

10º SIRGEALC

**Simpósio de Recursos Genéticos
para a América Latina e o Caribe**



Anais

**Recursos Genéticos no Século 21:
de Vavilov a Svalbard**

**26 a 29 de outubro de 2015
Bento Gonçalves - RS
Brasil**

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DEL GERMOPLASMA DE MAÍZ BLANCO DENTADO DE URUGUAY MEDIANTE MICROSATÉLITES

Bettina Porta¹; Rafael Vidal²; Federico Condón³; Victoria Bonnacarrere⁴; Lucía Gutiérrez⁵; Jorge Franco⁶ y
Guillermo Galván⁷

¹Lic. en Ciencias Biológicas, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: bporta@fagro.edu.uy

²Ing Agr. MsC, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: rafael.fitotecnia@gmail.com

³ Ing Agr. PhD, INIA La Estanzuela, Colonia Uruguay. e-mail: fcondon@inia.org.uy

⁴ Ing Agr. PhD, INIA Las Brujas, Canelones Uruguay. e-mail: vbonnacarrere@gmail.com

⁵Ing Agr. PhD, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: lucia.gutierrez.c@gmail.com

⁶ Ing Agr. PhD, Facultad de Agronomía UdelaR, Paysandú Uruguay. e-mail: jfranco@fagro.edu.uy

⁷ Ing Agr. PhD, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: ggalvanv@gmail.com

Uruguay tiene una gran diversidad de germoplasma local de maíz (*Zea mays* L.) en uso y conservado *ex situ*. La colección *ex situ* está constituida por diez tipos raciales de maíz en base a la caracterización fenotípica realizada en 1979. Dentro de la colección, la raza Blanco Dentado es de particular interés por su aporte forrajero. Se elaboró una colección núcleo integrada por 17 de las 90 accesiones de la raza Blanco Dentado, en base a un análisis de componentes principales basado en caracteres fenotípicos. El conocimiento de la variación genética y el de las relaciones genéticas entre accesiones permite elegir genotipos prioritarios en la conservación y estimar posibles pérdidas de diversidad genética. Asimismo, la determinación de la variabilidad genética disponible facilita su utilización en programas de mejoramiento, y sienta las bases para la determinación preliminar de grupos heteróticos, posibilitando la explotación del vigor híbrido mediante diseños estratégicos. Hasta el presente, la colección no contaba con caracterización genética de las accesiones. Los marcadores morfológicos y moleculares son utilizados para estudiar diversidad genética, desarrollar estrategias de conservación y facilitar el manejo y desarrollo de los recursos genéticos. Actualmente, los marcadores más utilizados para estudios de diversidad genética de poblaciones locales de maíz son los microsatélites o SSR (simple sequence repeats) debido a su simpleza, reproducibilidad, robustez y abundancia. El objetivo de este proyecto es determinar la diversidad y estructura genética de las accesiones de la raza Blanco Dentado mediante el uso de microsatélites. El análisis de la diversidad y estructura genética se realizó utilizando un bulk de DNA de 15 individuos muestreados al azar por accesión. Se utilizaron 31 marcadores SSR distribuidos por todo el genoma del maíz. Los cebadores utilizados en las reacciones de PCR fueron marcados con fluorescencia mediante M13, y las secuencias amplificadas fueron reveladas en un secuenciador 3730xl de Applied Biosystems. Se determinó el número de alelos por locus, el número de alelos efectivo y la heterocigosis esperada. Para determinar la existencia de estructura poblacional se realizó un análisis de coordenadas principales y mediante el algoritmo de distancia euclideana se agruparon las accesiones por su similitud genética. Los resultados obtenidos hasta el momento, con solo 10 marcadores SSR del total de los 31 que se usaron para genotipar las poblaciones, demuestran que no existiría estructura poblacional, por lo que las 90 poblaciones formarían una megapoblación aunque sobre esta hipótesis se continúa trabajando. La representatividad de la colección núcleo aún no se puede chequear dado que no se obtuvo estructura genética con el análisis molecular. La diversidad promedio encontrada dentro de poblaciones fue $A=7,8$; $A_e = 3,943$; $H_e = 0,606$. Los 10 loci SSR analizados hasta el momento resultaron polimórficos con 3 a 13 alelos por locus. Este proyecto también se planteó determinar si la regeneración de siete accesiones en Uruguay, el ambiente de origen, y en México conserva efectivamente la diversidad genética. Las accesiones regeneradas en Uruguay mostraron mayor variabilidad que las regeneradas en México lo cual podría explicarse por efectos de muestreo o del ambiente de regeneración, hipótesis que deberán ser confirmadas.

Agradecimientos: Comisión Sectorial de Investigación Científica, CSIC - UdelaR, Uruguay.