

INFORME CIENTIFICO DE BECA

Legajo N°:

BECA DE ESTUDIO

PERIODO 2013

1. APELLIDO: NEGRI

NOMBRES: MARIA EMILIA

Dirección Particular: Calle: N°:

Localidad: CP: Tel:

Dirección electrónica (donde desea recibir información):

2. TEMA DE INVESTIGACIÓN (Debe adjuntarse copia del plan de actividades presentado con la solicitud de Beca)

Mapeo de QTLs para la resistencia a *Cercospora zeae-maydis* en maíz (*Zea mays* L.)

3. OTROS DATOS (Completar lo que corresponda)

BECA DE ESTUDIO: 1º AÑO: *Fecha de iniciación:* 01-04-2013

2º AÑO: *Fecha de iniciación:*

BECA DE PERFECCIONAMIENTO: 1º AÑO: *Fecha de iniciación:*

2º AÑO: *Fecha de iniciación:*

4. INSTITUCIÓN DONDE DESARROLLA LOS TRABAJOS

Universidad y/o Centro: Unidad integrada UNNOBA-EEA INTA Pergamino

Facultad:

Departamento:

Cátedra:

Otros:

Dirección: Calle: Ruta 32 *N°:* Km 4.5

Localidad: Pergamino *CP:* 2700 *Tel:* 02477-439055

5. DIRECTOR DE BECA

Apellido y Nombres: Guillermo H. Eyherabide

Dirección Particular: Calle: N°:

Localidad: CP: Tel:

Dirección electrónica:

6. EXPOSICIÓN SINTÉTICA DE LA LABOR DESARROLLADA EN EL PERIODO. (Debe exponerse la orientación impuesta a los trabajos, técnicas empleadas, métodos, etc., y dificultades encontradas en el desarrollo de los mismos, en el plano científico y material).

Se realizó la caracterización genotípica de la población de mapeo F2 (LP598xCML327) a partir de plantas adultas de maíz. El tejido vegetal correspondiente a cada planta se liofilizó y se molió. La extracción de ADN del material liofilizado se realizó mediante el método de Kleinhofs et al. (1993). Las muestras de ADN extraído fueron cuantificadas en geles de agarosa al 0.8% teñido con bromuro de etidio usando como testigos patrones de concentración de ADN conocida.

Se analizaron las líneas parentales con 309 marcadores SSR, de los cuales 202 resultaron polimórficos. Con ellos, se procedió al genotipado de la población F2.

Las secuencias de los primers se obtuvieron de la base de datos pública MaizeGDB (<http://www.maizegdb.org/>). Se seleccionaron SSR uniformemente distribuidos a lo largo de cada cromosoma de maíz.

Las regiones de microsatélites fueron amplificadas mediante la técnica de PCR. Los productos de PCR se corrieron en geles de poliacrilamida al 6% (w/v) en condiciones desnaturizantes a voltaje constante y se visualizaron por tinción con plata según protocolo Promega Corp.

Se llegaron a correr 131 marcadores polimórficos en la población de mapeo, de los cuales el 54% presentó alelos "raros" que son aquellos que están presentes en la población pero ausentes en los parentales que le dieron origen. En los marcadores que no presentaban alelos raros se estudió la segregación esperada mediante un test chi cuadrado, lo que dio a conocer que sólo 15 marcadores segregaban de manera adecuada (1:2:1).

Con estos resultados preliminares se pudo deducir que la población F2 con la que se contaba estaba contaminada o tendría algún tipo de problema en su generación, lo que no permitirá un correcto análisis de mapeo de QTLs.

Debido a ello, se plantea una nueva estrategia para la búsqueda de QTLs teniendo en cuenta el material con el cual se dispone en el Programa de Mejoramiento de Maíz de EEA INTA Pergamino. La misma se basa en realizar un mapeo de asociación para el carácter resistencia a cercosporiosis, el cual plantea la utilización de líneas elites provenientes del programa de mejoramiento como población de mapeo en lugar de una población F2 segregante proveniente del cruzamiento entre líneas endocriadas contrastantes. Se propone a su vez completar esta estrategia de mapeo con una validación en una nueva población F2 a partir de líneas progenitoras previamente evaluadas por su homocigosis.

En el mapeo de asociación se analizan la recombinación y la diversidad genética natural para lograr un mapeo de alta resolución (Zhu, et al., 2008). Es decir, esta estrategia tiene el potencial de alcanzar resolución a nivel de genes individuales, dado que hace uso de los numerosos eventos de recombinación ocurridos en el seno de las poblaciones a lo largo de su historia, permitiendo así detectar aquellas formas alélicas involucradas en la variación de un determinado carácter fenotípico (Nordborg y Tavare 2002).

7. TRABAJOS DE INVESTIGACIÓN REALIZADOS O PUBLICADOS EN EL PERIODO.

7.1. PUBLICACIONES. Debe hacerse referencia, exclusivamente a aquellas publicaciones en la cual se halla hecho explícita mención de su calidad de Becario de la CIC. (Ver instructivo para la publicación de trabajos, comunicaciones, tesis, etc.). Toda publicación donde no figure dicha aclaración no debe ser adjuntada. Indicar el nombre de los autores de cada trabajo, en el mismo orden que aparecen en la publicación, informe o memoria técnica, donde fue publicado, volumen, página y año si corresponde; asignándole a cada uno un número. En cada trabajo que el investigador presente -si lo considerase de importancia- agregará una nota justificando el mismo y su grado de participación.

7.2. PUBLICACIONES EN PRENSA. (Aceptados para su publicación. Acompañar copia de cada uno de los trabajos y comprobante de aceptación, indicando lugar a que ha sido remitido. Ver punto 7.1.)

7.3. PUBLICACIONES ENVIADAS Y AUN NO ACEPTADAS PARA SU PUBLICACIÓN. (Adjuntar copia de cada uno de los trabajos. Ver punto 7.1.)

7.4. PUBLICACIONES TERMINADAS Y AUN NO ENVIADAS PARA SU PUBLICACIÓN. (Adjuntar resúmenes de no más de 200 palabras)

7.5. COMUNICACIONES. (No consignar los trabajos anotados en los subtítulos anteriores)
Negri, M.E; Delucchi, C.; Eyherabide, G. Identificación molecular de líneas de maíz mediante microsatélites. RedBio2013

7.6. TRABAJOS EN REALIZACIÓN. (Indicar en forma breve el estado en que se encuentran)

8. OTROS TRABAJOS REALIZADOS. (Publicaciones de divulgación, textos, etc.)

8.1. DOCENCIA

8.2. DIVULGACIÓN

8.3. OTROS

9. ASISTENCIA A REUNIONES CIENTÍFICAS. (Se indicará la denominación, lugar y fecha de realización y títulos de los trabajos o comunicaciones presentadas)
VIII Encuentro Latinoamericano y del Caribe de Biotecnología RedBio 2013. NH Gran Hotel Provincial, Mar del Plata del 22 al 25 de Noviembre 2013.

10. CURSOS DE PERFECCIONAMIENTO, VIAJES DE ESTUDIO, ETC. (Señalar características del curso o motivo del viaje, duración, instituciones visitadas y si se realizó algún entrenamiento)

Cursos de Posgrado realizados:

-Actualización en diagnóstico y manejo de enfermedades de soja y maíz. Escuela de Posgrado, UNNOBA. 20 horas. Noviembre 2013

-Introducción al mapeo y localización de genes en vegetales por medio de técnicas moleculares. Escuela de Posgrado, Facultad de Cs. Agrarias, UNR. 40 horas. Octubre 2013

-Genética de poblaciones y evolución. Docentes: Dra. Liliana Picardi y Dr. Enrique COUNTRY. Escuela de Posgrado, Facultad de Cs. Agrarias, UNR. Septiembre 2013

-Diseño de experimentos en modelos agronómicos. Docentes: Est. MSc. Oscar Rodolfo Quaino e Ing. Agr. MSc. Alicia Susana González. Escuela de Posgrado, Facultad de Cs. Agrarias, UNR. 50 horas. Agosto 2013

- Metodología de la investigación científica. Docente: Dr. Ignacio Martin Barberis. Escuela de Posgrado, Facultad de Cs. Agrarias, UNR. 30 horas. Julio 2013
- Problemas y aplicaciones en bioinformática. Docente: Dr. Lucas Daurelio. Escuela de Posgrado, Facultad de Cs. Agrarias, UNR. 30 horas. Junio 2013
- Epistemología. Docente: Dra. Mariana Isern. Escuela de Posgrado, Facultad de Cs. Agrarias, UNR. 30 horas. Mayo 2013
- Metodología estadística aplicada a la agronomía. Docente: Dra. Celina Beltran. Escuela de Posgrado, Facultad Cs. Agrarias, UNR. 50 horas. Abril 2013

11. DISTINCIONES O PREMIOS OBTENIDOS EN EL PERIODO

12. TAREAS DOCENTES DESARROLLADAS EN EL PERIODO

13. OTROS ELEMENTOS DE JUICIO NO CONTEMPLADOS EN LOS TITULOS ANTERIORES (Bajo este punto se indicará todo lo que se considere de interés para la evaluación de la tarea cumplida en el período)

14. TITULO DEL PLAN DE TRABAJO A REALIZAR EN EL PERIODO DE PRORROGA O DE CAMBIO DE CATEGORÍA (Deberá indicarse claramente las acciones a desarrollar)

MAPEO DE ASOCIACION Y VALIDACIÓN EN UNA POBLACION F2 PARA LA RESISTENCIAS A Cercospora zeae-maydis

Desarrollo de Tesis Doctoral en Facultad de Cs. Agrarias UNR bajo la dirección de Guillermo Eyherabide y co-dirección de Gerardo Cervigni y Juan Pablo Ortiz.

Caracterización fenotípica

La caracterización fenotípica será realizada en la localidad de Leales, Provincia de Tucumán, en el Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido- INTA Leales. La siembra de las 112 líneas se realizó el 8 de enero 2014 utilizando un diseño alpha-lattice con 3 repeticiones.

Esta primer evaluación se realizará sobre plantas naturalmente infectadas en el estadio fenológico R4 (grano pastoso), utilizando como referencia la escala diagramática de severidad para planta adulta. (Agrocere, 1993)

En la primer evaluación se tomarán muestras de hojas infectadas para realizar durante el año 2014 el inóculo, con el cual se infectarán a las plantas para la próximas evaluaciones. El protocolo de aislamiento y multiplicación del patógeno se diseñará en colaboración con el grupo de investigación del IPAVE-CIAP Instituto de Patología Vegetal - Centro de Investigaciones Agropecuarias (ex IFFIVE) INTA.

Caracterización genotípica

Se seleccionarán SSR uniformemente distribuidos a lo largo de cada cromosoma de maíz. Las secuencias de los primers se obtendrán de la base de datos pública MaizeGDB (<http://www.maizegdb.org/>). Las regiones de microsatélites serán amplificadas mediante la técnica de PCR. Los productos de PCR se correrán en geles de poliacrilamida al 6% (w/v) en condiciones desnaturizantes a voltaje constante y se visualizarán por tinción con plata según protocolo Promega Corp.

Asimismo, se espera contar con un microchip de 96 SNPs distribuidos uniformemente en los 10 cromosomas de maíz, el cual será analizado con la plataforma BeadXpress de Illumina en la Unidad de Genómica de INTA Castelar. Los datos obtenidos se visualizarán con el programa GenomaStudio V2011.1.

Análisis de datos:

La estructura de la población puede se estimara mediante el Software STRUCTURE V 2.3 por modelo Bayesiano Markov Chain Monte Carlo (MCMC)

Además, se usarán Análisis de Componentes Principales (ACP) para la estratificación de la población utilizando el software SAS y se calculará el Kinship relativo (k) entre líneas mediante el Software SpaGeDi (Hardy y Vekemans 2002)

La determinación de la estructura genética permitirá excluir factores que causan falsas asociaciones entre marcador y fenotipo

Condiciones de Presentación

- A. El Informe Científico deberá presentarse dentro de una carpeta, con la documentación abrochada y en cuyo rótulo figure el Apellido y Nombre del Becario, la que deberá incluir:
- a. Una copia en papel A-4 (puntos 1 al 14).
 - b. Las copias de publicaciones y toda otra documentación respaldatoria, deben agregarse al término del desarrollo del informe
 - c. Informe del Director de tareas con la opinión del desarrollo del becario (en sobre cerrado).

Nota: El Becario que desee ser considerado a los fines de una prórroga, deberá solicitarlo en el formulario correspondiente, en los períodos que se establezcan en los cronogramas anuales.

.....
Firma del Director

.....
Firma del Becario