

## Resumen

A nivel mundial, el objetivo principal de los programas de mejoramiento de trigo candeal es desarrollar variedades con mayores rendimientos. El rendimiento potencial se define como el rendimiento de un genotipo adaptado y crecido en condiciones óptimas de manejo y en ausencia de factores bióticos y abióticos. El rendimiento (Kg/ha) de trigo también puede ser disectado en sus componentes, incluyendo los componentes de espigas (número de granos/espiga y peso de granos/espiga, número de espiguillas totales/espiga, fertilidad de espiga, número de granos/espiguillas fértiles y número de granos/espiguillas totales), los caracteres agronómicos (altura de planta, peso de mil granos, peso hectolítrico y Índice de cosecha) y caracteres morfológicos (largo de pedúnculo).

El objetivo de esta tesis fue caracterizar genética y biométricamente el carácter rendimiento y sus componentes en varios ambientes y mapear regiones genómicas asociadas a estos caracteres en una población de RILs de trigo candeal derivada de la cruce Kofa x UC1113.

En función de este objetivo general, se plantearon los siguientes objetivos particulares: 1. Cuantificar y evaluar la respuesta de la población de RILs en varios ambientes de Argentina (localidad y año), 2. Estimar parámetros genéticos que permitan la caracterización genética-biométrica de los caracteres, 3. Mapear QTL asociados a rendimiento y sus componentes, 4. Identificar marcadores moleculares ligados a esos caracteres, 5. Realizar correlaciones entre el rendimiento y sus componentes y entre componentes entre sí y 6. Determinar regiones del genoma pleiotrópicas para estos caracteres.

Para ello se evaluó el rendimiento y sus componentes en una población de 93 RILs derivadas de la cruce UC1113 x Kofa, los progenitores y 8 cultivares comerciales de la Argentina. Estos materiales fueron sembrados en cuatro ambientes (CEI-Barrow 2006/07, INTA-Balcarce 2007/08, CEI-Barrow 2007/08 y ACA-Cabildo 2007/08).

El rendimiento y sus componentes evaluados en esta tesis fueron expresados de la siguiente forma: rendimiento (Kg/ha), peso de granos (g), peso hectolítrico (kg/hl), altura de planta (cm), largo del pedúnculo (cm), peso de granos/espiga (g), índice de cosecha (%), fertilidad de espiga (%) y en número, por espiguillas totales/espiga, granos/espiga, granos/espiguillas fértiles y granos/ espiguillas totales.

El material de estudio, la población de RILs, presentó durante el desarrollo del cultivo en los ensayos a campo, una particularidad: se observó la presencia de espigas “blancas” entre las espigas “verdes o normales”. Las espigas blancas se presentaron en algunos genotipos de la

población, no en todos, y en diferente magnitud. El rendimiento fue ajustado para mapear utilizando la manera mencionada por otros autores (Khan et al. (2000) y por CIMMYT) para minimizar o eliminar el efecto espiga blanca.

La distribución de los valores fenotípicos en las RILs evidenció un tipo de herencia transgresiva bi-direccional para todos los caracteres en todos los ambientes. De acuerdo al test de Shapiro-Wilk ( $\alpha = 0,05$ ) la **distribución de frecuencias** de los valores fenotípicos obtenidos (rendimiento y sus componentes para cada ambiente) fue normal en los ambientes para la mayoría de los caracteres. Los datos fueron completamente normales en todos los ambientes para **altura de planta, espiguilla totales/espiga y peso de granos/espiga**, parcialmente normales (entre uno y tres ambientes) **para peso de mil granos, peso hectolítrico, largo del pedúnculo, número de granos/espiga, número de granos/espiguillas totales, índice de cosecha, fertilidad de espiga y número de granos/espiguillas fértiles**. Sin embargo, para el carácter rendimiento la distribución no fue normal en ninguno de los ambientes considerados.

Los caracteres número de granos/espiga, peso de granos/espiga, peso de mil granos, peso hectolítrico, altura de planta, largo del pedúnculo, número de espiguillas totales/ espiga y número de granos/espiguillas totales mostraron en la **variación fenotípica** un componente **genotípico** mayor que el componente **ambiental** en la mayoría de los ambientes. Esto resultó en una alta heredabilidad de los mismos. Los caracteres fertilidad de espiga y número de granos/espiguillas fértiles mostraron en la variación fenotípica un componente genotípico mayor que el componente ambiental en dos de los cuatro ambientes. Sin embargo, para el carácter rendimiento, la variación fenotípica incluyó un componente ambiental elevado, mayor que el componente genotípico en la mayoría de los ambientes. La **interacción genotipo x ambiente** resultó ser altamente significativa por todos los caracteres, indicando que las diferencias en los caracteres entre los distintos genotipos no son las mismas en los diferentes ambientes.

Los valores de LOD significativos para todos los caracteres evaluados por ambiente o en combinaciones de ambientes utilizando el test de 1000 permutaciones fueron de alrededor de 3,0. El rango de los valores de LOD para los diferentes caracteres estuvo entre 2,0 (fertilidad de espiga) y 3,4 (rendimiento).

En **total se encontraron 74 QTL significativos y 36 QTL probables** para rendimiento y sus componentes. Los **QTL significativos** encontrados en esta tesis fueron: 5 para rendimiento; 7 para número de granos/ espiga; 4 para peso de granos/espiga; 8 para peso de mil granos; 5 para peso hectolítrico; 7 para altura de planta; 8 para largo del pedúnculo; 5 para índice de

cosecha; 6 para número de espiguillas totales/espiga; 6 para fertilidad de espiga; 5 para número de granos/espiguillas fértiles y 8 para número de granos/ espiguillas totales.

Los **QTL probables** encontrados en esta tesis fueron: 4 para rendimiento; 3 para número de granos/ espiga; 5 para peso de granos/espiga; 3 para peso de mil granos; 4 para peso hectolítrico; 2 para largo del pedúnculo; 5 para índice de cosecha; 1 para número de espiguillas totales/espiga; 2 para fertilidad de espiga; 6 para número de granos/espiguillas fértiles y uno para número de granos/ espiguillas totales.

En total se encontraron **80 NUEVOS QTL (60 significativas y 20 probables)** para rendimiento y sus componentes. Los nuevos QTL encontrados fueron: 2 para rendimiento; 7 para número de granos/ espiga; 5 para peso de granos/espiga; 5 para peso de mil granos; 7 para peso hectolítrico; 3 para altura de planta; 10 para largo del pedúnculo; 8 para índice de cosecha; 5 para número de espiguillas totales/espiga; 8 para fertilidad de espiga; 11 para número de granos/espiguillas fértiles y 9 para número de granos/ espiguillas totales.

**Pocos de los QTL mapeados fueron estables** para el carácter en cuestión. El número de **QTL estables** encontrados para cada carácter fue: uno para número de granos/espiga; uno para peso hectolítrico; 5 para altura de planta; 4 para largo del pedúnculo; 3 para número de espiguillas totales/espiga y uno para número de granos/espiguillas fértiles. El número de **QTL probablemente estables** encontrados para cada carácter fue: uno para rendimiento; uno para peso de granos/ espiga; 3 para peso de mil granos; 2 para índice de cosecha; 2 para fertilidad de espiga y uno para número de granos/espiguillas totales.

La variación fenotípica para cada carácter estuvo en los siguientes rangos: rendimiento (9,67% a 27,51%), peso de mil granos (9% a 42,01%), peso hectolítrico (7,95% a 34,53%), altura de planta(8,41% a 45%), largo del pedúnculo (6,12% a 40,6%), índice de cosecha (7,9% a 28%), número de espiguillas totales/espiga (8% a 32,5%), número de granos/espiga (8,35% a 24,6%), peso de granos/espiga (8,54% a 22,4%), fertilidad de espiga (7,33% a 15,4%), número de granos/espiguillas fértiles (8,2% a 27,75) y número de granos/ espiguillas totales (7,15% a 23%).

El efecto aditivo para cada carácter estuvo en los siguientes rangos: rendimiento (109,9Kg/ha a 335,4Kg/ha), peso de mil granos (0,60g a 1,46g), peso hectolítrico (0,24Kg/hl a 0,56Kg/hl), altura de planta(1,55cm a 3,73cm), largo del pedúnculo (0,62cm a 1,63cm), índice de cosecha (0,005% a 0,014%), número de espiguillas totales/espiga (0,20 a 0,41), número de granos/espiga (0,63 a 1,43), peso de granos/espiga (0,03g a 0,07g), fertilidad de espiga (0,009%

---

a 0,025%), número de granos/espiguillas fértiles (0,03 a 0,07) y número de granos/ espiguillas totales (0,03 a 0,08).

Por otro lado se encontraron 7 QTL significativos y 4 QTL probables para el carácter espigas blancas. Este carácter afecta el rendimiento y sus componentes. Se encontraron 4 QTL estables para el carácter. Este carácter mostró una alta heredabilidad, en un rango de 90% - 98%, con un promedio de 94%. La variación fenotípica estuvo en un rango de 3,03% a 24,45%. El efecto aditivo estuvo en un rango de 1,13% a 3,63%. Este carácter fue especificado por una combinación de alelos aportados por ambos progenitores de la población de RILs. La variedad Kofa afecta el carácter debido a alelos ubicados sobre los cromosomas 1B, 2B, 3A y 5A. La línea UC1113 aporta alelos ubicados sobre los cromosomas 3B, 5B y 7A.

Para la mayoría de los caracteres, el **progenitor UC1113** portó el alelo favorable, como por ejemplo para rendimiento, número de granos/espiga, peso de granos/espiga, peso de mil granos, peso hectolítrico, índice de cosecha y número de granos/espiguillas totales. Los casos donde el alelo favorable fue aportado por ambos progenitores (UC1113 y Kofa) fueron altura de planta, largo del pedúnculo, número de espiguillas totales/espiga, fertilidad de espiga y número de granos/espiguillas fértiles. Como se mencionara más arriba, para la mayoría de los QTL hallados, el alelo favorable fue aportado por UC1113, siendo este el progenitor de mayor rendimiento.

**Regiones pleiotrópicas** para varios caracteres fueron encontradas en los ambientes y en sus promedios. Los cromosomas que mostraron regiones pleiotrópicas incluyendo más caracteres fueron: **2B** asociada al marcador **wmc361**, **3A** asociada al marcador **ksm28**, **3B** asociada a los marcadores **gwm493**, **barc147** y **cf79**, **4A** asociada a los marcadores **gwm265** y **wmc258**, **4B** asociada al marcador **ksm62** y **5A** asociada al marcador **gwm126**. De todos los caracteres, la altura de planta y el largo del pedúnculo fueron los que mostraron una asociación más estable.

Los estudios realizados en esta tesis mostraron correlaciones altamente significativas entre varios componentes del rendimiento. Los componentes más correlacionados entre si fueron el carácter rendimiento con los componentes principales NG/E y PG/E y ellos mismos se encontraron correlacionados positivamente con todos los demás componentes evaluados. Por otro lado, los caracteres que encontraron correlaciones con algunos de los componentes en todos los ambientes fueron: RTO con NG/E, PG/E y NG/EgT; PMG con PG/E; ALT con LP, PG/E y FE; LP con ALT y PG/E; IC con NG/E, PG/E, FE, NG/EgF y NG/EgT; EgT/E con NG/E y PG/E; NG/E con RTO, IC, EgT/E, PG/E, FE, NG/EgF y NG/EgT; PG/E con RTO, PMG, ALT, LP, IC, EgT/E, NG/E,

FE, NG/EgF y NG/EgT; FE con ALT, IC, NG/E, PG/E y NG/EgT; NG/EgF con IC, NG/E y PG/E y NG/EgT con RTO, NG/E, PG/E, FE y NG/EgF.

La selección directa o indirecta para estos componentes podría aumentar el rendimiento potencial de trigo candeal. El carácter espigas blancas mostró correlaciones negativas con todos componentes del rendimiento, por lo cual deberían no incluirse las líneas afectadas en los programas de mejora.

En esta tesis, se encontraron varios QTL a lo largo de los cromosomas de trigo candeal para el carácter rendimiento y sus componentes. Los mismos y sus marcadores asociados podrán ser utilizados en el programa del mejoramiento de trigo candeal para lograr mayores rendimientos. Se trabaja en colaboración con la Asociación de Cooperativas Argentinas y otros criaderos nacionales de trigo y el Programa de mejoramiento del INTA a través del PAE 37108 (ANPCyT).

Estos QTL pueden ser de utilidad para:

- Introducir aquellos favorables o interesantes en materiales de interés.
- Realizar selección asistida por marcadores en programas de mejoramiento.
- Analizar germoplasma para los caracteres evaluados.

También podemos concluir, de lo expuesto, que todas las hipótesis planteadas se han cumplido:

Se determinaron las regiones genómicas que determinan el rendimiento y sus componentes.

**Se** estudió la respuesta de los distintos genotipos al ambiente en varios ambientes (definidos por localidad y año), que varía en distinta medida para los diferentes caracteres y los diferentes ambientes.

El mapa genético basado en marcadores moleculares posibilitó la obtención de marcadores ligados a QTL para los caracteres investigados.