

Director/a: OLMOS, Sofía

Título del Trabajo Final: “Variación de SNPs e INDELS en la región ortóloga de maíz de un gen responsable del incremento de la senescencia en trigo.”

Tesista: UGARTE, Ana Mercedes

Resumen: El gen denominado WNAC-B1 en trigo contiene un dominio funcional NAC que es responsable del incremento de senescencia de la planta. Debido a la colinearidad existente entre los genomas de gramíneas y en base a la similitud de secuencias, se localizó en maíz la región ortóloga del mismo, que corresponde al gen ZmNAC. Una secuencia parcial de este gen ortólogo fue analizada en seis líneas de maíz contrastantes para atributos implicados en la Eficiencia del uso del Nitrógeno (EUN), entre ellos la senescencia. A nivel génico, se hallaron diferencias entre las líneas, determinadas por variaciones de secuencias conocidas como SNPs e INDELS. A partir de estas desigualdades, se determinaron los haplotipos característicos para cada línea, en base al ligamiento presente entre los polimorfismos. Ninguna de estas variaciones mostró corrimiento del marco del lectura de la proteína predicha y muy pocas afectaron el cambio de un aminoácido por otro no sinónimo. Por lo tanto, las proteínas predichas en las líneas de maíz mostraron similitud y conservación con respecto al dominio funcional del gen WNAC-B1 de trigo.

Palabras claves: gen WNAC-B1, colinearidad , gen ZmNAC.

Año de la defensa: 2013