

ARQUITECTURA GENÉTICA DEL CONTENIDO DE ARSÉNICO EN GRANO DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Ale L.¹, Rosas J.², Verger M.³, Pérez De Vida F.²

¹Facultad de Ciencias, UdeLaR, Maestría en Biotecnología.

²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Programa Nacional de Arroz.

³Laboratorio Tecnológico del Uruguay, Departamento Espectrometría Atómica de Alimentos y Medio Ambiente.

Contacto: lucasale.fc@gmail.com ; jrosas@inia.org.uy

INTRODUCCIÓN:

El arroz es uno de los principales cereales a nivel mundial utilizado para consumo humano, y es el alimento básico de muchas culturas culinarias. Las condiciones reductoras que ocurren por anaerobiosis durante el cultivo irrigado, favorecen la disponibilidad de arsénico y su acumulación en el grano. La alta exposición a este metal se asocia a mayor riesgo de cáncer y otro tipo de enfermedades, por lo que se han establecido niveles máximos aceptados que aseguren la inocuidad alimentaria del arroz. Para su cumplimiento es necesario contar con cultivares con bajo contenido de arsénico en el grano.

Identificar marcadores moleculares asociados a esta característica, permitiría acelerar la obtención de cultivares reduciendo tiempo y costos de selección.

OBJETIVO:

Caracterizar la arquitectura genética del contenido de arsénico en grano en el germoplasma avanzado del Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de INIA (PMGA), y evaluar la utilidad de selección asistida por marcadores moleculares.

MATERIALES Y MÉTODOS:

Se seleccionó una población de 300 líneas avanzadas representantes de la variabilidad genética del PMGA (150 tipo indica y 150 tipo japónica tropical). Las líneas se sembraron en un ensayo de campo en la zafra 2017/18 con un diseño de bloques completos aumentados, en la Unidad Experimental de Paso de la Laguna de INIA (Treinta y Tres). El contenido de arsénico total (tAs) de las semillas cosechadas se analizó por espectrometría de absorción atómica con atomización electro térmica (GF-AAS). Se realizó un análisis de mapeo asociativo (GWAS) con ~30K SNPs para indica y ~50K SNPs para japónica tropical, utilizando un modelo mixto con corrección por estructura de la población. Se identificaron loci asociados a bajo contenido de arsénico (QTL), seleccionándose el SNP de menor p-valor de cada QTL. La proporción de la varianza fenotípica explicada (PVE) por los SNPs seleccionados fue estimada mediante un modelo multilocus.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN:

Se encontraron diferentes arquitecturas genéticas para las dos poblaciones estudiadas, identificándose 6 QTLs para indica (en cromosomas 1, 2, 8, 9, 11 y 12), y 8 QTLs para japónica tropical (en cromosomas 1, 2, 3, 5, 6, 7, 10 y 11). La PVE por todos los SNPs seleccionados fue de 49% y 48% para indica y japónica tropical respectivamente. Este alto porcentaje sugiere su aplicabilidad en selección asistida para bajo contenido de tAs en grano en el PMGA.

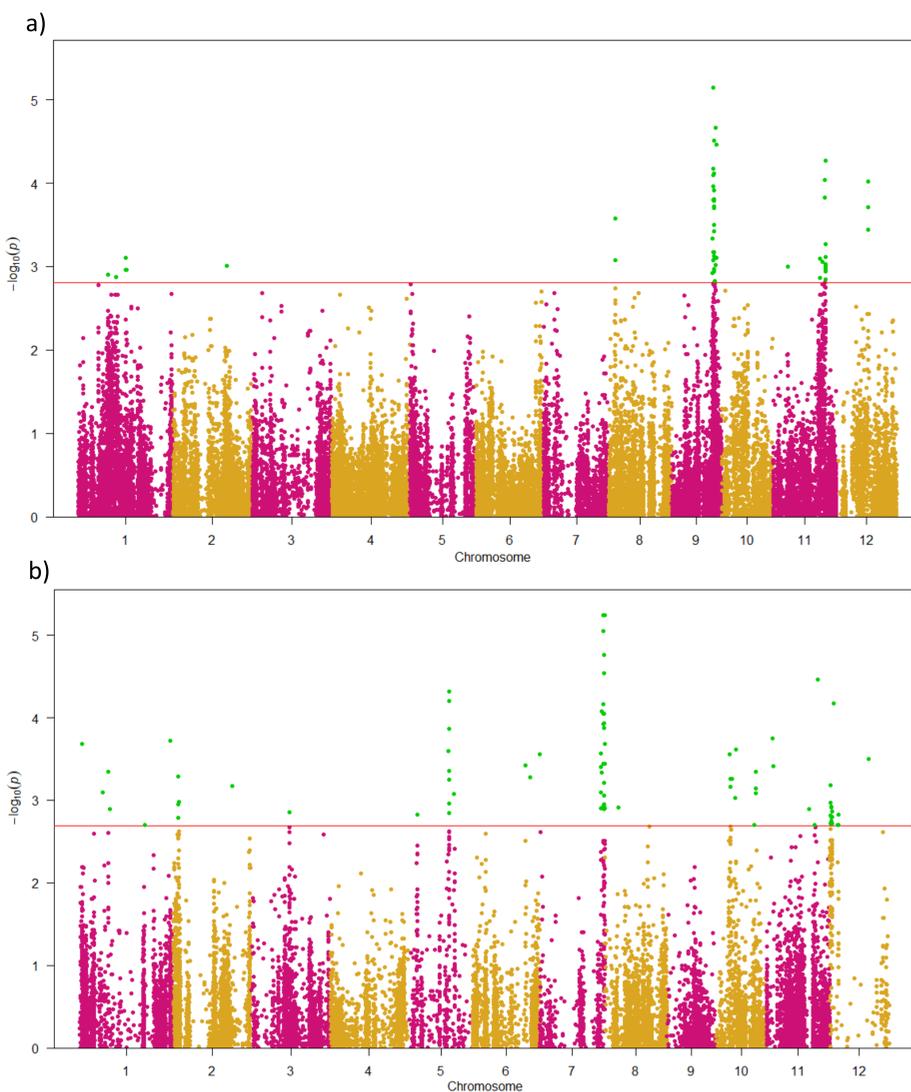


Figura 1. *Manhattan Plot*. Resultado del análisis de GWAS asociado al contenido tAs en grano para: a) indica y b) japónica tropical. Los QTLs estadísticamente significativos para cada cromosoma se muestran en color verde.

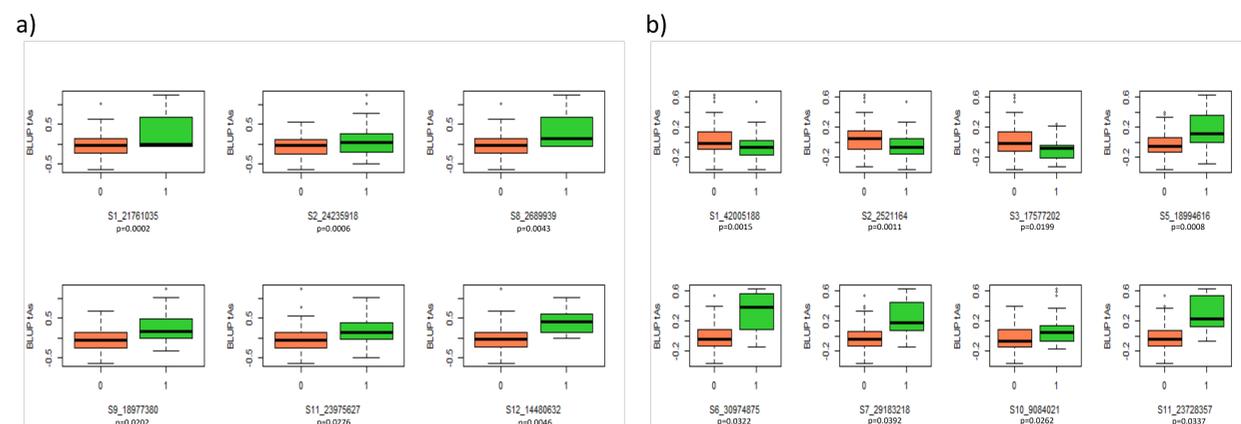


Figura 3. Gráfico de cajas de la variación relativa del contenido tAs en función de los SNPs seleccionados en cada QTL para: a) indica y b) japónica tropical, que tuvieron un efecto significativo en el análisis de varianza multilocus. Se muestran los p-valores correspondientes al ANOVA.

CONCLUSIONES:

Este trabajo es una primera exploración para la implementación de selección asistida por marcadores moleculares para bajo contenido de As en arroz uruguayo. Por tratarse de un solo año de evaluación a campo, es necesario confirmar estos resultados agregando más años y ambientes al estudio de asociación (trabajo que se está realizando actualmente). Los resultados contribuirán a la obtención de nuevos cultivares que permitan mejorar la inocuidad de la producción arrocería nacional.

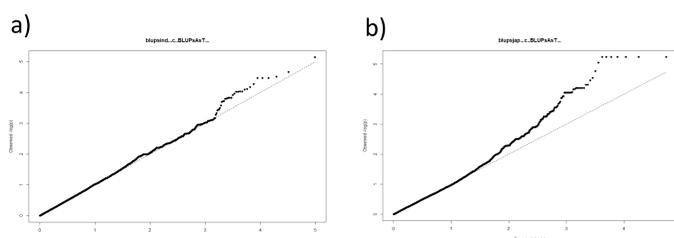


Figura 2. *QQplot*. Gráfico de valores observados vs valores esperados para el análisis de GWAS asociado al contenido tAs para: a) indica y b) japónica tropical.

Apoyan: