

Título: “Genotipado de familias de retrocruza 3 de un proyecto de introgresión de *loci* de caracteres cuantitativos para resistencia a *Fusarium*”

Alumno/a: HIRSCH, Mailén

Director/a: Ing. Agr. Antonio Díaz Paleo

Codirector/a: Dr. Daniel Presello

Fecha de defensa: 22/03/2019

RESUMEN

Las podredumbres de espigas causadas por diferentes especies de *Fusarium* son una de las tantas enfermedades prevalentes en el maíz que terminan afectando la producción. Previamente se mapeó, en una población biparental derivada de las líneas endocriadas LP4637xL4674, un QTL de resistencia a la podredumbre de espiga de efecto mayor en el cromosoma 2, *bin* 2.03. A fin de probar el efecto de este QTL en otros fondos genéticos, se realizaron retrocruzas con las líneas LP918 (susceptible) y LP564 (moderadamente resistente) como parentales recurrentes y la línea LP4637 como donante del QTL. Las progenies (LP918xLP4637) BC3@2 y (LP564xLP4637) BC3@2 fueron genotipadas con marcadores moleculares SSR e INDEL polimórficos, utilizando como extremos los SSR *umc1845* y *bnlg381* y un mayor nivel de saturación de marcadores en la zona donde se posicionan los genes *pal* (*pal2* y *pal6*), los cuales podrían estar implicados en las respuestas de resistencia a enfermedades. Se encontraron mayores niveles de polimorfismos con el parental LP564, por lo que la mayoría de los análisis se enfocaron en la descendencia del mismo. Se destacó la familia 45 que presentó alta frecuencia de alelos provenientes del parental resistente LP4637. En base a datos fenotípicos disponibles, se determinó los marcadores SSR *phi109642* y el INDEL *LB21*, que explicaron una porción significativa de la variación fenotípica de la enfermedad inducida por *F. verticillioides* ($R^2 = 0,16$) o *F. graminearum* ($R^2 = 0,16$). El INDEL *LB21* se localiza en el primer intrón del gen *pal2*, destacando de esta manera la importancia del gen como candidato para futuras investigaciones en resistencia a *Fusarium*.