

Título: “Prueba de modelos y métodos para el mapeo de asociación de la respuesta al fotoperiodo en maíz.”

Alumno/a: CHALELA Luciano

Director/a: Dra. Olmos Sofia

Codirector/a: Ing. Agr. Pistorale Susana

Fecha de defensa: 01/03/2018

RESUMEN

El mapeo de asociación, en sus dos modalidades de estudio de asociación del genoma completo (GWAS *Genome-wide Association Study*) como del gen candidato, es un método de mapeo de *loci* de herencia cuantitativa (QTL, *Quantitative Trait Loci*) que tienen como fin asociar fenotipos a marcadores moleculares y descubrir así marcadores útiles para el mejoramiento genético. A diferencia del mapeo tradicional, la población de mapeo está formada por un panel de líneas que suelen estar emparentadas y en conjunto presentan estructura genética, propiedades que promueven la ocurrencia de falsos positivos en las asociaciones fenotipo-marcador. El objetivo de este trabajo fue utilizar un caso de mapeo de asociación de la respuesta fotoperiódica del tiempo a floración en maíz (gen candidato *ZmCCT*) como modelo de estudio de caracteres agronómicos complejos, de manera de probar diferentes metodologías estadísticas y sets de datos para verificar reproducibilidad de resultados y ajustes de modelos de asociación. Como resultado se logró establecer en el panel de maíz, relaciones de estructura genética similares a las originales tanto con polimorfismos de nucleótido simple (SNP, *Single Nucleotide Polymorphism*) como con microsatélites (SSR, *Single Sequence Repeat*). El método del gen candidato permitió identificar a los dos SNP ligados al gen candidato *ZmCCT* del cromosoma 10, según lo informado previamente. El GWAS, por el contrario, empleando otro set de datos y población a lo utilizado originalmente, no logró identificar SNP suficientemente cercanos a *ZmCCT*. Los modelos de análisis generalizado lineal (GLM) y lineal mixto (MLM) brindaron diferentes cantidades de asociaciones significativas, las que a su vez variaron según el ajuste por estructura y parentesco. Los datos fenotípicos promediados por ambientes redujeron el número de asociaciones significativas comparado con los datos fenotípicos por ambiente individual. Fue posible una reproducción parcial de los resultados originales informados según los tipos de marcadores, poblaciones, modelos y ajustes utilizados.