multivariado, paquete sommer (Covarrubias-Pazarán, 2016), software R (R Core Team 2016). Para modelar la covarianza genotipo-ambiente, distintas estructuras de varianza-covarianza fueron evaluadas (homogénea, heterogénea y no estructurada). El mejor modelo se definió mediante la prueba del cociente de verosimilitud. A su vez, cada modelo se probó también considerando la correlación genética entre las líneas. Para comparar modelos con la misma estructura de varianza-covarianza considerando o no la correlación genética, se utilizó el criterio de Akaike (AIC). El modelo mixto multivariado permitió estimar la correlación entre los caracteres INC-MRC y SEV-MRC. Posteriormente, un modelo mixto se utilizó para realizar la asociación entre la variabilidad fenotípica (INC-MRC y SEV-MRC) y la variabilidad genotípica (86.929 SNPs). La matriz de relación aditiva fue estimada con la función A.mat del paquete sommer (Covarrubias-Pazarán, 2016), software R (R Core Team 2016). La corrección por multiplicidad propuesta por Li y Ji (2005) fue usada para controlar falsos positivos.

Resultados y Discusión

El modelo que considera estructura de varianza-covarianza heterogénea ($p < 0,0001$) y correlación genética entre las líneas fue el que mejor ajustó la variabilidad de los caracteres incidencia y severidad de Mal de Río Cuarto. Esto indica que cada ambiente tiene su propia varianza genética y no hay correlación entre los ambientes. Esto es esperable dado que la enfermedad Mal de Río Cuarto es transmitida por insectos, y por lo tanto la presión natural de la enfermedad varía con los ambientes. Tal como plantea Malosetti et al., (2008) la modelización de la covarianza genotipo-ambiente permite obtener conclusiones más confiables sobre las diferencias fenotípicas entre los genotipos. La correlación entre ambos caracteres a través de ambientes fue estadísticamente significativa con un valor de 0,58. Además, se observó amplia variabilidad fenotípica tanto para incidencia como para severidad. La asociación de la variabilidad fenotípica

con la variabilidad genotípica permitió identificar cuatro y cinco SNPs asociados significativamente con incidencia y severidad de Mal de Río Cuarto, respectivamente. Investigaciones adicionales son requeridas para validar los resultados obtenidos.

Conclusiones

La modelización de la variabilidad fenotípica del MRC en maíz y su asociación con la variabilidad genotípica permite una identificación precisa de regiones genómicas para resistencia a esta enfermedad.

Referencias

- Casanoves, F. 2004. Análisis de ensayos comparativos de rendimiento en mejoramiento vegetal en el marco de los modelos lineales mixtos. Tesis de doctorado, Universidad Nacional de Córdoba. 143p
- Covarrubias-Pazaran, G. 2016. Genome-assisted prediction of quantitative traits using the R package sommer. PLoS ONE 11(6):E0156744.
- Li J, L Ji. 2005. Adjusting multiple testing in multilocus analyses using the eigenvalues of a correlation matrix. Heredity. 95:221–227.
- Malosetti M, JM Ribaut, M Vargas, J Crossa, FA van Eeuwijk. 2008. A multi-trait multi-environment QTL mixed model with an application to drought and nitrogen stress trials in maize (*Zea mays* L.). Euphytica 161:241–257.
- Ornaghi JA, GJ March, GT Boito, A Marinelli, JE Beviacqua, J Giuggia, SL Lenardon. 1999. Infectivity in natural populations of Delphacodes kuscheli vector of “Mal Río Cuarto” Virus. Maydica 44: 219-223.
- R Core Team. 2016. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, URL (<http://www.R-project.org/>).
- Williams E, HP Piepho, D Whitaker. 2011. Augmented p-rep designs. Biometrical Journal, 53:19–27.
- Wu, Y, F San Vicente, K Huang, T Dhliwayo, DE Costich, K Semagn, N Sudha, M Olsen, B Prasanna, X Zhang, R Babu. (2016). Molecular characterization of CIMMYT maize inbred lines with genotyping-by-sequencing SNPs. Theoretical and Applied Genetics, 129:753–765.