BV25

**Mapeo de asociación e identificación de genes candidatos para tolerancia a bajas temperaturas en estadio de germinación de arroz (Oryza sativa L.)**

Bonell, M.L.1; Pachecoy, M.I.2;Olmos, S.E.2, Galván, M.F.1, Pena, A.3 y Rebolledo Cid, M.C3.

1) EEA INTA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina, 2) EEA INTA Corrientes, Corrientes, Argentina; 3) CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali, Colombia).Email: [olmos.sofia@inta.gob.ar](mailto:olmos.sofia@inta.gob.ar)

En regiones de clima templado, incluyendo Argentina, se demandan cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) tolerantes a bajas temperaturas en estadios tempranos para lograr una buena implantación del cultivo en fecha de siembra temprana, práctica recomendada para optimizar la logística de la siembra y la captación de radiación. Las temperaturas debajo de 20° C que se manifiestan en tales condiciones, retardan tanto la germinación de las semillas, como el crecimiento de plántulas y el establecimiento del cultivo perjudicando el rendimiento.

El mapeo de asociación (MA), mediante los métodos de estudio de asociación del genoma completo (GWAS (Genome-wide Association Study) como el método del gen candidato, son métodos de mapeo de *loci* de herencia cuantitativa (QTL, Quantitative Trait Loci) que aprovechan el desequilibrio ligamiento entre marcadores moleculares para vincular fenotipos a genotipos y descubrir así marcadores útiles para el mejoramiento genético.

En este trabajo se realizó un estudio de GWAS para tolerancia a bajas temperaturas en estadio de germinación utilizando un panel de 260 genotipos, pertenecientes a la subespecie *indica.* Se empleó además, un set original de 80.000 polimorfismos de nucleótidos simples (SNP (Single Nucleotide Polimorphism) de cobertura genómica y 18.353 SNP finales luego del filtrado. El panel se evaluó por su aptitud para germinar en cámara de crecimiento a 16°C a los 4, 7 y 14 días de la siembra y para acumular biomasa luego de 21 días de crecimiento, empleando varios indicadores de germinación y crecimiento. Para ello se utilizó un diseño experimental aumentado. El estudio GWAS se realizó utilizando diferentes modelos de análisis, lográndose finalmente el mejor ajuste con un modelo mixto que incluyó a la matriz de parentesco como factor aleatorio.

El panel mostró alta variabilidad genética, bajo desequilibrio de ligamiento entre *loci* dentro de cromosomas, resultando en asociaciones significativas los indicadores: vigor germinativo (VG), tasa de germinación (TG) a los 14 días, materia seca de coleptile y total (MSC y MST) y los promedios de materia seca por plántulas (MSC/pl y MST/pl). En total se hallaron cien asociaciones significativas (P<1x10-04) correspondientes a treinta y tres *loci*, posicionados en cromosoma 6 para VG y TG y sobre cromosomas 1, 2, 4, 7, 8 y 11 para MSC, MST, MSC/pl y MST/pl. Algunos de estos SNPs colocalizan con QTL y genes candidatos previamente informados y que se encuentran relacionados con la actividad α- amilasa, la osmoregulación, la transducción de señales, la respuesta a estrés oxidativo ante bajas temperatura y otros estreses abióticos como sequía. Además, se identificaron nuevos genes candidatos de los cuales aún no se conoce su función fisiológica. Estos resultados son promisorios para el estudio de genes candidatos para tolerancia a baja temperatura en estadio de germinación con el objetivo de desarrollar y validar marcadores para selección asistida para los programas de mejoramiento de arroz de Argentina.