



Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro

Dirección de Investigación Subdirección de Programación y Evaluación

Proyecto de Investigación

Título del proyecto

Departamento:

Huella de selección para condiciones de aridez en trigos mexicanos	Fitomejoramiento
	Año: 2022

Resumen

El trigo común (*Triticum aestivum* L.) crece en un amplio rango de ambientes. Según sus patrones de cultivo, se clasifica como de primavera o invierno. Posee una alta capacidad de adaptación debido a rasgos fenológicos que garantizan su éxito reproductivo en entornos específicos. Pese a que se han estudiado y manipulado diversidad de factores genéticos asociados a la expresión de estos rasgos, existen interrogantes sobre la implicación de más genes, sobre todo en la adaptación a entornos adversos. Esta investigación tiene como objetivo estudiar la asociación entre marcadores SNP con variables climáticas y de hábito de crecimiento en colectas de *T. aestivum* a través de un estudio de asociación de genoma completo (GWAS). Para ello se dispone de las accesiones de trigo del banco de germoplasma del CIMMYT, el cual podría albergar en su genoma nuevas fuentes de variabilidad genética para adaptación. Se cuenta con plena identificación de 1049 colectas de *T. aestivum* con datos geográficos para la realización de GWAS con variables climáticas. Sin embargo, la asociación con el hábito de crecimiento fue realizada con 1557 colectas clasificadas en cuanto a su hábito, las cuales estaban caracterizadas con 41893 loci de SNP's. Con estos datos, se aplicaron tres enfoques de análisis GWAS: el modelo CMLM (modelo lineal mixto comprimido), Blink (información bayesiana y desequilibrio de ligamiento anidado iterativamente), ambos integrados en el paquete GAPIT de R, y un modelo logístico ajustado por estructura a través de cuatro componentes principales. El modelo logístico, si bien más simple que los otros dos, modela favorablemente la condición binaria del hábito en trigo. El estudio global con los marcadores SNP reveló una estructura genética donde los trigos de invierno tienen una base más estrecha que los de primavera. Con la corrección de Bonferroni, se detectaron marcadores asociados al hábito en los tres modelos, con el mayor número detectado por el modelo CMLM. Entre los resultados se observaron bloques de desequilibrio de ligamiento en los cromosomas 1A, 4D, 5A, 5B y 7B, algunos de los cuales se encuentran relacionados con genes de vernalización y un gen de precocidad. También se ubicó una región con marcada asociación al hábito de crecimiento en el cromosoma 4D, en la cual no existen registros previos.

Objetivo general:

Identificación de regiones genómicas relacionadas con el proceso de adaptación a climas áridos y con el hábito de crecimiento mediante estudios de asociación del genoma completo (GWAS) en colectas de *T. aestivum*.

Palabras Clave:

T. aestivum; aridez, hábito de crecimiento, adaptación, SNP, GWAS.

Problema a resolver

Los ambientes limitantes y con características específicas de temperatura y duración del día, requieren del uso de los materiales de los bancos de germoplasma para su inclusión en los programas de mejoramiento. Para eficientar su uso, estos materiales deben estar bien clasificados en cuanto a sus potencialidades genéticas, y de preferencia con un conocimiento de las regiones genómicas de interés y de los marcadores asociados.