

Título: “Localización de regiones genómicas relacionadas con la tolerancia a bajas temperaturas durante la imbibición de semillas de maíz.”

Alumno/a: NAZAR, Yael

Director/a: Ing. Agr. (MSc.) Carla Delucchi

Codirector/a: Ing. Agr. (MSc.) Erika Mroginski

Fecha de defensa: 28/05/2018

RESUMEN

En zonas de clima templado y en siembras tempranas, el cultivo del maíz se ve sometido a mayor frecuencia de temperaturas sub-óptimas, antes y después de la emergencia. Estas pueden ocasionar fallas en la germinación y la emergencia de plántulas, produciéndose una jerarquización de individuos con el consiguiente efecto sobre el rendimiento. El objetivo del trabajo fue caracterizar la naturaleza genética de la tolerancia al frío durante la etapa de imbibición de las semillas en la germinación, mediante un análisis de QTL (loci de caracteres cuantitativos). Para ello se evaluó una población F2 de maíz, derivada del cruzamiento entre dos líneas endocriadas: LP3830 (tolerante al frío) x LP179 (susceptible al frío). Se fenotipificaron 204 familias F2:4, en un experimento dispuesto en un DBCA (Diseño en bloques completos aleatorizados) con 3 repeticiones. Se colocaron 25 semillas sobre toallas de papel humedecidas durante 14 días a 5°C y luego se transfirieron 7 días a 25°C para su germinación. Las familias F2:4 presentaron diferencias genotípicas significativas para todos los rasgos evaluados (porcentaje de germinación, de semillas con coleoptilo y radículas mayores a 0,5 cm y de plantas logradas; peso húmedo y seco de la parte aérea, y de la raíz) al finalizar el experimento. El genotipado de las plantas F2 usando 28 SSRs en los cromosomas 2 y 6 permitió generar mapas de ligamiento para dichos cromosomas. Mediante el mapeo de QTL por intervalo compuesto, tomando un valor umbral de LOD=2,5, se detectaron tres regiones en el cromosoma 2 asociadas a la expresión de varios rasgos evaluados (peso húmedo de la parte aérea individual, peso húmedo de la raíz individual, peso húmedo de la raíz y semillas con coleoptilo mayor a 0,5) y dos regiones en el cromosoma 6 (peso húmedo de la parte aérea individual, peso húmedo de la raíz individual y peso húmedo de raíz). La información obtenida mediante el mapeo de QTL relacionados con la tolerancia al frío en el genoma del maíz, permitirá incrementar los conocimientos de las bases genéticas de dicho carácter y beneficiar los programas de mejoramiento que se desarrollan actualmente mediante la selección asistida por marcadores moleculares.

PALABRAS CLAVES: QTL, imbibición, maíz, baja temperatura, germinación, estrés abiótico.