

BV55. Análisis fisiológico y molecular de genotipos de maíz contrastantes para la tolerancia a estrés térmico

López, M.B. (1,2); Parrado, J.D. (3); Canteros, F.H. (3); Albornoz, P.L. (4,5); Salazar, S.M. (2,6); Moschen, S. (2,7)*.

(1) FBQyF – Universidad Nacional de Tucumán. (2) EEA – INTA Famaillá, Tucumán. (3) IIACS – INTA Leales, Tucumán. (4) Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo - Universidad Nacional de Tucumán. (5) Fundación Miguel Lillo. (6) Facultad de Agronomía y Zootecnia - Universidad Nacional de Tucumán. (7) CONICET.

*moschen.sebastian@inta.gob.ar

El estrés abiótico es una de las principales limitaciones para la producción de cultivos y la seguridad alimentaria a nivel mundial. Esta situación se ha agravado en las últimas décadas debido a los cambios drásticos y rápidos en el clima global. El calor y la sequía son, sin duda, dos de los estreses más importantes con un impacto significativo en el crecimiento y rendimiento de los cultivos. El maíz es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial y es un cultivo base para la alimentación humana y animal, además de su importancia socio-económica y cultural. El objetivo de este trabajo fue caracterizar a nivel fisiológico y molecular genotipos de maíz contrastantes para la tolerancia a estrés térmico y evaluar su asociación con la respuesta a estrés hídrico, a fin de ser utilizados luego para análisis *ómicos*. Se realizaron ensayos en fitotrón con dos genotipos de maíz pertenecientes al programa de mejoramiento del IIACS del INTA, previamente seleccionados por su respuesta a estrés térmico a campo: L3 tropical tolerante (LEA1669c) y L5 templado susceptible (LP562). Plantas de cuatro semanas de edad fueron sometidas a distintos tratamientos: (i) plantas control, (ii) estrés térmico, (iii) estrés hídrico, (iv) estrés térmico e hídrico. A distintos días post-tratamientos (dpt) se tomaron mediciones fenotípicas, materia seca y apertura estomática. Asimismo, los niveles de expresión de ocho factores de transcripción asociados a estrés térmico e hídrico fueron caracterizados mediante qPCR a fin de ser utilizados como biomarcadores e indicadores de estrés para futuros ensayos.

Estos resultados mostraron mayor cierre estomático en la línea tolerante L3 frente a los distintos estreses evaluados. Asimismo, los análisis de materia seca presentaron una disminución del 50% en la línea susceptible L5 respecto al control para los distintos estreses evaluados. Por otro lado, la línea tolerante L3 no mostró diferencias respecto al control frente a un estrés térmico, mientras que ante un estrés hídrico y térmico/hídrico solo presentó una disminución de materia seca cercana al 15%.

De los factores de transcripción evaluados, *ZmHSF04* y *ZmDREB2A* presentaron mayores niveles de expresión en la línea L3 a tiempos más tempranos (2dpt), seleccionándolos como biomarcadores candidatos. Asimismo, altos niveles de expresión

de *ZmDREB2A* podría indicar además, una tolerancia relativa al estrés hídrico en la línea L3.

Los resultados de este trabajo permitieron optimizar las condiciones de crecimiento y tratamientos en condiciones controladas, confirmando el comportamiento evaluado a campo, lo que permitirá continuar con la caracterización de ambos genotipos a nivel de estudios *ómicos* y avanzar con el estudio molecular de las respuestas a estrés térmico e hídrico en el cultivo de maíz.