

Programa de Posgrado en Ciencias Agrarias
Carrera de Doctorado

RESUMEN FINAL DE TESIS

-Lic. en Cs. Biol. María Pía Alonso

Tesis: "Bases moleculares de la fertilidad de la espiga en trigo pan"

Jurado Evaluador (OCA 127/18)

Ing. Agr. Ph.D. Ana María Castro (Instituto de Fisiología Vegetal – CONICET La Plata)

Biol., Dr. Marcelo Helguera (INTA Marcos Juárez)

Lic. en Cs. Biol., Ph.D. Giselle María Astrid Martínez Noel (INBIOTEC-CCT CONICET, MdP)

Directora de tesis: Ing. Agr., Dra. Ana Clara Pontaroli

El trigo pan es uno de los cultivos de granos más importantes del mundo. Uno de los principales objetivos del mejoramiento genético a nivel mundial es el aumento del rendimiento en grano. El rendimiento es un carácter complejo, controlado por un elevado número de genes, con alta influencia ambiental e interacción genotipo por ambiente. Sumado a esto, el trigo es una especie alohexaploide de origen muy reciente (~8000 años) y por esto, las relaciones entre genes homeólogos son complejas. Por lo tanto, el desafío de continuar mejorando sostenidamente el rendimiento requiere de la identificación de caracteres asociados al rendimiento de fácil medición y del trabajo interdisciplinario (ecofisiología, mejoramiento genético tradicional, genética molecular, bioinformática, estadística, entre otras). En este sentido, el objetivo del proyecto fue identificar regiones genómicas asociadas a la fertilidad de espiga (FE), un carácter de fácil medición a madurez, que está fuertemente asociado al número de granos por superficie, el principal determinante del rendimiento en trigo pan. Para esto, se utilizó una población de 146 líneas endocriadas recombinantes (RIL) derivadas del cruzamiento entre Baguette 10 (madre de alta FE) y Klein Chajá (padre de baja FE). Se realizaron tres ensayos a campo, durante los ciclos agrícolas 2013, 2014 y 2015, para determinar la FE, como así también el rendimiento y sus componentes para cada una de las líneas y sus parentales, además de otros caracteres de interés agronómico. Se analizó la correlación genética entre caracteres medidos y se estimaron los componentes de varianza de los mismos para calcular su heredabilidad en sentido estricto. Un grupo de 126 RIL fue genotipificado con un "chip" comercial (Axiom® 35K SNP Wheat Breeder's Array, Affimetrix). Se construyó un mapa de ligamiento con 857 marcadores SNP en 80 RIL, y se realizó un mapeo de QTL para los caracteres medidos a campo. La distribución de frecuencia de la FE para la población mostró una forma acampanada para los tres años de evaluación fenotípica, y segregación transgresiva hacia ambos lados de la distribución. La heredabilidad en sentido estricto del carácter fue de 0,84, con sólo un 11% de varianza total debida a la interacción genotipo x ambiente. La FE estuvo positivamente asociada al número de granos por unidad de superficie ($r=0,48$) mientras que estuvo negativamente asociada al peso de mil granos ($r=-0,49$). El rendimiento estuvo asociado al número de granos por superficie, mientras que no presentó asociación con el peso de mil granos. Se encontraron cuatro regiones genómicas (QTL) asociadas a la FE, en los cromosomas 1B, 2D, 5B y 7A. En total, estas regiones explicaron un 26% de la variación total en FE, no hubo interacción QTL por año y no hubo ninguna interacción entre QTL ($p>0,05$). Se desarrollaron marcadores homeólogo-específicos y alelo-específicos para cada uno de los marcadores contenidos en el intervalo de confianza de cada uno de los QTL. Cinco de los seis marcadores desarrollados para el QTL del cromosoma 2D fueron probados en un grupo de individuos de la población genotipificada, pero no fue posible amplificar el polimorfismo correspondiente de manera consistente. Debido al amplio intervalo de mapa de las regiones genómicas que mostraron asociación con la FE, no fue posible avanzar en la búsqueda de genes candidatos para el carácter. No obstante, los resultados del presente trabajo constituyen un avance significativo en el establecimiento de las bases genético-moleculares de la fertilidad de la espiga, escasamente conocidos hasta el momento.