



IXIM: “Maíz, lo que sustenta la vida”

XXV Reunión

Latinoamericana del Maíz



Archivos Académicos USFQ

Número 54

Memorias de la XXV Reunión Latinoamericana de Maíz: *IXIM* “Maíz, lo que sustenta la vida”

Editores:

María Gabriela Albán¹, José Luis Zambrano², Galo Mario Caviedes¹

¹Universidad San Francisco de Quito (USFQ), Colegio de Ciencias e Ingenierías, Carrera de Ingeniería en Agronomía.

²Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP). Estación Experimental Santa Catalina, Programa de Maíz. Mejía, Ecuador.

Comité editorial:

Galo M. Caviedes¹, José L. Zambrano², Orsy F. Chávez³

¹Universidad San Francisco de Quito (USFQ), Colegio de Ciencias e Ingenierías, Carrera de de Ingeniería en Agronomía.

²Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP). Estación Experimental Santa Catalina, Programa de Maíz. Mejía, Ecuador.

³Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas (ICTA). Centro de Producción del Altiplano Central (CEPALC), Programa de Maíz/Ajonjolí. Chimaltenango, Guatemala.

Expositores:

Alberto Chassaingne, Alexander Chávez, Alicia Medina Hoyos, Ana Pincay, Andrea Peñas Ballesteros, Angela María Vargas-Berdugo, Astrid Racancoj, Carlos Alberto Sangoquiza, César Azurdia, Cristian Subía, Curt Bowen, Daiana Del Lago, Eddie Zambrano, Erika Mroginski, Felix San Vicente, Genaro Pérez Jiménez, Iris Pérez, Javier Castillo Sierra, Jelle Van Loon, Jorge Dobronski, José Fernando Menes, José Jaime Tapia, José Luis Zambrano, José Otiniano Villanueva, Juliana Iglesias, Karen Osorio, Lauro Moreira Guimaraes, Liliana Atencio, Luciana Galizia, Luis Walquer Arandia, Luisa Sarmiento, Manuel Alfonso Patiño, Marcelo Céspedes, María Gabriela Albán, María Laura Ferreyra, Mario Caviedes, Mario Fuentes, Orsy Franklin Chávez, Óscar Cruz, Pedro García Mendoza, Percy Diaz-Chuquizuta, Ricardo Ernesto Preciado, Rodrigo Gonzalez Vega, Román Gordón, Sergio Miguel Vélez, Severo Ignacio-Cárdenas, Yamila Sleiman, Wladimir Jara.

USFQ PRESS

Universidad San Francisco de Quito USFQ
Campus Cumbayá USFQ, Quito 170901, Ecuador
Agosto 2024, Quito, Ecuador

ISBNe: 978-9978-68-297-5

ISBN: 978-9978-68-296-8

Catalogación en la fuente: Biblioteca Universidad San Francisco de Quito USFQ, Ecuador

Reunión Latinoamericana de Maíz (25° : 2024 : Quito, Ecuador)
Memorias de la XXV Reunión Latinoamericana de Maíz: IXIM
"Maíz, lo que sustenta la vida" / [editores, María Gabriela Alban, José
Luis Zambrano, Galo Mario Caviedes ; expositores, Alberto Chassaigne
... [y otros]]. – Quito : USFQ Press, ©2024.
p. cm. ; (Archivos Académicos USFQ, ISSN: 2528-7753 ; no. 54
(agosto 2024))

ISBNe: 978-9978-68-297-5

1. Maíz – Congresos, conferencias, etc. – 2. Maíz - América Latina. - 3.
Maíz - Ecuador. - 4. Maíz - Ingeniería genética - 5. Mejoramiento selectivo
del maíz - I. Albán, María Gabriela, ed. - II. Zambrano, José Luis, ed.- III.
Caviedes, Galo Mario, ed.- IV. Chassaigne, Alberto, exp. -V. Título, - VI.
Título paralelo, VII. Serie monográfica.

CLC: SB 191 .M2 R48 2024

Esta obra es publicada bajo una **Licencia Creative Commons
Atribución-NoComercial 4.0 Internacional (CC BY-NC 4.0)**.



Citación recomendada de toda la obra: Albán, M.G., Zambrano, J. L., Caviedes, G. M. (Ed.) (2024) Memorias de la XXV Reunión Latinoamericana de Maíz: IXIM "Maíz, lo que sustenta la vida". Archivos Académicos USFQ, 54, 1–81.

Citación recomendada de un resumen: Chávez, O. (2024) Situación del cultivo de maíz en Guatemala. Archivos Académicos USFQ, 54, 19.

Dilucidando la arquitectura genética de la resistencia a múltiples enfermedades de espiga de maíz (*Zea mays* L.)

Peñas Ballesteros, A.^{1,2,3*}, Baricalla, A.⁴, Federico, M.L.^{2,5}, Iglesias, J.^{2,3}

¹ Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA) (UNNOBA - UNSAdA – CONICET), Buenos Aires, Argentina

² Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Estación Experimental Pergamino. Buenos Aires, Argentina

³ Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Buenos Aires, Argentina

⁴ Instituto Multidisciplinario de Investigaciones Biológicas San Luis (IMIBIO-SL), CONICET, San Luis, Argentina

⁵ Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina

*Autor para correspondencia, e-mail: pballesteros.andrea@inta.gob.ar

RESUMEN

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los cultivos con mayor producción a nivel mundial, pero su rendimiento potencial puede verse afectado por diversas enfermedades. En Argentina, en la región maicera núcleo, prevalecen las podredumbres de espiga causadas por *Fusarium verticillioides*, *F. graminearum*, que producen la contaminación de los granos con micotoxinas perjudiciales para la salud humana y animal, y *Ustilago maydis*. Dado que el desarrollo de genotipos resistentes es la estrategia de manejo más efectiva frente a dichas enfermedades, el objetivo de este trabajo fue investigar la arquitectura genética de la resistencia múltiple a podredumbres de espiga mediante un protocolo que integra GWAS (del inglés, *Genome-Wide Association Study*), datos transcriptómicos y priorización de genes candidatos (GC) utilizando un algoritmo de aprendizaje automático recientemente entrenado para maíz. Se realizó un GWAS evaluando un panel de 63 líneas del programa de mejoramiento genético (PMG) de maíz de INTA EEA-Pergamino genotipadas con el *Maize Illumina BeadChip* (50K). Para el análisis, se utilizaron los BLUE (del inglés, Best linear unbiased estimator) de severidad de síntomas para *F. verticillioides* y *F. graminearum* en dos ambientes y de incidencia para *Ustilago maydis* en cinco ambientes. Se identificaron 96 SNP (del inglés, *Single Nucleotide Polymorphism*) significativos asociados a la resistencia a alguno de los tres patógenos. Se encontraron SNP asociados a la resistencia a los tres patógenos en el cromosoma 2 (bins 2.05, 2.06) y SNP asociados a la resistencia a *F. verticillioides* y *F. graminearum* en los cromosomas 2 (bins 2.09, 2.10), 6 (bin 6.07) y 8 (bin 8.08). Debido a la proximidad de los SNP significativos detectados en los bins 2.05 y 2.06, se decidió estudiar la región en su totalidad para determinar GC posicionales. En primer lugar, se definieron los límites de dicha región utilizando las coordenadas del genoma de referencia (Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0) de los SNP significativos más extremos y expandiéndola una unidad de desequilibrio de ligamiento (262.000 pb) hacia ambos lados. En esa región, se encuentran 880 genes que fueron *rankeados* por posible causalidad utilizando un algoritmo de aprendizaje automático. Finalmente, se cotejó el *ranking* obtenido con un listado de 401 genes diferencialmente expresados entre genotipos resistentes y susceptibles entre 48 y 72 horas *post*-infección frente a los tres patógenos, proveniente de un metaanálisis de datos transcriptómicos. Como resultado, se logró identificar un set de GC que podrían estar asociados a la resistencia múltiple a podredumbres de espiga y serán evaluados en estudios funcionales.

Palabras clave: podredumbres de espiga, genes candidatos, GWAS, SNP, transcriptómica.