

GV

**GENÉTICA
VEGETAL**



GV 1

EVALUACIÓN DEL CONTENIDO DE ADN, PLOIDÍA Y SISTEMA REPRODUCTIVO DE LAS PRINCIPALES ESPECIES FORRAJERAS DEL MONTE CENTRAL, ARGENTINA

Vazquez Novoa M.E.¹, D. Hojsgaard². ¹Instituto Argentino de las Zonas Áridas (IADIZA), CCT-Mendoza, Mendoza, Argentina; ²Department of Systematics, Biodiversity and Evolution of Plants, Albrecht-von-Haller Institute for Plant Sciences, University of Goettingen, Goettingen, Germany. e.vazqueznovoa@gmail.com

La mayor parte de Mendoza está ocupada por la formación fitogeográfica del Monte. La comunidad vegetal algarrobal (*Prosopis flexuosa*), de importante valor maderero y ganadero, es la principal fuente de ingreso de los productores locales. Aunque estas tierras soportan bajas cargas animales, están bajo una creciente presión ganadera debido al desplazamiento de las áreas pastoriles hacia zonas marginales. Por lo tanto, la caracterización de recursos genéticos forrajeros adaptados a las condiciones ecológicas locales adquiere cada vez más relevancia. En este primer trabajo nos enfocamos en evaluar el contenido de ADN, y cuando fue posible el nivel ploidey sistema reproductivo, de varias especies forrajeras locales usando conteo de cromosomas en raíces y citometría de flujo en hojas y semillas. Las muestras se tomaron de 3-7 individuos seleccionados al azar de 4 sitios de colección diferentes. Los análisis revelaron los siguientes valores de contenido de ADN, ploidía y modo reproductivo: $1,79 \pm 0,09$ pg en *Leptochloa crinita*; $1,73 \pm 0,11$ pg en *Aristida mendocina*, $2,5 \pm 0,15$ pg en *Setaria leucopila*, con $2n=4x=36$ cromosomas y reproducción sexual; $1,4 \pm 0,26$ pg en *Capparis atamisquea*; y $9,45 \pm 0,63$ pg en *Tricomaria usillo*, especie con $2n=2x=ca.42$ cromosomas. Los datos de contenido de ADN presentados son todos novedosos, al igual que la caracterización reproductiva del citotipo tetraploide de *S. leucophila*. Los resultados son discutidos en el marco de la información existente haciendo hincapié en su relevancia para la comunidad vegetal algarrobal.

GV 2

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES DE *Stylosanthes guianensis* Y *S. hippocampoides* (LEGUMINOSAE) DEL NORDESTE ARGENTINO

Silvestri M.C.^{1,2}, C.A. Acuña^{1,3}, R.O. Vanni^{1,3}, G.I. Lavia^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (UNNE), Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE), Argentina. graciela.lavia@yahoo.com.ar

El Nordeste (NE) es la segunda región ganadera del país, sin embargo la producción bovina se realiza sobre pastizales con bajo valor nutritivo. La introducción de leguminosas forrajeras subtropicales contribuiría al desarrollo de la ganadería por el aporte de proteínas en la dieta animal y el incremento en la disponibilidad de nitrógeno en el sistema productivo. En el marco de un proyecto tendiente a evaluar el germoplasma de forrajeras leguminosas de la región, se evaluó la diversidad de poblaciones naturales del NE de dos especies de *Stylosanthes* usando marcadores moleculares ISSR. El PCoA separó a las poblaciones de ambas especies y formó tres grupos entre las poblaciones de *S. guianensis* y tres entre las de *S. hippocampoides*. El AMOVA mostró que la variación es mayor entre las poblaciones que dentro de ellas en ambas especies. Los parámetros de diversidad evaluados (heterocigosis esperada, porcentaje de loci polimórficos e índice de diversidad de Shannon) indicaron que las poblaciones con mayor variabilidad fueron originarias de Teyú Cuaré, Misiones (*S. guianensis*) y de Tres Cerros, Corrientes (*S. hippocampoides*). Los resultados moleculares confirman la clasificación taxonómica de estas especies. Además, los índices de diversidad son concordantes con especies autóгамas, por lo tanto coleccionar pocos individuos de muchas poblaciones sería apropiado para conservar su diversidad; excepto en las poblaciones con mayor diversidad en las cuales sería necesario el incremento del número de muestras.

CONSTRUCTION OF A GENETIC LINKAGE MAP OF DIPLOID *Paspalum rufum* AND IDENTIFICATION OF GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH AOSPORY EXPRESSIVITY

Soliman M.^{1,2}, M. Bocchini³, J. Stein², L.D. Demarchi², E. Albertini³, J.P.A. Ortiz^{1,2}, L. Delgado^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR) CONICET-UNR, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; ³Department of Agricultural, Food and Environmental Sciences, University of Perugia, Perugia, Italy. marianosoliman@gmail.com

Apomixis is an asexual reproduction by seeds strongly linked to polyploidy. Genetic analysis of tetraploid cytotype of *Paspalum* spp. showed that the trait is inherited as a single dominant locus with strong repression in recombination. However, natural diploid populations of *Paspalum rufum* produce aposporous embryo sacs (AES) in different proportions. These individuals are able to overcome the dependence between polyploidy and apomixis and are key material to understand apomictic pathway regulation. The objectives of this work are to build a genetic linkage map of the species and identify markers related to apospory expressivity. A segregating population of 87 individuals was used for linkage analysis. Segregation of AFLP markers was analyzed with JoinMap 4.0. Quantification of AES was carried out by cytoembryological observations of ovules at anthesis. Single-point analysis (SPA) was performed to identify regions associated with apospory ($R^2 > 0.15$). The maternal map consisted of 254 markers distributed on 20 linkage groups (LG) over a total genetic distance of 1,672.5 cM, while the paternal map contained 216 loci grouped on 20 LG along 1,185.8 cM. SPA showed 11 loci associated to apospory expressivity in the maternal map and 3 in the paternal map. Most of the markers were located in three LG of both parental genotypes. This study provides the first genetic linkage map of diploid *P. rufum* with gametophytic apomixis capacity. Furthermore, regression analysis suggests that apospory expressivity is influenced by more than one genomic region.

ANALYSIS OF AOSPORY TRANSMISSION THROUGH REDUCED FEMALE GAMETES IN TETRAPLOID *Paspalum notatum*

Vega J.M.*¹, M.S. Vega*¹, C.C. Quarin², O. Leblanc³, L.A. Siena¹, J.P.A. Ortiz¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET-UNR/Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET-UNNE, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ³DIADÉ, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Université de Montpellier, Montpellier, Francia. **ex aequo* juan.ma_vega@hotmail.com

P. notatum forms an agamic complex composed by sexual self-sterile diploid and aposporous apomictic self-fertile tetraploid plants. Apospory (a component of apomixis) is transmitted by male gametes as a single-dominant factor with distorted segregation ratios (6-3 sex:1 apo). Most natural apomicts are obligate, however highly-sexual apomictic genotypes were experimentally obtained and used as female parents in crosses with apomictic donors. Here, we analyzed the transmission of apospory by female reduced gametes. To achieve this, three populations were developed: Pop_S (n=6) derived from self-pollination of Q3664, a highly-sexual facultative apomictic plant with white (recessive) stigmas; Pop_C (n=12) from the cross between Q3664 and C4-4x, a fully sexual plant with purpura (dominant) stigmas; and, Pop_A (n=20) from open pollination of Q4,117, a natural apomictic accession. Progeny origin (hybrid/maternal clone) was determined by observation of stigmas color and molecular analysis. The reproductive mode was assessed by observation of ovules at anthesis (meiotic vs. aposporous embryo sacs). Phenotypic and molecular analyses showed that all Pop_S and Pop_C plants but one of Pop_S derived from sexuality, while all plants of Pop_A resulted from apomixis. Pop_S showed 5 aposporous and 1 sexual plants (χ^2_1 3:1 apo:sex=0.22) and Pop_C comprised 3 aposporous and 9 sexual individuals (χ^2_1 1:1=3.0). Apospory expressivity in hybrids range 3-13%. Our results indicate that apomixis is transmitted by reduced female gametes, although maternal inherited apospory showed low expressivity.

GV 5

GENES DE DEFENSINAS EN LOS TAXA TETRAPLOIDES DEL GRUPO DILATATA DE *Paspalum* (GRAMINEAE)

Rodríguez S., P. Smircich¹, M. Vaio¹. ¹Instituto de Investigaciones Clemente Estable, Uruguay.
mvaio@fagro.edu.uy

El grupo Dilatata de *Paspalum* incluye especies y biotipos nativos de la región templada de Sudamérica. Todos los taxa son aloploidos incluyendo cinco tetraploides sexuales de fórmula genómica IIJJ ($x=10$) y varios apomícticos. *Paspalum intermedium* (II) y *P. juergensii* (JJ) fueron propuestos como los dadores putativos de los genomas I y J. Se analizaron genes de defensinas en estos taxa y en los dadores putativos del grupo para establecer la divergencia génica durante el proceso de diploidización. A partir de datos de RNA-seq, obtenidos usando la plataforma Illumina HiSeq2000, se realizó el ensamblado *de novo* y analizaron los transcriptos en busca de secuencias putativas que codifiquen defensinas mediante BLAST. Se analizaron 6 grupos de defensinas y en todas se encontraron diferencias entre los tetraploides tanto en el número de copias como en inserciones y sustituciones aminoacídicas. En *P. urvillei* todas las defensinas analizadas son idénticas a *P. umbrosum* (JJ). En general *P. intermedium* (II) presenta una mayor variación y las copias provenientes del genoma I en los tetraploides no estarían presentes. Los resultados sugieren diferentes respuestas a la diploidización en los tetraploides en pérdidas de copias, sustituciones e inserciones en estos genes. Sin embargo, parece haber un sesgo hacia la retención de las copias del genoma J de origen materno. Este sesgo hacia uno de los genomas parentales ha sido observada en otras especies de gramíneas como resultado de la diploidización. No se descarta otra especie como dadora del genoma I en estos alotetraploides.

GV 6

VARIABILIDAD GENÉTICA DE GENOTIPOS SELECTOS DE FESTUCA ALTA NATURALIZADA EN EL CENTRO DE ARGENTINA

Vega D.J.^{1,2}, H.E. Di Santo^{1,3}, N. Bonamico^{1,3}, E. Castillo^{1,3}, V. Echenique^{4,5}, D. Zappacosta^{4,5}, J. Gallardo^{4,5}, V. Ferreira³, E. Grassi^{1,3}. ¹Instituto Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; ³Departamento de Biología Agrícola, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ⁴Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina; ⁵Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, Argentina.
jvega@ayv.unrc.edu.ar

La festuca alta, gramínea alohexaploide ($2n=6x=42$), perenne, de crecimiento otoño-inverno-primaveral se utiliza como especie forrajera en sistemas ganaderos. En la Universidad Nacional de Río Cuarto se inició en el año 2010 un programa de mejora de festuca alta, mediante la colecta de diez poblaciones naturalizadas en diferentes ambientes de la zona central de Argentina. Se evaluaron a campo y se seleccionaron genotipos con aptitud para producción de forraje. El objetivo del trabajo fue estudiar la variabilidad genética de 21 genotipos selectos de festuca alta y tres cultivares con 15 marcadores moleculares SSR. La técnica reveló un total de 108 loci informativos. El porcentaje de loci polimórficos de genotipos selectos y cultivares comerciales fue de 0,86 y 0,79 respectivamente. El número promedio y efectivo de alelos para los selectos fue de 2,00 y 1,66 y para los cultivares de 1,79 y 1,63. La heterocigosis promedio fue de 0,71. La correlación entre la distancia geográfica de los genotipos y la distancia genética estimada a través del índice de Jaccard, resultó no significativa ($p=0,86$). El dendograma obtenido por el método de agrupamiento UPGMA indica que los genotipos se diferenciaron claramente entre sí y confirman la ausencia de un patrón geográfico. Estos valores sugieren que la variabilidad genética de los genotipos evaluados es alta y similar a la hallada por otros autores en la misma especie. Con el estudio de variabilidad genética se concluye que los genotipos silvestres poseen 0,21 alelos únicos, diferentes a los presentes en los cultivares.

OTIMIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE PRIMERS SSR PARA *Urochloa brizantha*

Nayara N.¹, F.M.C. Felipe², N.O.S.S. Nara², G.S.C.B. Glaucia¹, D.M.D.A.D. Diva¹, L.C. Lucimara¹, V.T.D.C.C. Vera¹. ¹EMBRAPA, Brasil; ²UnB, Brasil. nayaracarvalho87@gmail.com

O gênero *Brachiaria/Urochloa* pertence à família *Poaceae*, e compreende aproximadamente 100 espécies. A caracterização genética representa grande auxílio para o conhecimento dos recursos genéticos e do melhoramento convencional. Marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*) tem sido utilizados como uma eficiente ferramenta para análises de variabilidade genética. O desenho dos primers utilizados nesse estudo baseou-se em sequências disponíveis no banco de sequências expressas de *B. brizantha* do Projeto “Genômica funcional e controle genético da reprodução sexual e apomítica de plantas com perspectivas biotecnológicas”. O objetivo deste estudo foi avaliar e caracterizar os primers para *U. brizantha*. Foram utilizados 40 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de *Brachiaria* da Embrapa Gado de Corte. Os locos foram amplificados por meio de reações de PCR (*Polymerase Chain Reaction*), a separação dos fragmentos realizada por eletroforese em gel de poliacrilamida 5% e análise por presença ou ausência de banda. De um total de 154 orimers, 81 apresentaram polimorfismo representando 52,59% do total testado. Com apenas 13 primers SSR polimórficos utilizados para os 40 acessos, foi gerado um total de 74 marcadores que agruparam os acessos com similaridade variando de 0,24 a 0,96. Dois grupos foram formados com 0,31 e 0,33 de similaridade, respectivamente. Assim, os primers utilizados nesse estudo foram eficientes na distinção dos acessos e portanto, são promissores para o futuro estudo da variabilidade do banco de germoplasma.

SELECCIÓN DE HÍBRIDOS DE MAÍZ PARA ENSILAJE EN BASE A LA BIOMASA Y ANÁLISIS BIOQUÍMICOS, PROVINCIA DE SANTA ELENA, ECUADOR

Solís Lucas L.A.¹, C.J. Villón Chanalata¹. ¹Universidad Estatal Península de Santa Elena, Ecuador. lsolis@upse.edu.ec

El ensilaje de maíz es una alternativa válida para la alimentación del ganado bovino. Esto permite a los ganaderos obtener mayor masa corporal y por ende un mayor rendimiento. Sin embargo, los ganaderos de la provincia de Santa Elena, Ecuador sólo tienen conocimiento empírico de las características fenotípicas de estos híbridos y ninguna con relación a las características bioquímicas, por lo que el objetivo del presente trabajo fue establecer el rendimiento y calidad nutricional de híbridos de maíz para ensilaje. El experimento consideró un DBCA con arreglo factorial, siendo el factor A dos híbridos (Trueno y Auténtica) y el factor B, dos distancias de siembra (0,80x0,20; 0,60x0,25) con cinco repeticiones. Los tratamientos: T₁ (H. Trueno a 0,80x0,20), T₂ (H. Trueno a 0,60x0,25), T₃ (H. Auténtica a 0,80x0,20), T₄ (H. Auténtica a 0,60x0,25). La altura de la planta estimó significancia estadística entre los tratamientos a los 70 (T₂ con 219 cm) y 80 días (T₃ con 261 cm). La variable ancho de la hoja presentó diferencia significativa a los 80 días con el T₄ (15,80 cm); el mayor peso (g) en las partes de la planta se observó en los tallos con el T₂ a los 60 días. La mayor producción de biomasa fue para el H. Trueno (T₁) a los 70 días con 52,25 t/ha. Los análisis bromatológicos mostraron, a los 70 días previos al ensilaje, para el H. Auténtica, mayores contenidos de MS 47,89%, PC 11,76%, FB 38,67%, FDN 66,63%, FDA 45,68% y lignina 9,4%. Los valores para el H. Trueno de MS, PC, FB, FDN, FDA y lignina fueron de 38,17%, 11,50%, 38,42%, 66,91%, 45,38% y 9,80%, respectivamente.

GV 9

VARIABILIDAD PARA MARCADORES SSR EN UNA POBLACIÓN NATURAL DE PAPAS SILVESTRES DE TUCUMÁN (ARGENTINA) MUESTREADA EN DOS AÑOS CONSECUTIVOS

Leofanti G.A.^{1,2}, E.L. Camadro^{1,2}, L.E. Erazzú³. ¹Unidad Integrada EEA Balcarce, INTA-Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP), Argentina; ²CONICET, Argentina; ³EEA Famaillá, INTA, Argentina. camadro.elsa@inta.gob.ar

La papa común (*Solanum tuberosum*, $2n=4x=48$) tiene 100-200 especies taxonómicas tuberosas emparentadas ($2n=2x-6x$; $x=12$), que crecen desde el sur de EUA hasta el sur de Argentina y Chile. Estas especies presentan reproducción sexual y asexual y autoincompatibilidad gametofítica, y pueden estar reproductivamente aisladas por barreras externas o internas. Para desarrollar estrategias de conservación y uso eficiente del germoplasma es necesario conocer la estructura genética de las poblaciones naturales y los posibles cambios que puedan ocurrir en el tiempo. Por eso, en dos años consecutivos se muestreó una población de papas silvestres en Amaicha del Valle, Tucumán. Se coleccionaron frutos en 2013 y, por la ausencia de frutos en el sitio demarcado, sólo tubérculos en 2014. Con dichos propágulos se obtuvieron dos poblaciones *ex situ* en Balcarce, Buenos Aires: Pop13 y Pop14. Se extrajo ADN de hojas jóvenes (37 individuos de Pop13 y 42 de Pop14) que se amplificó por PCR con siete marcadores SSR. Los 32 fragmentos amplificados (3-8 fragmentos/SSR) se separaron electroforéticamente en geles desnaturizantes de poliacrilamida. Se detectó mayor número (31 vs. 20) y porcentaje (100% vs. 55%) de fragmentos polimórficos en Pop13 que en Pop14, diferenciándose 37 genotipos en Pop13 y seis en Pop14. Estas diferencias indican variación en el modo de reproducción preponderante en cada año y, en consecuencia, la necesidad de muestrear un mismo sitio de colección en más de un año para tratar de captar la mayor proporción posible de la diversidad genética natural para fines básicos y aplicados.

GV 10

DESARROLLO DE CAPACIDADES EN CÓDIGOS DE BARRA DE LA VIDA PARA ASIGNACIÓN TAXONÓMICA POR METABARCODING: PROYECTO PILOTO EN ESPECIES VEGETALES, URUGUAY

Cosse M.¹, N. Mannise¹, R. Seguí², C. Da Silva³, A. Iriarte⁴. ¹Departamento de Biodiversidad y Genética, IIBCE-MEC, Montevideo, Uruguay; ²División Información Ambiental, DINAMA-MVOTMA, Montevideo, Uruguay; ³PDU Espacio de Biología Vegetal del Noreste-UdelaR, Tacuarembó, Uruguay; ⁴Laboratorio de Biología Computacional, Depto. Desarrollo Biotecnológico, Instituto de Higiene, Facultad de Medicina, UdelaR, Montevideo, Uruguay. mcosse@iibce.edu.uy

En 2003 se propuso el *barcoding*, un sistema estandarizado para la identificación de especies basado en ADN. El gen mitocondrial COI fue seleccionado como el mejor candidato para código universal de la vida. Sin embargo, este marcador no logra una discriminación taxonómica efectiva en plantas. Los *loci* más usados como *barcode* en plantas son: el espaciador intergénico del cloroplasto trn H-psb A y los Espaciadores Internos Transcritos (ITS). El término *metabarcoding* se refiere a la identificación taxonómica efectiva de un grupo de organismos presentes en una muestra compleja (ej. agua o fecas). A la hora de diseñar un estudio de *metabarcoding*, el marcador genético usado debe ser del menor tamaño posible generando la más alta resolución taxonómica; a su vez, se debe disponer de una base de secuencias de referencia sobre la cual comparar las secuencias obtenidas. El objetivo de este trabajo fue analizar el grado de discriminación taxonómica lograda con diferentes marcadores genéticos en un grupo de especies vegetales nativas. Se amplificaron 54 especies para cuatro marcadores para *barcoding*; tres de ADN de cloroplasto (TrnL-F, psbA, rbcL) y uno nuclear (ITS2). El éxito de amplificación varió entre marcadores, siendo el más eficiente el trnL-F (94%) y el menos eficiente el ITS2 (72%). El marcador que identificó un mayor número de ejemplares a nivel de especie fue el trn H-psb A (12%). Estos resultados señalan la necesidad de desarrollo de sinergias inter-institucionales para lograr una alta representación de las especies neotropicales en los bancos de secuencias de referencia.

CRUZABILIDAD ENTRE VARIEDADES DE FRUTOS ROJOS Y AMARILLOS DE ARAZÁ

Silva M.¹, C. Da Luz², M. Vaio¹, E. Nuñez¹, B. Vignale², M. Quezada¹, G. Speroni¹, C. Pritsch¹. ¹Departamento Biología Vegetal, Facultad de Agronomía-UDELAR, Uruguay; ²Estación Experimental de Salto, Facultad de Agronomía-UDELAR, Uruguay. martinsilvar96@gmail.com

Psidium cattleianum es un frutal sudamericano conocido con dos variedades botánicas que presentan frutos de color rojo (f. *lucidum*) o amarillo (f. *cattleianum*). Hemos reportado la ocurrencia de apomixis diplospórica, facultativa en ambas variedades. Las evidencias de hibridación entre ambas variedades son muy escasas. Este trabajo se propuso constatar la presencia de híbridos en progenies “amarillo x rojo” y “rojo x amarillo”, mediante análisis de perfiles de marcadores moleculares y de ploidía mediante citometría de flujo. En total se realizaron seis cruzamientos, tres “rojo x amarillo” y tres correspondientes a sus respectivos recíprocos, utilizando las accesiones: rojo IV-1 (citotipo 7x) y las amarillas IV-6 (citotipo 8x), III-5 (citotipo 8x), Marta (citotipo 6x). El tamaño promedio de las progenies fue 15 individuos (madre amarilla) y 25 (madre roja). Se utilizaron cuatro marcadores SSR y tres ISSR, polimórficos entre rojos y amarillos. De los 118 individuos analizados, todos presentaron perfiles de bandas idénticos al materno. El nivel de ploidía materno se observó en 116 de 118 individuos (98,3%). Los individuos restantes incluyen un individuo 11x del cruzamiento IV-1 x III-5 y un individuo 12x del recíproco. La ausencia de bandas padre-específicas en las progenies indicaría ausencia de hibridación. Sin embargo, dado el bajo número de marcadores analizados y el tamaño de la progenie es posible que este resultado se explique por muy bajas frecuencias de hibridación. El origen de los citotipos 11x y 12x es complejo; amerita proseguir estos estudios.

ANÁLISIS MORFOMÉTRICO DE LA FORMA DE HOJA EN POBLACIONES NATURALES DE *Anadenanthera colubrina* VAR. *CEBIL*

Bruera C.R.^{1,2,3}, M.E. Barrandeguy^{1,2,3}, M.J. Pastorino^{3,4}, M.V. García^{1,2,3}. ¹Instituto de Biología Subtropical Nodo Posadas (UNaM - CONICET), Argentina; ²Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ⁴Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias de Bariloche (INTA - CONICET), Argentina. camibruera@gmail.com

La forma de hoja es un carácter importante en el desarrollo controlado por factores genéticos y ambientales. Una aproximación morfométrica geométrica es apropiada para una comparación cuantitativa de las formas biológicas bidimensionales. *Anadenanthera colubrina* var. *cebil* es una especie nativa y paradigmática de los Bosques Secos Estacionales Neotropicales que presentan una distribución disyunta con dos núcleos separados por cientos de kilómetros en Argentina: Misiones y Pedemontano Subandino. Estudios moleculares detectaron estructuración genética entre ambos núcleos. En el presente trabajo se realizó un análisis morfométrico de las hojas (bipinnadas) de *A. colubrina* var. *cebil* para determinar si existen diferencias en su forma entre los núcleos argentinos. Se analizaron hojas de 108 árboles adultos (3 hojas por individuo) provenientes de 6 poblaciones de cada núcleo. Se digitalizaron 24 marcadores en el contorno de cada hoja, produciendo una configuración de 48 coordenadas. Se realizó un Análisis de Componentes Principales y un Análisis Discriminante. La variabilidad en la forma de hoja quedó explicada por los 5 primeros componentes (~60% de la varianza total). El 1er componente resumió el 31,64% de la varianza total aunque no mostró un patrón claro en su distribución mientras que el 2do componente resumió el 10% de la varianza total y los individuos se distribuyeron por su variación en el ancho basal de la hoja. El análisis discriminante mostró que las diferencias entre los núcleos Misiones y Pedemontano Subandino fueron estadísticamente significativas ($p < 0,05$).

GV 13

MODO DE REPRODUCCIÓN Y ORIGEN DE LA PROGENIE DE *Habranthus tubispathus* (L. HÉR.) TRAUB. (AMARYLLIDACEAE)

Gianini Aquino A.C., A.I. Honfi, J.R. Davaña¹. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, Nodo Posadas (UNaM - CONICET), Misiones, Argentina. anita_gianini@hotmail.com

Habranthus tubispathus es una bulbosa ornamental cuya distribución geográfica comprende desde el sur de EEUU hasta el norte de la Patagonia Argentina. Esta especie presenta citotipos tetraploides, pentaploides y hexaploides. El objetivo de esta investigación es determinar el modo de reproducción y el origen de la progenie de una población tetraploide ($2n=4x=24$) procedente de Corrientes, Argentina (Gianini 4, MNES). Se aplicaron técnicas de tinción convencional, corte seriado de ovarios y análisis de contenido relativo de ADN en semillas mediante citometría de flujo. Las madres y todas las semillas estudiadas resultaron tetraploides. La mitosis en grano de polen reveló gametos reducidos con $n=12$ cromosomas. La meiosis femenina ni sus productos fueron observados en 190 (99,5%) óvulos analizados. La célula madre de la megáspora se elonga y vacuoliza e inicia directamente la megagametogénesis mediante 3 ciclos de mitosis. En anthesis se observa un saco embrionario maduro en cada ovulo, formado por 1 oosfera, 2 sinérgidas, 2 núcleos polares y 2-3 antípodas, ubicado sobre el eje micrópilo-chalazal. La relación 2:5 del contenido relativo de ADN (embrión: endosperma) en el 100% semillas analizadas indica que la ploidía del embrión es $4x$ y la del endosperma $10x$. Las progenies son originadas de sacos apomícticos diplospóricos por partenogénesis, mientras que el endosperma se origina por pseudogamia, por contribución de dos núcleos no reducidos maternos ($2n+2n$) y un núcleo reducido paterno (n). *H. tubispathus* tetraploide se comporta como apomíctica diplospórica pseudógama.

GV 14

ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE BABAÇU DAS ESPÉCIES *Attalea speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri* NO ESTADO DO MARANHÃO, BRASIL

Mata L.R.D.¹, M.M. Cavallari², V.C.R. Azevedo^{1,3}, M.C. Moretzsohn¹.
¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Distrito Federal, Brasil; ²Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, Brasil; ³International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT), Patancheru, Índia. lorena.mata@embrapa.br

O babaçu é uma palmeira com ampla distribuição no Brasil, pertencente à família Areaceae e ao gênero *Attalea*. O extrativismo do coco babaçu é de suma importância na economia interiorana do estado do Maranhão - Brasil. Marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*) têm sido utilizados com eficácia em análises de variabilidade genética. Neste trabalho foram utilizados 20 marcadores SSR na caracterização molecular de dez populações de babaçu localizadas no estado do Maranhão, compostas pelas espécies *A. speciosa*, *A. barreirensis*, *A. eichleri* e híbridos dessas espécies. Essas populações foram classificadas em “puras ou predominantemente compostas por *A. speciosa*”, “puras ou predominantemente compostas por *A. eichleri*” e “populações com grande número de híbridos”. Nas dez populações, os locos analisados detectaram alto índice de polimorfismo (95-100%). A heterozigosidade esperada variou de 0,622 a 0,782, enquanto que a heterozigosidade observada variou de 0,460 a 0,661. O índice de fixação dentro das populações (F_{IS}) foi de 0,334, o índice de fixação total (F_{IT}) foi de 0,429, divergência genética entre populações (F_{ST}) foi de 0,143 e o fluxo gênico médio Nm foi de 1,5. Esses resultados sugerem que existe uma moderada diferenciação e que uma taxa significativa de fluxo gênico tem ocorrido entre essas populações. Foram obtidas informações importantes para a conservação dessas espécies e que podem ser usadas para definir estratégias de manejo dessas populações.

SELEÇÃO DE PRIMERS ISSR PARA ESTUDOS GENÉTICOS EM *Verbena rigida* SPRENG. (VERBENACEAE)

Weber G.G.¹, J.V.W. Corrêa¹, L. Pilati¹, P.R. Da Silva¹. ¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil. gabi-frn@hotmail.com

Verbena rigida Spreng. é uma herbácea nativa da América do Sul amplamente explorada no paisagismo. Devido ao uso ornamental da espécie, atualmente sua ocorrência é global. A espécie atinge no máximo 30 cm de altura, não possui flor atrativa para insetos e as sementes não apresentam estruturas especializadas em dispersão. Estas características a fazem uma espécie interessante para estudos de genética populacional de plantas com baixa capacidade de dispersão, e o marcador molecular ISSR (*inter-simple sequence repeat*) é uma importante ferramenta para este tipo de estudo. Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar os melhores primers ISSR para estudos genéticos em *V. rigida*. Para isso, 42 primers ISSR foram avaliados em 10 indivíduos da espécie e para cada primer que apresentou amplificação foi determinado os valores de PIC (conteúdo de informação de polimorfismo) e RP (poder de resolução). Os valores de PIC e RP dos 24 primers que apresentaram amplificação variaram de 0,30 a 0,49 e de 0,80 a 7,4, respectivamente. Com base nos valores de PIC e RP foram selecionados 10 primers. O dendrograma obtido com os dados destes 10 primers apresentou a mesma topologia que o obtido com os 24 primers que apresentaram amplificação. A correlação entre as matrizes de similaridade obtidas com os dois conjuntos de primers foi positiva e significativa ($r=0,75$, $p<0,001$). Estes resultados evidenciaram que a seleção de primers ISSR foi eficiente para *V. rigida*, o que possibilitará a economia de tempo e recursos, sem perda da robustez dos resultados, em futuros estudos genéticos da espécie.

ENVIRONMENTAL MEMORY: TRANSGENERATIONAL REGULATION OF DEVELOPMENTAL TRANSITIONS IN *Arabidopsis*

Authier A.^{1,2}, G.A. Auge^{1,2}. ¹Fundación Instituto Leloir, IIBBA-CONICET, Argentina; ²Departamento de Fisiología, Biología Molecular y Celular, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ailenauthier@gmail.com

Plants perceive and respond to environmental changes and can transfer that environmental information to their progeny. Key developmental processes such as germination and flowering can be influenced by the current environmental conditions of a certain individual, as well as those experienced by previous generations. Understanding the mechanisms by which plants can transfer this environmental memory to their progeny is critical to interpret their adaptive value. Transgenerational regulation of stress responses in *Arabidopsis thaliana* plants is associated with the function of *Dicer-like 2 (DCL2)*, *DCL3* and *DCL4* genes, involved in non-coding small RNA synthesis, and with DNA methylation frequency changes inherited by the progeny. These suggest that the RNA-directed DNA-methylation pathway (RdDM) would be involved in the control of progeny responses to the maternal environment. In this work we aim to shed light on the role of the RdDM pathway in the transgenerational control of progeny responses (seed provision and germination). Using *Arabidopsis* null mutants of diverse genes involved in the RdDM pathway-*dcl234*, *ago4-1*, *rdr2*, *rdr6*, *nprpd2a* and *rdd* in Columbia background- we study how non-stressing temperature changes during the mother plant life cycle influence progeny development. Our results show that germination of the mutants differ from the wild type depending on the maternal environment, which involves the RdDM pathway in the regulation of transgenerational responses in plants to seasonal changes.

GV 17

GENOTIPIFICACIÓN DE *Enterolobium contortisiliquum* (LEGUMINOSAE, MIMOSOIDEAE) EN ESTADIOS TEMPRANOS A PARTIR DE TEJIDO EMBRIONARIO

Martinotto C.G.¹, M.E. Barrandeguy^{1,2,3}, A.L. Goncalves^{1,2,3}, M.V. García^{1,2,3}. ¹Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas (UNaM-CONICET), Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. martinotto97@gmail.com

Enterolobium contortisiliquum (Leguminosae, Mimosoideae) conocida como timbó, es una especie forestal nativa que se distribuye en el Norte argentino. El objetivo del presente trabajo fue establecer un protocolo para la obtención de tejido embrionario apto para el aislamiento de ADN genómico de calidad para la genotipificación de timbó en estadios tempranos de su desarrollo mediante marcadores microsatélites. Se emplearon dos tratamientos de escarificación: mecánica con lija y química con ácido sulfúrico. El tejido embrionario se extrajo a los tres y siete días de germinación. Ambos tratamientos y tiempos de germinación permitieron obtener ADN genómico de calidad, testada mediante la amplificación de cuatro *loci* microsatélites nucleares. Los genotipos se establecieron empleando un secuenciador analizador de fragmentos. Los genotipos obtenidos a partir de tejido embrionario se compararon con los de las plantas madre pudiéndose identificar los alelos maternos y los posibles alelos paternos, así como analizar la diversidad alélica en el tejido embrionario en relación a la de su población de origen. Dado que las semillas del mismo fruto son con mayor probabilidad resultado del mismo evento de fecundación, la genotipificación en estadios tempranos a partir de tejido embrionario permite conocer la diversidad genética esperada en la futura descendencia representando una herramienta poderosa para auxiliar la toma de decisiones en el manejo de las poblaciones de especies forestales nativas, como ser para el establecimiento de huertos semilleros.

GV 18

VALIDACIÓN DE NUEVOS MARCADORES SSR DESARROLLADOS POR GBS DDRADSEQ PARA LA IDENTIFICACIÓN DE VARIETADES LOCALES DE *Prunus salicina* LINDL.

Acuña C.¹, F. Luna², N. Aguirre¹, C. Filippi¹, T. Cerrillo³, G. Valentini⁴, G. Sánchez⁴, J.G. Rivas¹, P. Villalba¹, M. García¹, M.C. Martínez¹, E. Hopp⁵, S. Marcucci Poltri¹. ¹Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA IABIMO, INTA-CONICET, Argentina; ²Universidad de Morón, Argentina; ³E.E.A. Delta del Paraná, INTA, Argentina; ⁴E.E.A. San Pedro, INTA, Argentina; ⁵Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, UBA, Argentina. acuna.cintia@inta.gob.ar

La fruticultura en el delta del Río Paraná tuvo su auge durante la primera mitad del siglo XX, sin embargo, en la actualidad sólo unos pocos productores isleños se dedican a esta actividad. Como parte de la preservación de los recursos fitogenéticos, el INTA abordó el rescate y caracterización del único germoplasma de variedades locales de ciruelo japonés desarrolladas por los productores de la región. En este estudio se evaluó la diversidad genética en una colección de 26 variedades locales, utilizando marcadores microsatélites (SSR) desarrollados a partir de secuencias obtenidas por GBS ddRADseq. Se seleccionaron 20 SSR que fueron validados en 6 individuos para la detección de polimorfismos. Con siete de estos SSR se realizó el estudio de diversidad genética, detectándose 42 alelos totales, con un rango de 3-10 y un promedio de 6 alelos por locus. La heterocigocidad observada (H_o) y esperada (H_e) varió entre 0,31 y 0,96, y entre 0,61 y 0,82, con promedios de 0,75 y 0,74, respectivamente. El Índice de Contenido Polimórfico (PIC) varió entre 0,54 y 0,80, con un promedio de 0,69. El 72% de los valores de distancias genéticas DAS entre individuos fueron mayores a 0,5 con un promedio de 0,61, distinguiéndose todas las variedades inequívocamente. Estos resultados indican que las 26 variedades locales fueron genéticamente únicas, descartándose así posibles casos de sinonimia. Estos marcadores se sumarán a los ya evaluados, para desarrollar un sistema de genotipado para la identificación de cultivares, que será utilizado como complemento en futuras inscripciones en el RNC e INASE.

USO DE SSR PARA LA CARACTERIZACIÓN Y DISCRIMINACIÓN DE CUATRO VARIEDADES COMERCIALES DE GARBANZO (*Cicer arietinum* L.) ARGENTINAS

Sosa M.M.¹, C. Pereyra¹, R. Delgado¹, J. Carreras², G. Collavino¹, A. Fekete³, M. Pocovi¹. ¹Laboratorio de Marcadores Moleculares FCN-UNSA, Salta, Argentina; ²Departamento Producción Vegetal FCA-UNC, Córdoba, Argentina; ³INTA EEA Cerrillos, Salta, Argentina. martinosall3@gmail.com

El cultivo de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) alcanzó en Argentina una superficie de 80.000 ha. Sólo se cuenta con seis variedades comerciales, algunas de ellas emparentadas. Si bien la distinción de los materiales se realiza morfológicamente, en los últimos años se registraron problemas en la identificación por parte de los distribuidores de semillas con el consecuente perjuicio económico para los obtentores. El uso de marcadores moleculares es eficaz para la identificación varietal. Se caracterizaron cuatro cultivares comerciales: Chañaritos S-156, Norteño, Kiara UNC-INTA y Felipe UNC-INTA con 35 SSR. Se estimaron las distancias genéticas de Prevosti (d) y las variables: Número de loci polimórfico (P), Número de patrones de bandas por primer (T), Probabilidad de confusión (C), Poder discriminatorio (D), Número teórico de pares de variedades indistinguibles (X) y se determinó la combinación óptima de SSR que asegure la identificación unívoca de las variedades. El porcentaje de loci polimórfico fue 0,65, siendo 12 de ellos monomórficos. Las variedades Norteño y Kiara evidenciaron un estrecho parentesco ($d=0,1$). El SSR TA64 fue el más discriminante, presentando $T=4$ y $C=0,1$. La combinación que permite la identificación varietal inequívoca incluye tres SSR (TA64, TA28 y TA5), con una probabilidad de confusión acumulada de $3,3 \times 10^{-3}$, dejando 0,03 pares de variedades indistinguibles. La evaluación del Poder discriminatorio de los microsátélites permitió seleccionar una combinación óptima de primers que sienta un precedente en la descripción molecular de estos cultivares comerciales.

ANÁLISIS ÓMICOS PARA DETERMINAR LAS BASES MOLECULARES AROMÁTICAS DE *Vitis vinifera* cv. TANNAT

Nieto N.¹, E. Passarino¹, E. Boido¹, A. Coniberti², E. Disegna², F. Carrau¹, E. Dellacassa¹, L. Fariña¹, C. Da Silva³. ¹Facultad de Química; ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria; ³Centro Universitario de Tacuarembó nicolasnietocuello@gmail.com

Tannat (*Vitis vinifera* cv. Tannat), introducido en Uruguay en 1870, es actualmente la variedad vinífera más cultivada y considerada insignia del país. En la década de 1990 se introducen sin la existencia de estudios previos ocho clones comerciales franceses. Es una variedad que presenta alta concentración de polifenoles; sin embargo no se considera una variedad aromática. El aroma se debe a compuestos volátiles (terpenos, compuestos fenólicos, norisoprenoides y ésteres etílicos), y la presencia de precursores aromáticos como los compuestos glicosilados y carotenoides en la uva representa un potencial aromático para los vinos. Actualmente se conocen las secuencias de los genes que codifican para las enzimas que catalizan la síntesis de terpenos, norisoprenoides y carotenoides. Nuestro grupo de investigación secuenció transcriptomas a lo largo del desarrollo de la baya. Con estos datos se determinó que el momento de mayor expresión de los genes involucrados en la síntesis de carotenoides es en Envero y de los involucrados con la síntesis de terpenos y norisoprenoides es en Madurez Enológica. También se están analizando mediante GC-MS los componentes aromáticos de los ocho clones de Tannat en madurez enológica durante las vendimias de 2016, 2017, 2018 de un viñedo experimental de INIA-Las Brujas, Canelones, Uruguay. A partir de estos datos determinaremos los clones que poseen el mayor y el menor potencial aromático, y así continuar avanzando en las líneas de investigación para establecer las bases moleculares que determinan las diferencias aromáticas entre clones de Tannat.

GV 21

DIFFERENTIAL EXPRESSED TRANSCRIPTS ASSOCIATED TO CHEMICAL-INDUCED MALE STERILITY BY IMIDAZOLINONE HERBICIDE TREATMENT IN IMISUN SUNFLOWER

Loste N.¹, S. Felitti^{1,2}, G. Nestares^{1,2}, A. Ochogavía^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, IICAR-CONICET-UNR, Santa Fe, Argentina. anaochogavia@conicet.gov.ar

Imidazolinones (IMI) are herbicides that inhibit the acetohydroxyacid synthase activity. Imisun sunflowers (*Helianthus annuus* L.) are commercial IMI-resistant cultivars. A digenic model with a major gene *Imr1* and a modifier gene *Imr2* explains their genotypic resistance. IMI application during early reproductive growth stages was recently proposed as chemical agent for inducing male sterility in resistant sunflower. However, the underlying mechanism remains unknown. The aim of our work was to analyze the differential expressed genes in male reproductive tissue treated by twice (2X) the recommended field dose of imazapyr (160 g a.i. ha⁻¹) in two Imisun genotypes: resistant (R; *Imr1Imr1Imr2Imr2*) and intermediate resistant (I; *Imr1Imr1imr2imr2*). Immature anthers were collected and fixed at 11, 13 and 16 days after treatment in order to be observed by Confocal Laser Microscopy (CLM) and analyzed by cDNA-AFLP. The treatment induced complete male-sterility in both R and I genotypes. CLM revealed cell damage in the sporogenous tissue during the microsporogenesis in treated plants of both genotypes, comprising 60-100% of the pollen sac section. The cDNA-AFLP analysis allowed to obtain 617 scorable transcript-derived fragments, and the 80% were differentially expressed between treated and control plants. Our results suggest that 2X IMI-treatment induced *Imr2*-independent response in anthers of Imisun sunflowers. The cDNA-AFLP analysis will contribute to the identification of the molecular bases of a novel chemical method for inducing male sterility in sunflower crop.

GV 22

OVEREXPRESSION OF COWPEA WRKY GENE IN *Arabidopsis thaliana* ENHANCES SALT STRESS

Crispim J.G.¹, M.F.K. Antunes¹, R.C. Rabara², E.D.S. Santos¹, V. Pandolfi¹, L. Sun², H. Liu², A.M. Benko-Iseppon¹, L. Willadino³, M.P. Timko², A.C. Brasileiro-Vidal¹. ¹Genetics Department, Biosciences Center, Federal University of Pernambuco, Recife, PE, Brazil; ²Biology Department, University of Virginia, Virginia, Charlottesville, USA; ³Biology Department, Rural Federal University of Pernambuco, Recife, PE, Brazil. crispimjg@gmail.com

WRKY transcription factors are involved in abiotic stress responses, modulating the expression of downstream genes in signaling pathways. The present work evaluated the effect of overexpression of a cowpea WRKY gene (*VuWRKY*) on a set of *Arabidopsis thaliana* genes responsive to salt stress: *AtSOS1*, *AtSOS2*, *AtRD29A* and *AtRD29B* (osmotic stress); *AtSOS3* (hypotonic salinity); *AtNHX1* [K⁺(Na⁺)/H⁺ exchange]; *AtABI5* (ABA signaling pathway), and *AtP5CS1* (proline synthesis). Twenty-one-day-old acclimatized transgenic (L1, L2 and L3) and wild type (WT) *Arabidopsis* plants were subjected to salt stress (200 mM NaCl) for 1 h, 2 h, 4 h and 8 h and the differential expression of the target genes evaluated by qRT-PCR. Analysis of all three transgenic and control lines was carried out using three biological and technical replicates. Most of the salt responsive genes showed increased expression at the initial stages of salt stress (1 h or 2 h post treatment) in the three transgenic *Arabidopsis* lines, with *AtRD29B* and *AtABI5* being most induced in L1 and L2. The exception was *AtSOS1*, which was not upregulated by salt stress at any time point in either the transgenic or WT control plants. On the other hand, in WT plants, only *AtRD29B*, *AtNHX1*, *AtABI5*, and *AtP5CS1* were up-regulated at 1 h, while *AtSOS1*, *AtSOS2*, *AtSOS3*, and *AtNHX1* were down-regulated at 2 h post treatment. Cumulatively, our data suggest that the overexpression of *VuWRKY* gene in *Arabidopsis* enhances salt tolerance and suggests that overexpression of this gene in cowpea or related species could enhance tolerance against salt.

DETERMINACIÓN DE PUREZA GENÉTICA EN SEMILLAS HÍBRIDAS INTERESPECÍFICAS DE ZAPALLO POR MEDIO DE MARCADORES MOLECULARES, BIOQUÍMICOS Y FENOTÍPICOS

Della Gaspera P.¹, C. Tarnowski², J. Valdez², I. Lorello³, K. Barboza^{1,4}, P. Cavagnaro⁴. ¹Estación Experimental Agropecuaria INTA La Consulta, Mendoza, Argentina; ²Laboratorio Análisis de Semilla INTA La Consulta, Argentina; ³Cátedra de Botánica Agrícola, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Argentina; ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
dellagaspera.pedro@inta.gob.ar

El híbrido ACONCAGUA INTA proviene de un cruzamiento simple entre *Cucurbita maxima* x *C. moschata*. Su interés para la industria del deshidratado se debe a un rendimiento de 50 t ha⁻¹ y un 17% en sólidos totales. Dada la presencia de autopolinizaciones en la producción de semilla, es necesario determinar el porcentaje de cruzamientos efectivos. Para lograr este objetivo se emplearon tres aproximaciones: una fenotípica; perfil de proteínas y marcadores microsatélites. Se extrajeron 50 semillas al azar de un lote comercial. Se usaron además muestras de semillas autopolinizadas de los parentales y de híbridas con polinización manual. Las de origen comercial se cortaron a la mitad y la porción que contenía el embrión se sembró en macetas. El marcador fenotípico consistió en la presencia de manchas en las hojas (híbridas) u hojas lisas (autofecundadas). De todas esas plantas se extrajo ADN y se elaboró un perfil genético a través de un marcador molecular microsatélite (CMBR22). Los cotiledones correspondientes a las mitades obtenidas fueron analizados a través de electroforesis con Enfoque Isoeléctrico en Capas Ultrafinas (UTLIEF), el cual generó un perfil proteico. Se determinó un 52,7% de plantas híbridas y hubo una coincidencia completa en la detección y discriminación de los genotipos híbridos utilizando los tres métodos. Dado que las semillas de zapallo presentan dormancia, el método UTLIEF es el que permite tempranamente más determinar el nivel de hibridización del lote de semillas.

HEREDABILIDAD DE CARACTERES FLORALES DE CEBOLLA (*Allium cepa* L.) VINCULADOS A LA PRODUCCIÓN DE SEMILLAS

Noguera Serrano S.P.¹, C.R. Galmarini^{2,3}. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria La Consulta, Mendoza, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Chacras de Coria, Luján, Mendoza, Argentina.
paola.noguera.fi@gmail.com

La cebolla es una especie alógama que requiere de la polinización entomófila para producir semillas. En el mundo se emplean cultivares de polinización abierta (OP) e híbridos (F1). Los híbridos F1 producen menor rendimiento de semillas que los cultivares OP, se presume que esto se debe a una deficiencia en el cuaje vinculada a la polinización. Se ha reportado que el largo del estilo y el tamaño de los sépalos se correlacionan con la actividad de las abejas y la producción de semillas. El objetivo de este trabajo fue evaluar la heredabilidad de caracteres morfológicos florales asociados con la visita de polinizadores para seleccionar líneas androestériles más atractivas. Para ello, se utilizaron tres poblaciones segregantes F₂ derivadas de tres cruzamientos entre líneas androestériles y un cultivar de cebolla OP. Las F₂ fueron sembradas en febrero del 2017 en EEA La Consulta INTA y la floración se produjo de noviembre a diciembre del mismo año. En cada cruzamiento se colocaron jaulas para aislar los materiales de otros polinizadores y se seleccionaron 150 plantas de las cuales se tomaron 10 flores por planta. Las flores se fijaron en una solución de formol-ácido acético-alcohol. Para cada flor, se midió la longitud y ancho del estilo, tépalos, ovario, filamentos y anteras. Los valores obtenidos de Vg/Vt oscilaron entre 0,3 y 0,9. Estos resultados parciales se compararon con los datos de los padres y F₁ para determinar la heredabilidad de los caracteres. Los datos obtenidos servirán para seleccionar líneas que aseguren una mayor producción de semillas híbridas de cebolla.

GV 25

INCREMENTO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA PARA LA CALIDAD DE FRUTO DE TOMATE EN LÍNEAS CASI ISOGÉNICAS CON INTROGRESIONES SILVESTRES

Di Giacomo M.^{1,2}, M.D. Luciani², G.R. Rodríguez^{1,2}, J.H. Pereira Da Costa^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Argentina; ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Argentina.
digiacomo@iicar-conicet.gov.ar

En base a la escasa variabilidad genética para calidad de fruto en tomate, se desarrolló una colección de 22 líneas casi isogénicas (NILs) a partir de sucesivas retrocruzas hacia el cultivar Caimanta de *Solanum lycopersicum*. Las NILs poseen introgresiones silvestres en homocigosis de *S. pimpinellifolium* accesión LA722 determinadas por microsatélites. Con el fin de evidenciar el aumento de la variabilidad genética en la colección de NILs, se evaluaron 13 caracteres fenotípicos de tamaño y calidad de fruto en un ensayo a dos años. Se comprobó la interacción genotipo x año mediante ANOVA a dos vías y se estimaron los valores BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) para cada NIL para ser utilizados en los análisis de componentes principales y de conglomerados. Se observó efecto genotipo significativo para el 100% de los caracteres ($p < 0,001$) e interacción genotipo x año para el 85% ($p < 0,05$). Las dos primeras componentes explicaron un 60% de la variación en el germoplasma. El análisis de conglomerados permitió diferenciar cuatro grupos (G) de NILs con tomates de buen potencial para consumo en fresco. El G1 se caracterizó por frutos redondos y carnosos. El G2 se diferenció por frutos color rojo intenso con buen contenido de sólidos solubles (SS). Por otro lado, el G3 presentó frutos de mayor peso y ligeramente achatados, mientras que el G4 presentó frutos de alto SS, buena firmeza y larga vida poscosecha. Los resultados indican que las introgresiones silvestres proporcionan una fuente de variabilidad genética con efectos positivos en caracteres de fruto de valor comercial.

GV 26

EFFECTO DEL GENOTIPO Y DEL AMBIENTE SOBRE CARACTERES METABÓLICOS Y AGRONÓMICOS DE FRUTOS DE TOMATE

Fortuny A.P.^{1,2}, R.A. Bueno², J.H. Pereira Da Costa^{2,3}, G.R. Rodríguez^{2,3}, M.I. Zano^{1,4}. ¹Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR), Argentina; ²Cátedra de Genética, Facultad de Cs. Agrarias, UNR, Argentina; ³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Argentina; ⁴Departamento de Química Biológica, Facultad de Cs. Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR, Argentina.
fortuny@ibr-conicet.gov.ar

Los consumidores demandan mayor calidad en los frutos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Para ello es necesario que los programas de mejoramiento cuenten con variabilidad genética. El objetivo del trabajo fue evaluar la variabilidad genética, metabólica y agronómica de frutos en 5 cultivares con distintos orígenes genéticos, en dos sistemas de cultivo (campo e invernáculo). Los genotipos fueron dos cultivares estadounidenses Red Purple y Zebra Green y tres cultivares argentinos Querubín FCA, Gema FCA y ToUNR 17. Utilizando marcadores moleculares InDel, SSR y funcionales se encontró un alto polimorfismo entre los 5 genotipos y las distancias genéticas y el agrupamiento se correspondieron con el origen de los cultivares. El Análisis de Componentes Principales que incluyó 40 caracteres agronómicos y metabólicos de fruto permitió visualizar la variación de los genotipos, observando un comportamiento similar entre ambos ambientes y una identidad bien definida de los cultivares. Con ANDEVA se encontró que el 71% de las variables difirieron entre los cultivares ($p < 0,05$). Los azúcares fructosa, glucosa y xilosa no difirieron significativamente. Dada la naturaleza cuantitativa de los caracteres analizados se evaluó la interacción GxA. El ANDEVA factorial mostró que el 90% de los caracteres tuvo efecto genotipo significativo ($p < 0,05$), mientras que sólo un 40 y 43% lo fue para ambiente y GxA, respectivamente. Se demostró que los cultivares se diferenciaron en los caracteres de fruto evaluados, para los que el componente genotípico tuvo mayor importancia que el ambiente y la interacción.

VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y EPIGENÉTICA EN LOS FRUTOS DE HÍBRIDOS RECÍPROCOS DE PRIMER Y SEGUNDO CICLO EN TOMATE

Jimenez M.¹, F. Trepal¹, D. Vázquez², V. Cambiaso^{1,2}, G.R. Rodríguez².
¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR- CONICET-UNR), Argentina. magali.djimenez@gmail.com

El cultivar Caimanta de *Solanum lycopersicum* (C) y la accesión LA0722 de *Solanum pimpinellifolium* (P) se cruzaron para la obtención de nuevos cultivares. Luego de 6 ciclos de selección entre ellos se obtuvieron los cultivares Gema FCA (G) y Querubín FCA (Q). Para identificar si la metilación del ADN tiene influencia sobre caracteres agronómicos en frutos de tomate se evaluaron variables fenotípicas (peso, forma, vida poscosecha, firmeza y los parámetros de color: a, b y L) y epigenéticas en los genotipos progenitores de primer ciclo C y P, los progenitores de segundo ciclo G y Q y los híbridos CxP, PxC, GxQ y QxG cultivados en el mismo año. En los híbridos de primer ciclo se destacó una dominancia del genotipo P sobre C en el peso y un aumento de la firmeza en los híbridos de segundo ciclo, por sobre los valores de C y P. Se encontró herencia materna para los caracteres L y a del color en los híbridos CxP y PxC y diferencias entre los híbridos recíprocos para vida poscosecha (CxP y PxC) y en b (GxQ y QxG). Utilizando la técnica MSAP se evaluaron 146 marcadores de metilación de ADN. La distancia epigenética de Dice discriminó a los genotipos en 4 grupos en los que se observa distinción epigenética de G y PxC. Además el cambio gradual en la metilación del ADN determinado por el recorrido mínimo coincide con la genealogía. La prueba de Procrustes entre las configuraciones agronómicas y epigenéticas mostró a C separada del resto de los genotipos y presenta un consenso de 79,6% concluyendo que existe una variabilidad fenotípica y epigenética coincidente entre los genotipos.

GENE EXPRESSION OF DAT AND D4H ON DIFFERENT SUBSTRATES AND VARIETIES OF *Catharanthus roseus*

Cruz Paula F., I. Felipe Gonçalves¹, L. De Carvalho Nascimento², J. Dias De Souza³, M. Moreira Moulin⁴, A.P. Candido Gabriel Berilli⁵, I. Rodrigues Pretti⁵. ¹Instituto Federal do Espírito Santo, Brazil; ²Federal Institute of Espírito Santo Campus de Alegre (IFES), Brazil; ³Department of Genetics, Bioscience Institute, Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS), Brazil; ⁴Federal Institute of Espírito Santo Campus de Alegre (IFES), Brazil; ⁵Federal Institute of Espírito Santo Campus Itapina (IFES), Brazil felipe.cpaula64@gmail.com

The expression of a gene is determined by genetic mechanisms and factors external to the plant. Researches have sought to understand these mechanisms to generate new products for man. In this sense, vinca (*Catharanthus roseus*) stands out as a plant of pharmacological interest for the production of vinblastine and vincristine alkaloids, with use in chemotherapeutic treatments. In the production pathway of these alkaloids, desacetoxyvindoline-4-hydroxylase (D4H) and deacetylvindoline 4-O-acetyl transferase (DAT) are major regulators and are targeted in research for overexpression. Thus, we focused on the determination of *C. roseus* varieties with greater expression of the genes for DAT and D4H and their interaction for different cultivation substrates. Four varieties of *C. roseus* and two cultivation substrates with three replicates were used. The RNA of each sample unit was extracted with Trizol and quantified in QuBit 2.0 Fluorometer. Expression of DAT, D4H was by RT-qPCR using 18S as normalizer. The data were analyzed by 2- $\Delta\Delta$ CT and tested by ANOVA. As a result, the "Victory grape" variety cultivated in latosol: sand (1:1) presented higher expression for DAT and D4H. As for the substrate, the highest expression of the cultivars was in latosol: sand (1:1). However, neither treatment nor its interactions were significant by ANOVA, which can be justified by differences in their expression. As perspectives, a greater number of varieties will be evaluated and their subjection to biotic and abiotic stresses.

GV 29

DIVERSITY IN COMMERCIAL CULTIVARS *Catharanthus roseus*, BY MORPHOLOGICAL CHARACTERISTICS

Gonçalves Soares I.F.¹, F. Cruz Paula¹, J. Dias De Souza Neto², M.

Moreira Moulin³, A.P. Candido Gabriel Berilli⁴, I. Rodrigues Pretti⁴.

¹Federal Institute of Espírito Santo, Campus de Alegre (IFES), Brazil;

² Department of Genetics, Bioscience Institute, Federal University

of Rio Grande do Sul (UFRGS), Brazil; ³Federal Institute of Espírito

Santo, Campus de Alegre (IFES), Brazil; ⁴Federal Institute of Espírito

Santo, Campus de Itapina (IFES), Brazil

filipeisraelgoncalves@gmail.com

Vinca (*Catharanthus roseus*) is perennial plant, native from Madagascar island, showing great versatility for use in floriculture, because it has beautiful flowers, and the pharmaceutical industry, because its compounds have antibacterial, anticoagulant, antiparasitic, immunosuppressive and anticancer action. Thus, this research aims to study the structure of genetic diversity among ten different commercial cultivars of *C. roseus*. The seeds were soaked in GA₃ (1g.L⁻¹) for 24 hours, seeding on commercial substrate and transplanted for vase content five liter of substrate. The plants were phenotyped after reaching maturity, in 90 days. Quantitative and qualitative statistical analyzes were performed in the R and GENES program. The matrices of distances were concatenated, generating a dendrogram with three groups: Group A, composed of two varieties and have same leaf format; Group B, also composed of two varieties join by color center in corolla, plant shape, tube diameter in corolla and leaf shape; the third group, C, composed of the six varieties grouped by leaf format. The characteristics leaf area and leaf length were the major contributors for the genetic diversity, 36.8 and 22.0%, being promising in future diversity analyzes to another cultivars. Those characteristics will use in association studies with contents vincristine and vinblastine by RT-qPCR for DAT and D4H genes of the terpene alkaloid route.

GV 30

GLYCEROL-3-PHOSPHATE ACYLTRANSFERASE (GPAT) GENES ARE POTENTIAL CANDIDATE GENES IN ADAPTATION MECHANISMS OF *Eugenia uniflora* L.

Barrientos Diaz O.¹, N.M. Veto¹, F.R. Kulckeski², A.A. Mastroberti³, A.C.

Turchetto-Zolet¹. ¹Programa de Pós-Graduação em Genética

e Biologia Molecular, Departamento de Genética, Instituto de

Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS),

Brasil; ²Programa de Pós-Graduação em Biologia Celular e do

Desenvolvimento, Departamento de Biologia Celular, Universidade

Federal de Santa Catarina (UFSC), Brasil; ³Programa de Pós-

graduação em Botânica, Laboratório de Anatomia Vegetal,

Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do

Sul (UFRGS), Brasil.

ossmanbarrientos@ufrgs.br

Eugenia uniflora L. (Myrtaceae), popularly known as pitanga or Brazilian cherry, inhabit in heterogeneous environments along the Atlantic Forest. Thus, identify and characterize genes involved in response to environmental factors could help us to understand adaptive evolution in natural populations of this species. Enzymes involved in lipid biosynthesis, such as GPAT (*sn* glycerol-3-phosphate 1-O-acyltransferase), can act in different metabolic pathways, physiological functions and were already reported to be involved in abiotic stress response. In this study, we aimed to identify and characterize genes that encoding GPATs in *E. uniflora*. Using BLAST searches against transcriptome sequences of this species we were able to identify seven putative homologous of GPAT. Phylogenetic analysis of these putative GPAT genes identified in *E. uniflora* and GPATs of several other Rosidae species demonstrated the evolutionary relationships with orthologous genes and revealed that these seven putative GPATs are orthologs of GPAT₁, GPAT_{2/3}, GPAT₆, GPAT_{4/8} and GPAT₉. Histochemical and anatomical analysis of leaves of *E. uniflora* plants from two distinct populations growing in greenhouse showed differences in the cuticle of each population, mainly in its thickness and volume of accumulated lipids. Our next steps include analysis for gene expression through RT-qPCR analysis using primers designed and identified by *in silico* analysis were performed. The results provided in this study insights on the possible involvement of GPAT genes in adaptive mechanism in natural populations of *E. uniflora*.

BÚSQUEDA DE PÉPTIDOS ANTIMICROBIANOS EN TRANSCRIPTOMAS DE NOVO DE *Peltophorum dubium* Y *Maytenus ilicifolia*, DOS ESPECIES VEGETALES NATIVAS DE SUDAMÉRICA

Rodríguez S.¹, S. Radío², P. Smircich^{3,2}, G. Ceccetto⁴. ¹Facultad de Agronomía, UdelaR, Uruguay; ²Departamento de Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay; ³Laboratorio de Interacciones Moleculares, Facultad de Ciencias, UdelaR, Uruguay; ⁴Laboratorio de Microbiología, Facultad de Ciencias-Facultad de Química, UdelaR, Uruguay.
surodriguez9@gmail.com

Las plantas producen un repertorio diverso de péptidos antimicrobianos (AMPs), estructural y funcionalmente distintos, que forman parte de la inmunidad innata, actuando contra una amplia gama de patógenos. Los AMPs vegetales presentan algunas características comunes como carga neta positiva a pH fisiológico y un número par de residuos cisteína, pero difieren en tamaño, composición aminoacídica, motivos cisteína y estructura 3D. De acuerdo a esto han sido clasificados en varias familias, entre las que se incluyen defensinas, esnaquinas, tioninas, proteínas de transferencia de lípidos (PTL), ciclótidos y proteínas *hevein-like*. El objetivo de este trabajo fue encontrar nuevos AMPs en transcriptomas de dos especies nativas de Sudamérica: *Peltophorum dubium* y *Maytenus ilicifolia*, para las que no se cuenta con una secuencia genómica disponible. A partir de datos de RNA-seq, obtenidos usando la plataforma Illumina HiSeq2000, se realizó el ensamblado *de novo* y se analizaron los transcriptos en busca de secuencias putativas que codifiquen AMPs mediante BLAST y *scripts* de búsqueda de los motivos cisteína que definen cada familia de AMP. En ambas especies se detectaron transcriptos con similitud con defensinas (14 y 12), snakin-GASA (18 y 15), PTLs (28 y 32), y *hevein-like* (8 y 10) mientras que en *M. ilicifolia* se encontró además una tionina. Se realizó la confirmación biológica de varias de las secuencias identificadas, mediante amplificación con *primers* específicos. Algunos genes de los validados se seleccionarán para evaluar su potencial como agentes antimicrobianos.