BV28

**Estructura genética y desequilibrio de ligamiento en una colección del panel de asociación de arroz (Oryza sativa L.) de INTA**

Bonell, M.L.1; Olmos, S.E.2; Galván, M.F.1; Royo, O.M.2; Peichoto M.C.3; Pachecoy, M.I.2

1) EEA INTA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina, 2) EEA INTA Corrientes, Corrientes, Argentina; 3) Facultad Ciencias Agrarias (FCA)-UNNE, Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina. Email: olmos.sofia@inta.gob.ar

El mapeo de asociación (MA), es un método de mapeo de *loci* de herencia cuantitativa (QTL, *Quantitative Trait Loci*) que utiliza un panel de líneas para establecer las asociaciones entre fenotipos y genotipos. Con el fin de reducir la ocurrencia de falsas asociaciones (error Tipo I), los modelos de análisis suelen incorporar estimaciones de estructura genética dentro del panel. El estudio del desequilibrio de ligamiento (DL) entre *loci* brinda otra herramienta para evaluar la calidad del panel para el MA.

En este trabajo se estimó la estructura genética de 94 genotipos de arroz seleccionados de una colección de INTA de 159 materiales, incluyendo refererentes de la subespecie *indica*, *japonica* y cultivares, líneas estabilizadas y elite de los programas de mejoramiento de arroz de Argentina. Se emplearon 83 polimorfismos de nucleótidos simples (SNP, *Single Nucleotide Polimorphism*) de distribución genómica. La estructura genética se estimó con el programa Structure 2.3.3 utilizando un modelo de mezcla genética, cien mil iteraciones para el proceso del *burnin* y cien mil para el proceso posterior al mismo, con tres repeticiones. El número de subpoblaciones más probable (k) se basó en el método Bayesiano de inferencia, fijando *a priori* simulaciones de una a diez subpoblaciones (k=1 a 10). El valor de k más probable se seleccionó según la distribución del logaritmo de la probabilidad Ln P(D) y la prueba de Evanno implementada con el programa Structure Harvester. Los genotipos se consideraron pertenecientes a una subpoblación discreta cuando su coeficiente de pertenencia (Q) superaba el 80%. Adicionalmente, se realizó un análisis componentes principales (ACP) con el programa Infostat, previa imputación de datos perdidos con el programa Tassel 5.0. El grado de desequilibrio de ligamiento entre *loci* se calculó con el coeficiente de correlación (*r2*).

La colección evidenció una estructura genética marcada correspondiente a las subespecies *indica*  y *japonica.* La distribución de Ln P(D) de Structure fue creciente al aumentar el valor k. Sin embargo, la mayor variación de Ln P(D) se observó a un k=2 mientras que la prueba de Evanno identificó a k=2 como el valor más probable. A k=2, la mayor parte de los genotipos resultaron en asignaciones de subpoblaciones discretas, solo se obtuvieron cinco genotipos mezclas. La subpoblación minoritaria fue la *japonica* con veintiséis genotipos. La mayoría de materiales de origen Argentina-FLAR agruparon con cultivares brasileros y referentes *indica* mientras que materiales de INTA Concepción del Uruguay agruparon tanto con referentes *indica* como *japonica*. El ACP confirmó el agrupamiento de Structure, explicando el CP 1 y CP2 el 27 y 5% de la variación, respectivamente. En general, el CP 1 separó entre materiales *indica* y *japonica* y el CP2 separó a las *japonica* por tipo de grano. El rango de variación de DL entre loci fue de 0 hasta 0,89, si bien el 85% de las comparaciones estuvieron por debajo del umbral *r2*=0,2. Por otro lado, se observó alto DL entre cromosomas 3 y 7 con el cromosoma 9. Estos resultados son promisorios para seguir avanzando en la caracterización del panel de arroz de INTA para estudios de MA de caracteres de interés agronómico.