

Título: “Optimización de mapeo de *loci* de caracteres cuantitativos asociados a eficiencia de uso de nitrógeno en maíz e identificación de genes candidatos.”

Alumno/a: MANZELLI, Gisela Andrea

Director/a: Dra. Cecilia Mandolino

Codirector/a: Ing. Agr. Antonio Horacio Díaz Paleo

Fecha de defensa: 28/08/2018

RESUMEN

La absorción de nitrógeno (N) por las plantas tiene un papel importante en su crecimiento. En consecuencia, los fertilizantes nitrogenados han sido una herramienta útil para aumentar el rendimiento de las plantas cultivadas, pero cuando se usan de forma indiscriminada pueden causar severos daños al medio ambiente y pérdidas económicas. Por lo tanto, el mejoramiento para la adaptación a tipos de estrés como la falta de N es de gran importancia. La mayoría de los caracteres más relevantes para el mejoramiento vegetal son cuantitativos. El mapeo de *loci* de caracteres cuantitativos (QTL) permite identificar regiones en el genoma que explican parte de la variación fenotípica observada. El objetivo de este trabajo fue aumentar la precisión de la localización de QTL para la eficiencia de uso de nitrógeno (EUN) detectados en los cromosomas 1, 8 y 9 de maíz sobre un mapa genético elaborado a partir de una población de 181 líneas endocriadas recombinantes o RILs (del inglés *Recombinant Inbred Lines*) S6 derivada del cruzamiento B100xLP2 incrementando el número de marcadores moleculares microsatélites o SSR (del inglés *Simple Sequence Repeats*) e INDEL (combinación de las palabras inglesas *insertion – deletion*). Para realizar la caracterización genotípica se probaron 149 marcadores SSRs e INDEL en los parentales, de los cuales 40 fueron usados para evaluar la población de RILs. La incorporación de marcadores moleculares nuevos a los mapas de ligamiento de los cromosomas 1, 8 y 9 permitió una mejor representación de los cromosomas y mayor precisión en la localización de los QTL. Para todos los cromosomas se logró incrementar la longitud del mapa con respecto al obtenido previamente. El mapeo de QTL se realizó mediante mapeo por intervalo compuesto (MIC) y se detectaron 11 QTL en los cromosomas 1, 8 y 9. En el cromosoma 1, se detectaron dos QTL para EUN uno para cada año de ensayo, con intervalos de confianza que se superponen parcialmente, y podría tratarse de un QTL estable en los diferentes ambientes. En el cromosoma 9, se detectaron tres QTL para EUN, solo uno (EUN-1d) se localizó dentro de la región de interés y la incorporación de marcadores permitió acotar el intervalo del QTL para EUN detectado sobre el cromosoma 9 de 55,3 Mpb a 15,4 Mpb. Los QTL EUN-1d y ICN-1b (índice de cosecha de N) colocalizaron entre los mismos marcadores

indicando que se podría tratar de un único QTL. En los cromosomas 8 y 9 se detectaron QTL nuevos para EUN, ICN y rendimiento fuera de la región de interés. Muchos de los QTL detectados coincidieron con los QTL encontrados en la bibliografía. Se identificaron 3155 genes dentro de los intervalos de los QTL detectados y se clasificaron según su función. El 67% de los mismos corresponden a proteínas con función putativa, mientras que el 33% restante aún no tienen una función caracterizada. Se identificaron genes relacionados al metabolismo del N en la mayoría de los intervalos de los QTL, como asparagina sintetasa y glutamato sintasa, y genes involucrados en la respuesta al estrés y el transporte de aminoácidos.

La incorporación de marcadores moleculares logró acotar el intervalo de un QTL sobre el cromosoma 9, sin embargo muchos de los intervalos siguen siendo amplios. Un mapeo fino permitiría detectar marcadores más próximos a los QTL de interés, los cuales podrían ser usados para selección asistida por marcadores para mejorar la EUN.

Palabras clave: fijación de granos, Maíz *Flint*, tasa de crecimiento del cultivo, tasa de crecimiento de la espiga, partición, densidad de siembra, fecha de siembra.