



Journal of Basic & Applied Genetics

(Formerly MENDELIANA)

**JOURNAL OF THE ARGENTINE SOCIETY OF GENETICS
REVISTA DE LA SOCIEDAD ARGENTINA DE GENÉTICA**

Proceedings
III JORNADAS REGIONALES DE GENÉTICA DEL LITORAL

Actas
III LITORAL REGION MEETING ON GENETICS



ACTAS

III JORNADAS REGIONALES DE GENÉTICA DEL LITORAL

28 y 29 de junio 2018
EEA INTA Rafaela
SANTA FE - ARGENTINA



Included in:



Cited by:



COMITÉ EDITORIAL

Editor General:

Dra. Elsa L. Camadro

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Mar del Plata
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
Balcarce, Argentina
camadro.elsa@inta.gob.ar

Editores Asociados:

Citogenética Animal

Dra. Liliana M. Mola

Departamento de Ecología, Genética y Evolución
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad Nacional de Buenos Aires
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
Buenos Aires, Argentina
limola@ege.fcen.uba.ar; lilimola@yahoo.com.ar

Citogenética Vegetal

Dr. Julio R. Daviña

Instituto de Biología Subtropical
Universidad Nacional de Misiones
Posadas, Argentina
juliordavina@fceqyn.unam.edu.ar

Genética de Poblaciones y Evolución

Dr. Jorge Cladera

Instituto de Genética "Ewald A. Favret"
Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y
Agronómicas
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
Castelar, Argentina
cladera.jorge@inta.gob.ar

Dra. Noemí Gardenal

Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales
Universidad Nacional de Córdoba
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
Córdoba, Argentina
ngardenal@unc.edu.ar

Dr. Juan César Vilardi

Departamento de Ecología, Genética y Evolución
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad Nacional de Buenos Aires
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
Buenos Aires, Argentina
vilardi@bg.fcen.uba.ar

Genética Humana, Médica y Citogenética

Dra. Silvia Adela Ávila

Hospital Castro Rendón
Universidad Nacional del Comahue
Nuequén, Argentina
silvia347@gmail.com

Dra. María Inés Echeverría

Instituto de Genética
Facultad de Ciencias Médicas
Universidad Nacional de Cuyo
Mendoza, Argentina
miecheve@fcm.uncu.edu.ar

Dra. María Purificación Galindo Villardón

Facultad Medicina, Campus Miguel de Unamuno.
Universidad de Salamanca.
Salamanca, España
pgalindo@usal.es

Dr. Santiago Lippold

Centro de Educación Médica e Investigaciones Clínicas
Buenos Aires, Argentina
sel1@fibertel.com.ar

Dr. José Arturo Prada Oliveira

Facultad de Medicina. Departamento de Anatomía
Humana y Embriología
Universidad de Cádiz.
Cádiz, España
arturo.prada@uca.es

Genética Molecular (Animal)**Dr. Guillermo Giovambattista**

Instituto de Genética Veterinaria
Facultad de Ciencias Veterinarias
Universidad Nacional de La Plata
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
La Plata, Argentina
ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

Genética Molecular (Vegetal)**Dr. Alberto Acevedo**

Centro de Investigación de Recursos Naturales
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
Castelar, Argentina
acevedo.alberto@inta.gob.ar

Dr. Andrés Zambelli

Fac. de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional
de Mar del Plata.
Balcarce, Argentina
andres.d.zambelli@gmail.com

Genética y Mejoramiento Animal**Dra. Liliana A. Picardi**

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Rosario
Zavalla, Argentina
lpicardi@fcagr.unr.edu.ar

Dra. María Inés Oyarzábal

Facultad de Ciencias Veterinarias
Universidad Nacional de Rosario
Rosario, Argentina
moyazabr@unr.edu.ar

Genética y Mejoramiento Genético Vegetal**Dra. Natalia Bonamico**

Facultad de Agronomía y Veterinaria
Universidad Nacional de Río Cuarto
Río Cuarto, Argentina
nbonamico@ayv.unrc.edu.ar

Dr. José Crossa

Unidad de Biometría y Estadística
Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo
(CIMMYT)
México, D.F., México
j.crossa@cgiar.org

Dr. Ricardo W. Masuelli

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Cuyo
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
Mendoza, Argentina
rmasuelli@fca.uncu.edu.ar

Dr. Rodomiro Ortiz

Department of Plant Breeding
Swedish University of Agricultural Science
Uppsala, Suecia
rodomiro.ortiz@slu.se

Dra. Mónica Poverene

Departamento de Agronomía
Universidad Nacional del Sur
Bahía Blanca, Argentina
poverene@criba.edu.ar

Mutagénesis**Dr. Alejandro D. Bolzán**

Laboratorio de Citogenética y Mutagénesis
Instituto Multidisciplinario de Biología Celular
Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas
La Plata, Argentina
abolzan@imbice.gov.ar

Mutaciones Inducidas en Mejoramiento Vegetal**Ing. Agr. (M.Sc.) Alberto R. Prina**

Instituto de Genética "Ewald A. Favret"
Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y
Agronómicas
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
Castelar, Argentina
prina.albertoraul@inta.gob.ar

FOTOGRAFÍAS Y AUTORES

Consultor Estadístico:

Dr. David Almorza

Facultad de Ciencias del Trabajo, Departamento
de Estadística e Investigación Operativa
Universidad de Cádiz.
Cádiz, España
david.almorza@uca.es

Ing. Agr. Francisco J. Babinec

Estación Experimental Agropecuaria Anguil
Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria
Facultad de Agronomía
Universidad Nacional de La Pampa
Santa Rosa, Argentina
babinec.francisco@inta.gob.ar

Secretaría de Redacción:

Dra. María de las Mercedes Echeverría

Facultad de Ciencias Agrarias
Universidad Nacional de Mar del Plata
Balcarce, Argentina
echeverria.maria@inta.gob.ar

Diseño y maquetación:

Lic. Mauro Salerno

maurosaleruog2@gmail.com

Corrección de estilo:

Dr. Mariano Santini

marianosantini@yahoo.com.ar



Rodeo de cría de bovinos para carne.

Provista por: Javier Laguzzi



Mercado callejero de frutas y hortalizas

Provista por: Elsa Camadro



Cultivo de soja en el SE bonaerense

Provista por: Pablo Manetti

ÍNDICE

COMUNICACIONES LIBRES

11 - 13 
CITOGÉNÉTICA ANIMAL Y VEGETAL

15 - 20 
GENÉTICA DE POBLACIONES Y EVOLUCIÓN

21 - 27 
MEJORAMIENTO GENÉTICO ANIMAL

29 - 50 
MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL

51 - 57 
RECURSOS GENÉTICOS

59 - 65 
GENÉTICA MOLECULAR, BIOINFORMÁTICA
Y GENÓMICA

COMUNICACIONES LIBRES

CITOGENÉTICA ANIMAL Y VEGETAL



CAyV 1

EVALUACIÓN DE GENOTOXICIDAD EN ERITROCITOS DE TORTUGAS (*Phrynops hilarii*) SILVESTRES DE ÁREAS DEL CENTRO-OESTE DE ENTRE RÍOS, ARGENTINA

Castaño G.V.¹, A.S. Manzano², M. Cabagna Zenklusen¹.

¹Universidad Nacional del Litoral, Argentina; ²Centro de Investigaciones Científicas y Transferencia de Tecnología a la Producción (CICYTTP-CONICET), Argentina.

E-mail: gisela_cto@hotmail.com

El test de micronúcleos (MN) es un biomarcador de genotoxicidad no destructivo que permite evaluar daño cromosómico. Asimismo, se pueden observar otras alteraciones nucleares (AN) aparte de los MN como: núcleos escotados (KN), mellados (EN), presencia de lóbulos nucleares (LN) y células binucleadas (BN). En *Phrynops hilarii* son escasos los trabajos en los que se aplicó el test de MN, y de otras AN no hay antecedentes hasta el momento. El objetivo de este trabajo estuvo centrado en evaluar efectos genotóxicos en *P. hilarii* silvestres de áreas de Entre Ríos a través del método señalado. Para tal fin se capturaron 18 individuos (6 por lugar) con trampas tipo embudo en tres sitios: a) Parque Nacional Pre-Delta (control); b) Salto Ander Egg (agroecosistema); y c) Caleta Club Náutico Paraná (sistema urbano) y se les extrajo sangre de la vena femoral. Los extendidos sanguíneos se colorearon con May Grunwald-Giemsa y se observaron en un microscopio con objetivo de inmersión. Se determinó la frecuencia de MN (FMN) y de AN (FAN). Los resultados se expresaron cada 1000 eritrocitos contados. Se utilizó el test de Kruskal-Wallis para evaluar diferencias entre los sitios con respecto a las frecuencias obtenidas; un $p < 0,05$ se consideró significativo. Se encontró diferencia significativa entre el sitio A y los otros sitios, observándose los mayores valores de las FMN y FAN en el sitio B. Finalmente, los resultados señalan que esta técnica sería eficaz en biomonitoreos con *P. hilarii* como organismo bioindicador.

CAyV 2

INESTABILIDAD CARIOTÍPICA EN UN HÍBRIDO INTERESPECÍFICO ENTRE *Passiflora alata* Y *P. caerulea*

Bugallo V.L.^{1,2}, M.F. Realini³, G. Facciuto², L. Poggio⁴. ¹Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Floricultura, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ³Laboratorio de Citogenética y Evolución (LaCyE), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Ciudad de Buenos Aires, Argentina; ⁴Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad de Buenos Aires, Argentina.

E-mail: bugallo@agro.uba.ar

En un híbrido interespecífico, la presencia de genomas diferentes en un mismo núcleo lleva a modificaciones de los cariotipos de las especies parentales, pudiendo o no alterar en tamaño del genoma. En un programa de mejoramiento para la obtención de ornamentales de *Passiflora*, se estudió la ocurrencia de modificaciones de los cariotipos parentales en un híbrido interespecífico. Se utilizó GISH sobre preparados cromosómicos del híbrido *P. alata* x *P. caerulea*, para diferenciar los cromosomas de cada parental. Se comparó el aporte porcentual de cada cromosoma respecto del complemento cariotípico de cada padre por ANOVA con contraste BSS. Se estimó la cantidad de ADN por citometría de flujo. Los resultados mostraron que, si bien la cantidad de ADN del híbrido es estadísticamente similar a la suma de los complementos de los padres (*P. alata* 4,77 pg., *P. caerulea* 2,83 pg., *P. alata* x *P. caerulea* 3,80 pg.), existen diferencias en los dos genomas presentes en el híbrido. El genoma de *P. alata* en el híbrido mostró un aumento porcentual significativo en los cromosomas 1 y 2 (1,61%+0,88%=2,49%). En el complemento aportado por *P. caerulea*, se observó un aumento en los cromosomas 1, 2, 3 y 4 (1,4%+1,38%+0,86%+0,76%=4,49%), y una reducción en los cromosomas 6, 7, 8 y 9 (-0,52%-0,89%-1,71%-1,31%=-4,43%). Se concluye que existen reestructuraciones de los cariotipos parentales en el híbrido. La inestabilidad cariotípica podría deberse tanto a la activación de elementos transponibles como a translocaciones y sería producto del shock genómico producido por la hibridación interespecífica.

GPE

COMUNICACIONES LIBRES

**GENÉTICA DE
POBLACIONES
Y EVOLUCIÓN**



GPE 1

PECES DE AGUA DULCE: ¿QUÉ APORTES TENEMOS DESDE LA GENÉTICA DE LA CONSERVACIÓN?

Rueda E.C. Laboratorio de Genética, Facultad de Humanidades y Ciencias, Universidad Nacional del Litoral, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Ciudad Universitaria, Santa Fe.

E-mail: eva.carolina.rueda@gmail.com

La filogeografía se define como la disciplina que estudia los principios y procesos que gobiernan la distribución geográfica de los linajes genealógicos. Parte de la idea de que la gran mayoría de las especies en la naturaleza exhiben cierto grado de estructura genética. Con este marco conceptual, decidimos en 2009 comenzar estudios filogeográficos en peces de agua dulce que comparten tres características principales: a) están sometidos a explotación comercial; b) realizan migraciones extensivas a través de la Cuenca del Plata; y c) no se conocían su estado de conservación. Para los análisis usamos marcadores moleculares (microsatélites y de ADN mitocondrial -ADNmt-). En este simposio presentamos algunos resultados preliminares de los estudios realizados con sábalo (*Prochilodus lineatus*), boga (*Megaleporinus obtusidens*) y surubí (*Pseudoplatystoma corruscans*). A pesar de compartir área geográfica y características migratorias, los resultados muestran que las tres especies tienen particularidades que deben ser tenidas en cuenta a la hora de elaborar normativas en cuanto a su conservación. Los resultados preliminares obtenidos del análisis del marcador de ADNmt COI para *M. obtusidens*, muestran, en principio, una complejidad en lo referente a la determinación de la especie, lo cual hace muy difícil responder la pregunta ¿qué “boga” estamos pescando? En el caso de *P. corruscans*,

analizando la estructura genética, vemos que existe una estructuración que podría ser geográfica, pero también existe una estructuración temporal en la Cuenca del Paraná, al igual de lo que ocurre con otras especies. Finalmente, los resultados preliminares de estudios realizados en *P. lineatus*, teniendo en cuenta la cohorte, vemos que genéticamente no son homogéneas, sino que cada una está compuesta por al menos dos *stocks* genéticos distinguibles ($K=2$). Como conclusión, vemos que a pesar de la complejidad de ambientes que presenta la Cuenca del Plata en su totalidad, no es solamente la estructura geográfica, sino que el comportamiento migratorio-reproductivo de estas especies, así como otras variables ambientales (como los pulsos de inundación) en conjunto, serían los que definen la distribución de linajes o *stocks* genéticos. Los resultados obtenidos constituyen nuevas perspectivas de análisis, que en un futuro contribuirán a clarificar las interacciones entre expansiones y contracciones de áreas migratorias y fluctuaciones en los tamaños poblacionales de la especie, lo cual es esencial para pronosticar ubicaciones y disponibilidades de diferentes *stocks* de pesca. Asimismo, existen áreas de alto valor para la conservación de estas especies, donde convergen distintos *stocks* genéticos en distintos momentos.

GPE 2

DIFERENCIACIÓN GENÉTICA MOLECULAR ENTRE PROCEDENCIAS DE *Prosopis flexuosa* (LEGUMINOSAE) EVALUADA EN UNA PLANTACIÓN EXPERIMENTAL

Bessegá C.^{1,2}, R. Aguiló¹, M. Cony³, P. Villagra⁴, B.O. Saidman^{1,2}, J.C. Vilardi^{1,2}. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEB- CONICET-UBA), Argentina; ³Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), CCT- Mendoza, Argentina; ⁴Instituto Argentino de Nivología, Glaciología y Cs. Ambientales (IANIGLA), CCT- Mendoza, Argentina.
E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

Prosopis flexuosa es una leguminosa leñosa que representa un importante recurso natural multipropósito en la región del Monte. Estudios previos señalan que los bosques naturales difieren en su estructura siguiendo un gradiente latitudinal. Los bosques de la zona Norte presentan mayor densidades de árboles, árboles de mayor altura y diámetros de copa, y mayor proporción de individuos de un fuste y erectos que los de la zona sur. En el presente trabajo se evaluó la variabilidad y estructura genética de 5 procedencias (Águila Limay, Chilecito, Fiambalá, Mogna y Pipanaco) implantadas en un huerto experimental en 1991 en Mendoza. Se analizaron mediante 4 marcadores microsatélites 125 individuos pertenecientes a 25 familias. La variabilidad genética fue alta, con 5,6 a 6,6 alelos por locus y $He=0,67$. La diferenciación no jerárquica entre procedencias ($F_{ST}=0,053$) fue altamente significativa ($P=0,001$). El AMOVA indicó que la mayor parte de la variación ocurre dentro de los individuos ($\approx 74\%$). La diferenciación entre individuos resultó siempre significativa ($P<0,015$) siendo: 16% entre familias dentro de procedencia, 7% entre muestras dentro de familia y 3% entre procedencias. El UPGMA y DAPC señalan que Águila Limay es el origen más diferenciado y el AMOVA jerarquizado excluyendo esta población resulta no significativo ($P=0,28$). El análisis Bayesiano utilizando STRUCTURE identifica 4 clusters con alta proporción de admixture agrupando a Fiambalá y Mogna. Los resultados en base a estos loci indican baja diferenciación genética entre los orígenes.

GPE 3

ESTRUCTURA GENÉTICA ESPACIAL EN DOS POBLACIONES ARGENTINAS DE *Acacia furcatispina* (FABACEAE)

Cerdeira E.N.¹, J.C. Vilardi¹, M. Ewens², B.O. Saidman¹, C.L. Pometti¹. ¹Laboratorio de Genética, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEB- (CONICET- UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Estación Experimental Fernández-UCSE (Convenio Provincia Santiago del Estero- Universidad Católica Santiago del Estero), Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina.
E-mail: eliascerdeira@gmail.com

Acacia furcatispina es una especie multipropósito ampliamente distribuida en la región del centro y norte de la Argentina. Para propósitos de conservación y restauración ecológica, es de particular interés identificar factores de importancia en la estructuración y en la diversidad intraespecífica de las poblaciones. En este trabajo, se utilizó la técnica de AFLP para estudiar la diversidad genética y detectar la existencia de estructura genética espacial (SGS) a escala fina en 2 poblaciones naturales argentinas de la especie *A. furcatispina*. El estudio de la SGS se realizó analizando la relación entre la coancestría estimada entre pares de individuos con la distancia geográfica. La técnica de AFLP reveló 121 loci informativos, para los cuales la heterocigosis media ($He=0,33$) y el porcentaje de loci polimórficos medio (PPL=88,1%) indicaron que la variación genética de la especie es relativamente alta. La estructura genética espacial (SGS) fue significativa en 1 de las 2 poblaciones estudiadas ($P<0,05$). El tamaño del vecindario en esta población es de 14,75 individuos. La estimación de la dispersión genética depende de la densidad efectiva de las poblaciones y del nivel de perturbación en las mismas, y varió desde 2 hasta 6,5 m. Si bien estos resultados son preliminares, una posible estrategia de manejo de *A. furcatispina* en dicha población, sugiere que el muestreo de semillas de árboles debe ser de 2 a 7 m para reducir el parentesco entre individuos.

GPE 4

EVIDENCIAS DE SELECCIÓN NATURAL EN POBLACIONES ARGENTINAS DE *Acacia aroma* (FABACEAE)

Pometti C.L.¹, A.M. Cialdella², M. Ewens³, B.O. Saidman¹, J.C. Vilardi¹. ¹Laboratorio de Genética, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Instituto IEGEBA (CONICET-UBA), Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²IBODA-CONICET, San Isidro, Buenos Aires, Argentina; ³Estación Experimental Fernández-UCSE (Convenio Provincia Santiago del Estero-Universidad Católica Santiago del Estero), Departamento de Robles, Santiago del Estero, Argentina. E-mail: cpometti@ege.fcen.uba.ar; caritoege@gmail.com

Acacia aroma es una especie importante como forrajera en la región Chaqueña ya que las cabras y ovejas se alimentan de sus frutos y hojas en las poblaciones naturales. Los caracteres cuantitativos que cobran importancia económica y ecológica en dicha especie, están relacionados con la historia de vida y el tamaño y forma de los frutos y las hojas. En las poblaciones naturales de esta especie se observó una amplia variabilidad para estos rasgos, sugiriendo una posible base genética, útil en programas de selección. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue detectar evidencias de selección natural en tres rasgos de historia de vida y 9 rasgos morfológicos en 7 poblaciones naturales de *A. aroma*, usando la comparación $P_{ST}-F_{ST}$. Todos los rasgos fenotípicos mostraron evidencias de selección, aunque sólo el carácter "altura del árbol" mostró selección diversificadora, mientras que los restantes están sujetos a selección estabilizadora. Estos resultados sugieren una posible estrategia de manejo entre orígenes para mejorar la altura de los árboles, mientras que para el resto de los rasgos, se podría obtener una mejora genética significativa por selección dentro de cada origen.

GPE 5

TEST DE NEUTRALIDAD $Q_{ST}-F_{ST}$ DE RASGOS CUANTITATIVOS DE IMPORTANCIA ECONÓMICA EN UN ENSAYO PROGENIE-PROCEDENCIA DE *Prosopis chilensis* (LEGUMINOSAE)

Chequer Charán D.¹, C. Bessega^{1,2}, M. Cony³, B.O. Saidman^{1,2}, J.C. Vilardi^{1,2}. ¹Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Ecología, Genética y Evolución (IEGEBA) CONICET-Universidad de Buenos Aires, Argentina; ³Instituto Argentino de Investigaciones de las Zonas Áridas (IADIZA), Centro Científico Tecnológico (CCT), Mendoza, Argentina. E-mail: cecib@ege.fcen.uba.ar

La hipótesis de neutralidad selectiva de rasgos cuantitativos puede evaluarse mediante la comparación de la diferenciación morfológica y molecular cuantificada respectivamente por los coeficientes Q_{ST} y F_{ST} . En el marco del plan de mejoramiento del algarrobo, en 1991 se estableció un ensayo de progenie procedencia de *P. chilensis* en la localidad de El Sauce (Mendoza) con la finalidad de evaluar la diferenciación y comportamiento de diferentes procedencias. Con el objeto de determinar la contribución relativa de la adaptación local y la deriva genética en la diferenciación fenotípica, se midieron cuatro rasgos fenotípicos de importancia económica (altura, número de espinas, forma y diámetro basal) en 101 individuos pertenecientes a 16 familias de 4 procedencias: Mogna, Chilecito, Villa Unión y Fiambalá. Los mismos individuos fueron genotipados para 6 loci SSR. La diferenciación fenotípica de cada rasgo medida por el Q_{ST} se comparó con la diferenciación genética cuantificada por el F_{ST} utilizando el paquete *QstFstComp* del programa R. La diferenciación genética entre las procedencias resultó baja ($F_{ST}=0,033$) aunque significativa ($P=0,01$). La diferenciación fenotípica fue también baja para todos los rasgos con valores de Q_{ST} entre 0 y 0,04 que no difirieron significativamente del F_{ST} . Los resultados aquí obtenidos sugieren que la diferenciación entre procedencias podría explicarse por efectos de la deriva genética y no habría evidencias de adaptación local.

GPE 6

ESTUDIO PRELIMINAR SOBRE LA ESTRUCTURA Y DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Cnesterodon decemmaculatus* EN DOS CUENCAS DEL NOROESTE DE LA PROVINCIA DE BUENOS AIRES

Bianco P.M.¹, M.S. Byrne¹, N.A. Ossana², L. Ferrari², J.I. Túnez¹.

¹Grupo de Investigación en Ecología Molecular (GIEM), Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET), Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina;
²Programa de Ecofisiología Aplicada (PRODEA), Instituto de Ecología y Desarrollo Sustentable (INEDES-CONICET), Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: solebyrne@gmail.com

El objetivo de este trabajo fue estimar la estructura y diversidad genética de *Cnesterodon decemmaculatus* mediante el uso de un segmento de la región control del ADN mitocondrial, en dos cuencas del noreste de la Provincia de Buenos Aires. Se capturaron peces pertenecientes a sitios ubicados en las cuencas de los ríos Reconquista (n=12) y Luján (n=19). De estos animales se extrajo el ADN y se amplificó por PCR un segmento de 715 pb de la región control del ADN mitocondrial. Se estimaron a partir del análisis de las secuencias la diversidad haplotípica y nucleotídica. Además se realizó un análisis de varianza molecular (AMOVA). La diversidad haplotípica para los animales pertenecientes al río Luján fue 0,94 mientras que para el otro sitio resultó ser 0,83; los valores de diversidad nucleotídica fueron iguales en ambos casos (0,0114). El AMOVA indicó que no existen diferencias significativas entre ambas cuencas ($F_{ST}=0,0001$; $p=0,91$). Estos resultados preliminares sugieren que ambas poblaciones se comportarían como una unidad panmíctica que mantendría valores altos de diversidad genética y en la que no existe estructura geográfica. Estos resultados serán corroborados mediante la inclusión de nuevos sitios de muestreo ubicados en las mismas cuencas y en otras de la provincia de Buenos Aires.

MGA

COMUNICACIONES LIBRES

**MEJORAMIENTO
GENÉTICO
ANIMAL**



MGA 1

GENOTIPOS PARA NUESTROS SISTEMAS DE PRODUCCIÓN PECUARIA

Coordinadora: Oyarzabal M.I. Facultad de Ciencias Veterinarias, C.I.C.-U.N.R., Casilda, Argentina.
E-mail: moyarab@unr.edu.ar

No existen genotipos mejores o peores, buenos o malos. Cada genotipo se adapta mejor a un sistema diferente, donde se desarrolla, produce y se reproduce sin dificultades. Por lo tanto, los objetivos de selección y/o de cruzamientos para mejorar la producción animal deben estar directamente asociados a las características de los sistemas productivos, al ambiente físico y económico, al manejo y a las demandas de los consumidores. Entonces surgen preguntas previas a la elaboración de cualquier plan, tales como: ¿se trata de sistemas pastoriles o estabulados, empresariales o de subsistencia?, ¿cuáles son las características del clima y del suelo?, ¿hacia qué sector se dirigirá la comercialización de los productos?, ¿cuáles son las preferencias de los consumidores?, ¿se priorizará la producción individual o la producción por hectárea? En este simposio se presentarán ejemplos de cruzamientos y selección realizados en nuestra zona, para sistemas productivos y modos de comercialización muy diferentes. Uno de ellos corresponde al desarrollo del pollo Campero, de aptitud carnífera, y a las ponedoras Negra y Rubia INTA. El otro, consiste en un plan de selección de toros mediante la aplicación de un índice de selección desde hace quince años y la introducción de selección asistida por marcadores moleculares más recientemente.

MGA 2

EVALUACIÓN Y SELECCIÓN DEL GANADO BOVINO LECHERO EN UN SISTEMA PASTORIL

Gagliardi R. Director Plan Genial.
E-mail: ingagliardi@gmail.com

La importancia de los tambos a nivel de las economías regionales es innegable, y como ejemplo, en el Clúster Lechero Regional de Santa Fe-Santiago del Estero, un grupo de más de 800 tambos genera un movimiento económico y social que involucra a la población de todos los pueblos y ciudades de la región. Un complejo sistema productivo como es el tambo, puede resumirse como una interrelación entre el ambiente, el manejo y la genética. De estos tres factores, la genética influye en el resto y además determina la respuesta de los animales al ambiente y al manejo. Es decir que si no tenemos la genética adecuada, es muy difícil lograr que el sistema funcione armoniosamente. Las recientes afirmaciones de la fuerte interacción genotipo-ambiente que se verifica en la producción láctea, hace que el rol de la genética nacional adquiera otra importancia. El esfuerzo de realizar un programa de selección genética basada en el Mérito Genético Económico Lechero, MEGEL[®] que está llevando un grupo de técnicos y productores en el ámbito del Cluster Lechero Regional está mostrando ya sus resultados, consolidando un período de 15 años de mejoramiento genético sostenido a través de un proceso simple pero a la vez efectivo de selección en función de un índice de selección. La reciente inclusión del programa de selección asistida por marcadores moleculares para la resistencia a leucosis en nuestro sistema de selección, abre el camino para el control de esta enfermedad que está poniendo en jaque a la producción láctea de todo el país y de todos los países vecinos.

MGA 3

GENOTIPOS ALTERNATIVOS PARA LA PRODUCCIÓN EN AVICULTURA FAMILIAR

Canet Z.E.^{1,3}, B.M. Romera¹, A.M. Dottavio^{1,2}, R.J. Di Masso^{1,2}.

¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Casilda, Argentina; ²CIC-UNR;

³EEA "Ing. Agr. Walter Kugler" Pergamino (INTA).

E-mail: canet.zulma@inta.gob.ar

La avicultura comercial está en manos de un número reducido de compañías de capitales multinacionales, lo que lleva a una pérdida de variabilidad genética. Las características productivas de mayor importancia económica en este tipo de explotaciones son el crecimiento eficiente en aves para carne y producción de huevos. Estos dos caracteres están fenotípica y genéticamente correlacionados en forma negativa, por lo cual, las empresas han trabajado en genotipos especializados en uno u otro tipo de producción. La avicultura familiar requiere de genotipos adaptados a dicha modalidad productiva. Desde hace décadas INTA, manteniendo el criterio de especialización comenzó a desarrollar, a partir del cruzamiento de estirpes propias de razas asimiladas como Cornish Blanco, Rhode Island Red, Rhode Island Blanca, Plymouth Rock Barrada, poblaciones de aves destinadas a estos sistemas. Estos cruzamientos dieron origen a una serie de poblaciones sintéticas, las que conformaron los progenitores materno y paterno de un pollo denominado Campero, de conformación carnífera. Con el mismo sentido se desarrollaron dos "híbridos" con autosexado genético por color de plumón al nacimiento, destinados a la producción de huevos: ponedora Negra y Rubia INTA. Alguno de estos trabajos se han desarrollado junto a la cátedra de Genética de la Facultad de Cs. Veterinarias-UNR, caracterizando poblaciones maternas de Pollo campero y evaluando su progenie. A partir de las evaluaciones realizadas, podemos concluir que existen genotipos alternativos a los comerciales que se adaptan a una crianza semiextensiva.

MGA 4

MENSAJEROS DE CAST ALTERNATIVAMENTE POLIADENILADOS EN MÚSCULOS DE NOVILLOS

Casale M.F.¹, C. Silvestro¹, M.M. Motter¹, P.M. Corva², L.A. Soria¹.

¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires;

²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.

E-mail: lsoria@fvvet.uba.ar

La Calpastatina es el inhibidor específico de las proteasas dependientes de calcio, las Calpaínas, que son responsables de la tiernización *postmortem* de la carne. El gen CAST tiene una regulación compleja de la expresión que incluye el uso de cuatro promotores, *splicing* alternativo y sitios variables de poliadenilación. El objetivo de este trabajo fue analizar la expresión de distintas isoformas alternativamente poliadeniladas en tres músculos con diferencias en el Índice de Fragmentación de Miofibrillas (IFM) de novillos Angus (n=8) y Brahman (n=5). Se utilizaron muestras de *infraspinatus*, *triceps brachii* y *semitendinosus* tomadas en frigorífico hasta 2 hs *postmortem* y se conservaron a -80 °C, hasta su análisis. Para amplificar los mensajeros se utilizó la técnica 3' *Rapid Amplification of cDNA Ends* (RACE). A partir de la secuencia de referencia AH014526.2 se realizó la predicción de los sitios de poliadenilación y se diseñaron los oligonucleótidos para amplificar las distintas isoformas. Se obtuvieron amplicones de dos muestras de cada músculo y raza, los cuales fueron clonados y secuenciados. Las secuencias obtenidas permitieron confirmar que CAST se expresa utilizando los tres sitios de poliadenilación esperados (posiciones 69.827, 70.569 y 71.654 de AH014526.2). La presencia de cada isoforma en todas las muestras fue analizada por PCR, hallándose las tres en todos los casos. Estos resultados sugieren que la presencia de cada isoforma de CAST no estaría relacionada con las diferencias en IFM según músculo o raza.

MGA 5

ESTUDIO DE POLIMORFISMOS DE LOS GENES HAL, RN Y CAST, RELACIONADOS A CALIDAD DE CARNE EN CERDOS DEL NORESTE ENTRERRIANORodríguez V.¹, F.M.A. Martínez¹, J.I. Maffioly¹, M. Lagadari^{1,2}.¹Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos, Concordia, Entre Ríos, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
E-mail: rodriguezvf@feal.uner.edu.ar

Debido al impulso que está experimentando la producción y el consumo de carne porcina resulta de suma trascendencia elaborar estrategias que favorezcan una mejora en su calidad. En este contexto se plantea como objetivo del presente estudio evaluar la condición genética de cerdos de pequeños y medianos establecimientos del noreste entrerriano mediante el uso de PCR-RFLP. Esta herramienta posibilita la detección directa de mutaciones en genes con efectos perjudiciales sobre la calidad de carne como los genes de Halotano (HAL, relacionado con carnes PSE), Rendement Napole (RN, relacionado con carnes ácidas) y Calpastatina (CAST, relacionado a terneza). Los resultados del análisis de 166 animales provenientes de diferentes establecimientos evidencian una alta incidencia de alelos perjudiciales encontrándose mayormente representados en genotipos heterocigotas Ct: 34,94%; RN⁻rn^{*}: 53,01%; CAST: 61,44% para S₆₃₈A y 57,80% para G₈₇₂A. A través de la selección asistida por marcadores moleculares se recomendarán los cruzamientos para garantizar una mejor calidad de carne en la progenie y minimizar la incidencia de los alelos perjudiciales en los distintos establecimientos y así brindar al mercado carnes jugosas, de buen color y con buena textura para satisfacer la demanda de los consumidores.

MGA 6

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE CABRAS DEL NORESTE SANTAFESINO: RESULTADOS PRELIMINARESFaba N.S.¹, S. Recce¹, V. Orcellet¹, O. Zoratti², S. Palmero².¹Cátedra de Genética Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral, Esperanza, Santa Fe, Argentina; ²Cátedra de Producción Caprina, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral, Esperanza, Santa Fe, Argentina.
E-mail: nfaba@fev.unl.edu.ar

El objetivo consistió en realizar la caracterización fenotípica de cabras pertenecientes a 12 productores del departamento General Obligado de la provincia de Santa Fe, dada la importancia de esta especie en zonas marginales de producción y familias de escasos recursos, y sentar las bases para futuras caracterizaciones. La metodología consistió en el registro de medidas zoométricas promedio de los productores y el cálculo de los índices zoométricos siguiendo la metodología utilizada por Revidatti. Para lo cual se utilizó un pediómetro y una cinta métrica flexible de 100 cm de largo. Se trabajó con 124 hembras y 8 machos y se registraron las siguientes medidas en cm en hembras y machos respectivamente: ancho de cabeza: 12,07 y 13,5; longitud de cabeza: 19,79 y 17,5; longitud cara: 13,45 y 16; alzada cruz: 60,79 y 67; alto tórax: 32,37 y 36; ancho tórax: 17,82 y 22; perímetro torácico: 82,95 y 89; largo cuerpo: 69,26 y 73,5; perímetro caña: 9,21 y 10,5; ancho grupa: 15,67 y 19; longitud grupa: 20,52 y 20,5. Cálculo de índices zoométricos en hembras y machos respectivamente: cefálico: 61,08 y 80,24; facial: 67, 89 y 97,90; de proporcionalidad: 88,02 y 91,19; corporal: 83,51 y 82,85; profundidad relativa de pecho: 53,26 y 50,37; torácico: 55,05 y 64,88; pelviano: 77,57 y 87; metacarpo-torácico: 11,12 y 11,81. Resulta sustancial resaltar la importancia de la toma de medidas morfométricas y el cálculo de índices para no sólo establecer el inicio de la caracterización de cabras de una región sino para un futuro análisis de los mismos.

MGA 7

FORMA DEL HUEVO EN TRES GENOTIPOS DE GALLINAS CAMPERAS, COMPARADAS A IGUAL EDAD DE POSTURA AL INICIO DEL PRIMER CICLO

Advínculo S.A.¹, J. Luciano¹, B.M. Romera¹, Z.E. Canet^{1,2}, A.M. Dottavio^{1,3}, R.J. Di Masso^{1,3}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Casilda, Santa Fe, Argentina; ²EEA "Ing. Agr. Walter Kugler" INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ³CIC-UNR.
E-mail: sabad2701@yahoo.com.ar

La forma del huevo de gallina es un carácter de importancia económica por su trascendencia en procesos tales como la incubación y la comercialización. El objetivo de este trabajo fue comparar la forma de los huevos puestos por gallinas de tres genotipos (CC: cruzamiento experimental de tres vías Campero Casilda, NI: cruzamiento simple autosexante Negra INTA y RIR: estirpe de la raza semipesada Rhode Island Red) a la misma edad de postura (semana 11) al inicio de su primer ciclo de producción. En la semana mencionada se extrajo una muestra aleatoria de 50 huevos de cada grupo genético y se determinó su longitud (L) y su ancho (A) medidos con calibre micrométrico a la altura del diámetro mayor y del diámetro menor del huevo, respectivamente. La forma se evaluó a partir del cálculo del índice de forma [IF= (A/L) x 100] y los huevos se clasificaron en alargados (IF<72), satisfactorios (72≤IF≤76) y redondeados (IF>76). El comportamiento de las tres categorías de forma en cada grupo genético se evaluó con un test ji-cuadrado de homogeneidad. Se observó una diferencia estadísticamente significativa (X²=21,90; P=0,0002) indicativa de un comportamiento no homogéneo atribuible a la mayor proporción de huevos redondeados en CC en tanto no se observaron diferencias significativas (X²=0,428; P=0,8072) entre NI y RIR. Se concluye que en el inicio de la postura en CC predominan los huevos redondeados, forma no deseable ni para huevos incubables ni para aquellos destinados a la venta, mientras que en los grupos restantes predominan los huevos de forma satisfactoria.

MGA 8

CLASIFICACIÓN COMERCIAL DEL HUEVO SEGÚN DOS CRITERIOS, EN TRES GENOTIPOS DE GALLINAS CAMPERAS AL INICIO DEL PRIMER CICLO DE POSTURA

Martines A.¹, M.C. Staiolo¹, B.M. Romera¹, Z.E. Canet^{1,2}, A.M. Dottavio^{1,3}, R.J. Di Masso^{1,3}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Rosario, Casilda, Santa Fe, Argentina; ²EEA "Ing. Agr. Walter Kugler" INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ³CIC-UNR.
E-mail: quimeras_18@hotmail.com

A nivel comercial los huevos se clasifican en categorías de tamaño con diferente valor, razón por la cual su clasificación a lo largo del ciclo adquiere trascendencia productiva. El objetivo de este trabajo fue comparar la distribución de los huevos puestos por gallinas de tres genotipos (CC: cruzamiento experimental de tres vías Campero Casilda, NI: cruzamiento simple autosexante Negra INTA y RIR: estirpe de la raza semipesada Rhode Island Red) evaluadas a las 40 semanas de edad, en base a un criterio cuantitativo (peso) y a un criterio cualitativo (tamaño medido en un clasificador comercial). A la edad mencionada se extrajo una muestra aleatoria de 100 huevos de cada grupo genético y se los discriminó en seis categorías por su peso y en cinco por su tamaño. La distribución de los huevos por su categoría de clasificación comercial en cada grupo genético, se evaluó con un test ji-cuadrado de homogeneidad. En la evaluación cualitativa se observó una diferencia estadísticamente significativa (X²=9,646; P=0,047) indicativa de un comportamiento no homogéneo atribuible a una mayor proporción de huevos Extra Grandes en NI y Grandes en CC y RIR. No se observaron diferencias significativas (X²=9,251; P=0,1590) en el caso de la clasificación cuantitativa. Se concluye que en el inicio de la postura los tres genotipos muestran similar comportamiento en términos de la clasificación comercial de sus huevos pudiéndose atribuir las diferencias entre criterios clasificatorios al efecto de la forma del huevo en el caso de la utilización de clasificadores comerciales.



MGA 9

ESTUDIO DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EXISTENTE EN UN LOTE DE REPRODUCTORES DE PACÚ DE LA PROVINCIA DE MISIONES

Preussler C.A.¹, H.H. Hennig², V. Villanova³, S. Arranz³.

¹INTA EEA Montecarlo; ²INTA AER Oberá; ³Laboratorio de Biotecnología Acuática, FCByF-UNR.

E-mail: preussler.cesar@inta.gov.ar

Se han observado en algunos individuos disminución del crecimiento, malformaciones y disparidad de tamaños dentro del mismo lote en un centro de reproducción de Puerto Rico, Misiones. El objetivo del trabajo fue realizar un análisis de la diversidad genética de reproductores de pacú de un productor de Puerto Rico, Misiones. Se identificaron 18 reproductores, se extrajo una muestra de aleta y se enviaron al Laboratorio de Biotecnología Acuática, FCByF-UNR, para su genotipado. La variabilidad se determinó a través del número de alelos por locus y los niveles de heterocigocidad observada (H_o) y esperada (H_e), para cada marcador en la población. También se analizó el coeficiente de parentesco (R_{xy}) presente en este grupo de individuos. Se utilizaron 7 estimadores (TrioML, Wang, LynchRd, LynchRd, Ritland, QG, DyadML). Los resultados obtenidos mostraron que en promedio el número de alelos por marcador fue de 5, con un mínimo de 2 y un máximo de 10. Los valores de H_o y H_e medios fueron de 0,5938 y 0,6445 respectivamente, con un rango entre 0,333 a 0,833 para H_o , y entre 0,431 a 0,870 H_e . Todos los marcadores excepto uno se ajustaron al equilibrio de Hardy-Weinberg. Este marcador también presentó un valor elevado de Fis. Los valores promedio de R_{xy} analizados fueron menores a 0,1, lo cual indica un nivel general de parentesco bajo del *stock* analizado. Teniendo en cuenta los valores de R_{xy} entre individuos se realizó un esquema de cruzamientos recomendados y no recomendados dentro del plantel de reproductores que serán incorporados en la próxima campaña en Noviembre/Diciembre del 2018.

COMUNICACIONES LIBRES

**MEJORAMIENTO
GENÉTICO
VEGETAL**



MGV 1

EL MEJORAMIENTO VEGETAL EN ESTOS DÍAS

L.A. Picardi. Ciencias Agrarias UNR, CIUNR-IICAR, CONICET-UNR, Campo Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: lpicardi@unr.edu.ar

Así como la selección natural siempre da muestras de buscar en las especies los genotipos más adaptados al ambiente detectando variabilidad, el mejorador busca nueva información genética para mayor rendimiento en nuestro beneficio. Hay en el mundo de la genética un respeto infinito para los primeros mejoradores de nuestra historia evolutiva que fueron los que practicaron la selección de los genotipos mejor adaptados en forma intuitiva. Ésta, unida a observación y perseverancia, dejó las marcas para el inicio de nuestra agricultura y evolución en comunidades sedentarias y organizadas. Con el paso del tiempo utilizamos distintos elementos de biología, matemáticas y estadística preocupados por detectar correlación entre fenotipo y genes. La respuesta a la selección en aquellas poblaciones de especies mejoradas para nuestro interés fue exitosa. Contamos con gran diversidad de genotipos adaptados a distintos ambientes pero junto con esto nos fuimos enterando que la erosión genética estaba presente. Aparece entonces en la historia reciente del mejoramiento la biología molecular. Sus métodos permiten tener una correlación más estrecha entre fenotipo y genes que lo rigen. Usamos los marcadores moleculares para acercarnos al genotipo, tratamos de buscar la variabilidad genética en genotipos llamados exóticos para revertir procesos de erosión genética, indagamos cuáles son las fuentes genéticas de resistencia a enfermedades y herbicidas que impiden mayor rendimiento y somos conscientes, como nunca antes en nuestra historia, de la tarea permanente sobre el mejoramiento de las especies.

MGV 2

BIOTECNOLOGÍA APLICADA AL MEJORAMIENTO VEGETAL: EMPLEO DE MARCADORES MOLECULARES PARA ASISTIR LA MEJORA EN TOMATE

J.H. Pereira da Costa. IICAR-UNR, Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: pereiradacosta@iicar-conicet.gob.ar

La semilla mejorada genéticamente es el principal vehículo de agregación de valor en productos primarios agrícolas. El programa de mejoramiento de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) que tiene la Cátedra de Genética de la FCA-UNR tiene como objetivo mejorar la calidad del fruto y en particular su vida poscosecha. Para prolongar la vida poscosecha el mejoramiento genético clásico lo ha hecho a través de la incorporación de genes presentes en el germoplasma del tomate cultivado tales como el *rin* (*ripening inhibitor*) y el *nor* (*non ripening*). Estos genes en condición heterocigota modifican vías metabólicas que prolongan la maduración del fruto pero disminuyen su calidad. Dado que las especies silvestres tienen alternativas genéticas que mejoran la calidad del fruto se realizaron cruzamientos interespecíficos del cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* con LA722 de *S. pimpinellifolium* como una estrategia para mejorar la calidad del fruto. El gran polimorfismo molecular existente entre estos genotipos progenitores permitió localizar marcadores moleculares en regiones del genoma que controlan diferencias morfológicas, bioquímicas o productivas. Estos marcadores fueron usados como herramienta para la caracterización y selección de varias poblaciones derivadas de este cruzamiento, obteniendo así poblaciones F2, *RILs* (*Recombinant Inbred Lines* o líneas endocriadas recombinantes), HSC (Híbridos de Segundo Ciclo) y *NILs* (*Near Isogenic Lines* o líneas casi isogénicas) a través de las cuales avanzamos en el conocimiento de genes involucrados en la calidad de los frutos de este cultivo.

MGV 3

ESTUDIANDO LOS GENES Y MECANISMOS QUE CONFIEREN RESISTENCIA A HERBICIDAS GRUPO B EN GIRASOL Y TRIGO

G. Breccia. IICAR, UNR-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina.

E-mail: breccia@iicar-conicet.gob.ar

Los herbicidas del grupo B o inhibidores de la acetohidroxiácido sintasa (AHAS) son un grupo de compuestos que incluyen a las imidazolinonas. Estos herbicidas controlan un amplio de espectro de malezas con bajas dosis de aplicación. La resistencia de las especies vegetales a estos herbicidas puede estar dada por la modificación del sitio de acción, esto es, una modificación en la estructura de la AHAS que hace que la misma pierda sensibilidad a estos compuestos. Mutaciones puntuales en estos genes confieren resistencia a los inhibidores de AHAS. Por otro lado, existen mecanismos de resistencia no relacionados con el sitio de acción que minimizan la cantidad de herbicida activo que alcanza el sitio de acción e involucran menor absorción o transporte y mayor metabolismo del herbicida. La resistencia a imidazolinonas en girasoles *Imisun*, incorporada a partir de una población de girasol maleza, está controlada por un gen mayor *Ahas1-1* y por un gen modificador que estaría relacionado a mecanismos de detoxificación del herbicida. Por su parte, en trigo esta resistencia está determinada por mutaciones puntuales en dos genes, *Ahas1-B* y *Ahas1-D* y la expresión de este carácter puede variar dependiendo del fondo genético de los cultivares. La fenotipificación de la respuesta a herbicida a nivel de plántula y ensayos enzimáticos permitieron, en ambas especies, distinguir genotipos con diferentes grados de resistencia. En conjunto todos estos estudios amplían el conocimiento de un carácter complejo y proveen información de interés para los programas de mejoramiento en ambos cultivos.

MGV 4

RESPUESTAS DE TRES GENOTIPOS DE MAÍZ (*Zea mays* L.) A DIFERENTES DOSIS DE MERCURIO EN EL AGUA DURANTE LOS PRIMEROS DÍAS DE CRECIMIENTO

Bretón A.M.¹, J.J. Medrano¹, M.J. Velázquez¹. Universidad Autónoma de Entre Ríos, Argentina.

E-mail: adribreton@gmail.com

El mercurio (Hg) es un metal pesado que se encuentran en forma natural en la corteza terrestre, su distribución en el ambiente se altera naturalmente o por efecto antrópico. Las plantas juegan un papel importante en la entrada de Hg en las cadenas alimentarias, ya que pueden absorber el metal tanto por las raíces como por las hojas. Este elemento altera los procesos fisiológicos de las plantas y puede tener un efecto negativo en su crecimiento y desarrollo; se tiene evidencia de esto en el maíz (*Zea mays* L.), pero se han observado comportamientos diferenciales según el genotipo empleado. En este trabajo se probaron las respuestas de tres cultivares comerciales, híbridos transgénicos de maíz de amplio empleo en la provincia de Entre Ríos, a saber: P2069YR, DK72-10VT3P y SY900 VIPTERA3, los cuales se crecieron en condiciones controladas empleando un testigo sin Hg y cuatro concentraciones diferentes de HgCl₂ a razón de 1; 5; 10 y 15 mg/l de agua de riego. Transcurridos 7 días se midieron las siguientes variables: porcentaje de germinación, peso de plántula, largo de vástago, largo de raíz principal y número de raíces. Los datos fueron analizados estadísticamente empleando el programa estadístico InfoStat. También se estimaron los porcentajes de fitotoxicidad para tallo y raíz y el índice de tolerancia (TI). Se observaron diferencias significativas entre los genotipos para las variables evaluadas. El genotipo DK72-10VT3P presentó los menores valores de TI, lo cual estaría indicando que es más sensible a la presencia de Hg que los otros dos genotipos evaluados.

MGV 5

POTENCIALIDAD DE LAS RAZAS DE MAÍZ DEL NOROESTE ARGENTINO PARA SER UTILIZADAS EN UN PROGRAMA DE MEJORA GENÉTICA DE LA CALIDAD QUÍMICA DEL GRANO

Corcuera V.R.^{1,2,5}, G.E. González³, J. Cámara-Hernández^{4†}, M.V. Kandus⁵, D. Almorza Gomar⁶, J.C. Salerno^{5,7}, ¹Com. Investig. Científ. Peia. Bs. As.; ²Cátedra Ind. Cadena de Cereales y Oleaginosas, FCA-UNLZ; ³Depto. Ecología Genética y Evolución (FCEN-UBA), IEGEBA (CONICET); ⁴Lab. Vavilov, Fac. Agronomía-UBA; ⁵Inst. de Genética Ewald A. Favret-INTA, Castelar, Peia. Bs. As.; ⁶Universidad de Cádiz, España; ⁷Escuela de Agronomía, USAL, Pilar, Peia. Bs. As., Argentina.
E-mail: vrcorcuera@gmail.com

El grano de maíz provee nutrientes primordiales para el ser humano pero el contenido de alguno de ellos es insuficiente o desequilibrado para quienes utilizan este cereal como alimento base. La calidad de los productos alimenticios que depende de las propiedades de la materia prima con la que se elaboran, puede mejorarse mediante fortificación exógena, pero los consumidores demandan productos más saludables y con menor contenido de aditivos-fortificantes. Por ende, la fortificación endógena o biofortificación es la mejor manera de optimizar la calidad nutricional e implica utilizar herramientas de mejora genética. El objetivo de este trabajo fue evaluar la calidad química del grano de diez razas de maíz autóctonas del Noroeste argentino (Amarillo Chico, Amarillo Grande, Capia Blanco, Culli, Chullpi, Garrapata, Harinoso, Marrón, Morocho y Pisingallo). El perfil de macronutrientes del grano entero fue determinado mediante tecnología de infrarrojo cercano sin destrucción de la matriz analizada. Se encontraron variaciones para contenido proteico (7,9-13,1%, el valor más alto correspondió a la raza Pisingallo); contenido de aceite (6,0-8,0%); contenido de almidón (67,3-72,2%). Los granos de todas las razas excepto Amarillo Chico, Amarillo Grande, Morocho y Marrón tienen un contenido elevado de aceite ($\geq 7,0\%$). Los resultados sugieren que estos materiales genéticos pueden ser empleados para desarrollar y seleccionar nuevas líneas endogámicas de alta calidad de grano y ser utilizadas en futuros planes de mejora genética del maíz.

MGV 6

INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN TRES POBLACIONES DE LÍNEAS RECOMBINANTES DE MAÍZ PARA RESISTENCIA A *Fusarium verticillioides* Y *Exserohilum turcicum*

Belich Y.E.¹, G.R. Pratta^{2,3}, G.P. Munkvold⁴, ¹Nidera Seeds, Venado Tuerto, Santa Fe, Argentina; ²IICAR (CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ³CONICET; ⁴Department of Plant Pathology and Microbiology, Iowa State University, Estados Unidos.
E-mail: yebelich@nidera.com.ar

Uno de los propósitos del mejoramiento de maíz (*Zea mays*) es el desarrollo de materiales genéticamente resistentes (R) a enfermedades de espiga (*Fusarium* spp.) y foliares (Tizón norteño o *Exserohilum turcicum*). Los objetivos fueron analizar la variación genética de tres poblaciones RIL en ambientes con distintas características para el desarrollo de estas enfermedades y determinar la magnitud y naturaleza de la Interacción Genotipo-Ambiente. Se evaluaron fenotípicamente tres poblaciones derivadas de parentales con diferente comportamiento frente a *Fusarium*: RxS (susceptible), RxR y SxS, en tres localidades: Laguna Larga, Venado Tuerto y Sampacho, en tres campañas: 2013-14, 2014-15 y 2015-16. Se evaluó severidad de *Fusarium* (escala Reid & Hamilton, entre 1=0% de infección y 7= de 75 a 100%) y de *E. turcicum* (escala entre 1=0% de infección y 9=100%). Las poblaciones se compararon por ANOVA factorial y se obtuvieron los *biplots* con el *software* Infogen. Todas las fuentes de variación resultaron significativas ($p < 0,05$), siendo las diferencias entre campañas muy superiores al resto. Por lo tanto, se aplicó un ANOVA bifactorial por campaña, encontrándose variación genética e interacción con localidad significativas. Los *biplots* permitieron visualizar las combinaciones población-localidad más favorables. Se concluyó que es posible utilizar la variación genética presente en estas poblaciones para desarrollar materiales resistentes a ambas enfermedades, pero dada la interacción genotipo-ambiente, los materiales deberán ser seleccionados para cada condición ambiental.

MGV 7

VARIABILIDAD PARA LOS CONTENIDOS DE PROLINA ENTRE CULTIVARES DE CANOLA (*Brassica campestris* L.) SOMETIDOS A TRATAMIENTO SALINO

Di Paolo M.¹, G.A. Eyherabide¹, J. Lúquez¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.
E-mail: mechadipaolo@gmail.com

La prolina se acumula bajo estrés salino en los tejidos de hoja y raíz, y se le atribuye un posible papel protector frente al potencial osmótico generado por la sal. El objetivo del trabajo fue detectar variabilidad para el contenido de prolina en plantas jóvenes de cinco cultivares de canola regados con solución Hoagland (1/2X) y solución Hoagland más 120 mMNaCl. Se extrajo prolina de tejidos de parte aérea y raíz de plantas de los cultivares Solar Cl, Hyola 830, Inspiration, Bioaureo 2486 y Macacha Inta. En sal, los contenidos de prolina oscilaron entre 0,03 y 1,17 μmoles de prolina/gramo de material fresco para Bioaureo 2486 e Hyola 830 respectivamente en parte aérea, y 0,022 y 0,12 en raíz para Macacha Inta y Bioaureo 2486 respectivamente. Hyola 830, Macacha Inta y Solar Cl presentaron los mayores contenidos y Bioaureo 2486 el menor. Las medias de prolina en sal difirieron significativamente ($P \leq 0,05$) de las de prolina en Hoagland excepto para Inspiration en parte aérea y Bioaureo 2486 en raíz. Menos este último cultivar, todos acumularon prolina en parte aérea en tratamiento salino. Resta evaluar la performance agronómica de ellos y correlacionarla con su patrón de acumulación de prolina para realizar selección indirecta usando el osmolito como marcador.

MGV 8

SELECCIÓN DE UNA POBLACIÓN DE MAPEO PARA LA TOLERANCIA AL ESTRÉS HÍDRICO EN GIRASOL (*Helianthus annuus* VAR. *macrocarpus* (DC) Cockerell)

Grandon N.G.¹, M.V Moreno¹, L. Mecchia², E.A. Martín³.
¹Laboratorio de Biotecnología, INTA-EEA Manfredi, Córdoba, Argentina; ²Instituto A.P. Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Nacional de Villa María, Córdoba, Argentina; ³IICAR-CONICET, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: grandon.nancy@inta.gov.ar

Argentina es el cuarto productor mundial de girasol. No obstante, el desplazamiento del cultivo hacia zonas con déficit hídrico provoca pérdidas de rendimiento. Por esto, resulta interesante identificar las regiones genómicas asociadas a la tolerancia a dicho estrés. El objetivo del presente trabajo fue seleccionar una población de mapeo F_2 adecuada para el desarrollo posterior de un mapa de ligamiento, mediante el análisis con marcadores microsatélites (SSR). Se caracterizaron siete líneas endocriadas de girasol con 127 SSR para determinar el polimorfismo entre ellas y se realizó un análisis de conglomerados a partir de las distancias genéticas calculadas con el índice de Nei *Standard*. Cuatro de ellas se utilizaron para generar cinco poblaciones F_2 y se determinó si estas presentaban segregación mendeliana (1:2:1) ($\chi^2 \leq \chi^2_{\alpha=0,05}$), para 34 SSR polimórficos seleccionados previamente. De los 127 SSR analizados, 91 detectaron 262 alelos con 2,88 alelos/*locus*. Con el análisis de conglomerados se identificaron dos grupos, uno formado por HAR4 y B59 y el otro por los demás genotipos. En este último se formaron dos subgrupos, uno conformado por R423, HA89 y R419 y otro por R432 y HA64. El análisis de segregación de marcadores mostró distorsión en las cinco poblaciones, siendo R423xR419: 100%, B59xR423: 21%, R419xR423: 15%, R419xR432: 15% y B59xR432: 9%. Así se concluye que la población F_2 elegida es R419xR432 por presentar mayor polimorfismo entre sus parentales (64%) y evidenciar menor distorsión en su segregación (15%); además sus parentales se ubicaron en subgrupos distintos del dendrograma.

MGV 9

ESTUDIO COMPARATIVO DE PARÁMETROS BIOMÉTRICOS CITOEMBRIOLÓGICOS EN DISTINTOS GENOTIPOS DE GIRASOL

Duarte C.¹, A. Menendez¹, M.B. Bianchi^{1,2}, L.A. Picardi^{1,2,3}, G.M. Nestares^{1,3}, A.C. Ochogavía^{1,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²CIUNR, Universidad Nacional de Rosario; ³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario IICAR-CONICET-UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: anaochogavia@conicet.gov.ar

Los sistemas de androesterilidad son útiles para la obtención de semilla híbrida. En girasol (*Helianthus annuus* L.) se ha propuesto un método para inducir androesterilidad a través del tratamiento con imidazolinonas en estadios vegetativos tardíos de plantas resistentes. En nuestro grupo de trabajo hemos comprobado que el tratamiento genera una importante disminución en el número de semillas en líneas autofecundadas Imisun (líneas portadoras del alelo de resistencia), asociada tanto a alteraciones en el desarrollo del gametofito masculino como a efectos negativos en la megagametogénesis. El estudio y control de estos últimos facilitará la aplicación segura de dicho método. Sin embargo, la citoembriología del girasol sólo ha sido estudiada en pocas líneas fértiles. El objetivo de este trabajo fue comparar las variables biométricas de sacos embrionarios durante 4 estadios reproductivos en 9 genotipos (3 líneas restauradoras de la fertilidad y 6 fértiles). Para esto se aplicó microscopía DIC sobre óvulos diafanizados y el programa FIJI para dimensionarlas (Largo, Ancho y Área del Saco Embrionario, Ancho del Endotelio, Índice de Forma, Área de Nucléolos de Célula Media y Oófera). Los datos se analizaron a través de ANOVA y la comparación de medias con Tukey. Esta técnica permitió detectar diferencias significativas entre genotipos y entre estadios reproductivos para todos los parámetros biométricos evaluados y presenta un importante potencial para evaluar alteraciones durante la megagametogénesis inducidas por diversos gametocidas.

MGV 10

EFFECTO DE LA “RABIA” (*Ascochyta rabiae*) SOBRE PESO DE GRANO EN GENOTIPOS DE GARBANZO (*Cicer arietinum* L.)

Espósito M.A.¹, L. Magnano², E. Falappa⁴, L. Franco⁴, A. Bresó⁴, E. Carpinetti⁴, M.E. Lago³. ¹Mejoramiento EEA INTA Oliveros; ²Estadística EEA INTA Oliveros; ³Fitopatología EEA INTA Oliveros, Oliveros, Santa Fe; ⁴Estudiantes Facultad Cs. Agrarias, UNR.
E-mail: esposito.maria@inta.gov.ar

En el sur de Santa Fe las enfermedades limitan los rendimientos en garbanzo, produciéndose daños importantes por “rabia del garbanzo”. La evaluación del comportamiento local de materiales a esta enfermedad es clave para adaptar y desarrollar genotipos en nuevas áreas. En 2014 dos materiales (10 y 13) mostraron buen comportamiento en las condiciones de Oliveros. Además, se observó relación inversa entre severidad de “rabia” y peso de grano. En 2015, con el objetivo de validar estos resultados frente a otra situación ambiental en la misma localidad, se evaluaron 30 vainas/parcela/genotipo, obtenidas en un ensayo de campo con infección natural, en 11 genotipos y 2 repeticiones. Se evaluó severidad en vaina según escala de 4 puntos de Lago *et al.*, modificada. Cada grano se pesó individualmente. Se realizó un análisis de correspondencias y la prueba no paramétrica Friedman para describir y analizar el efecto del genotipo/peso de grano con Infostat. A diferencia de 2014, el ambiente no fue conducente para la enfermedad. Todos los materiales presentaron más del 80% de vainas sanas. La severidad más alta se observó en 11 y 12. La severidad registrada fue insuficiente para detectar diferencias de comportamiento e impidió caracterizar la relación severidad/peso de grano, pues no se cumplieron los supuestos para realizar un test de asociación. Los materiales 2, 6, 9, 11, 12 y 13 se asociaron con altos pesos de grano y 2, 5, 8 y 10, con menor peso. La evaluación en condiciones más propicias para la enfermedad permitirá validar los resultados previos respecto al comportamiento de los materiales a “rabia” y su efecto sobre peso de grano.

MGV 11

INFLUENCIA PARENTAL Y EFECTO RECÍPROCO PARA CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN TOMATE

Gimenez M.D.^{1*}, F. Trepata^{2*}, R.A. Bueno², J.H. Pereira da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR); ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina; *Ex-aequo.
E-mail: magali.d.gimenez@gmail.com

Con el objetivo de evaluar el tipo de herencia para caracteres cuantitativos de fruto se realizó un cruzamiento dialélico entre cinco genotipos de tomate: G, Q, R17, RP y ZG. En 5 o más frutos de 4 plantas de 10 cruzamientos recíprocos se analizó la acción génica de 13 caracteres: a, b, a/b y L del color, peso, altura, diámetro, forma, vida poscosecha (VP), dureza, pH, contenido de sólidos solubles y acidez (130 casos). Los efectos dominancia (27%) y aditividad (21%) fueron más frecuentes que dominancia parcial (2%) y sobredominancia (1%). En el 22% de los casos, los híbridos recíprocos mostraron diferente acción génica (acción génica asimétrica AGA). En algunos casos las AGA estaban influidas por el rol sexual de los progenitores. Entre estas últimas hubo 3% de AGA de herencia materna y 5% de herencia paterna. La dureza y a del color mostraron AGA de influencia materna en dos cruzamientos; mientras que a/b, peso y diámetro presentaron AGA de influencia paterna. Altura y VP presentaron tanto influencia materna como paterna. Asimismo, hubo diferencias significativas entre los híbridos recíprocos (Efecto Recíproco, ER) en el 19% de los casos. Este ER se presentó principalmente en el cruzamiento entre G y Q (61%) y en el carácter b de color (50%) en varios cruzamientos. Mientras que no hubo ER en el cruzamiento entre Q y R17, ni para el carácter sólidos solubles. Estos resultados indican que el rol sexual de los progenitores puede determinar el fenotipo de los híbridos y junto al ER entre híbridos deberían ser considerados en los programas de mejoramiento.

MGV 12

CLASIFICACIÓN DE POBLACIONES DE TOMATE POR CARACTERES DE FRUTO MEDIANTE *RANDOM FOREST*

Faviere G.S.¹, V.G. Cabodevila², M.S. Vitelleschi^{1,4}, G.R. Pratta^{2,3}. ¹Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas de la Escuela de Estadística, Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, UNR; ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR; ³IICAR (UNR/CONICET); ⁴CIUNR.
E-mail: mvitelle@fcecon.unr.edu.ar

La clasificación de poblaciones es necesaria para obtener el máximo provecho de su variación genética. El objetivo fue clasificar 5 poblaciones de tomate (RIL1, RIL18, su F₁ o Híbrido de Segundo Ciclo y ambas BCs) por 10 caracteres de fruto mediante *Random Forest*, un método que permite construir una regla de clasificación con el menor error, reconociendo patrones a partir del conjunto de variables en estudio y proporcionando un ranking de la importancia de las variables que resultan fundamentales. Como método de referencia se aplicó Análisis Discriminante. Para dividir cada nodo de los árboles, se optó por seleccionar aleatoriamente 3 variables. Los porcentajes del error de clasificación global fueron mínimos y similares tanto con 200 como con 300 árboles (28,26%), por lo que se decidió combinar 200. No hubo errores en la clasificación de los genotipos uniformes, siendo los errores de 9,09% en BC1 y 23,53% en BC2. Tanto las medidas MDA (*Mean Decrease Accuracy*) como MDG (*Mean Decrease Gini*) indicaron que forma, contenido en sólidos solubles y diámetro fueron los caracteres de fruto que más contribuyeron a la clasificación de estas poblaciones. Además, el Análisis Discriminante tuvo un error de clasificación mayor (43,48%). En un trabajo previo en que se aplicó *Random Forest* a un conjunto de RILs, se obtuvieron resultados similares aunque los errores en la clasificación de genotipos fueron nulos. Los errores encontrados en las BCs podrían ser atribuidos a su segregación genética. Se concluye que *Random Forest* es un método apropiado para clasificar poblaciones de tomate.

MGV 13

LA INTROGRESIÓN DE GENES DE *Solanum pimpinellifolium* EN EL CROMOSOMA 8 INCREMENTA LA VIDA POSCOSECHA DE LOS FRUTOS EN EL TOMATE CULTIVADO

Rodríguez G.R.^{1,2}, G.G. Alarcón¹, D.V. Vázquez¹, V. Cambiaso^{1,2}, J.H. Pereira da Costa^{1,2}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: grodrig@unr.edu.ar

El incremento en la vida poscosecha (VP) de los frutos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es fundamental cuando el producto se destina al consumo en fresco. Por análisis de *QTL* (*Quantitative Trait Loci* o *loci* de caracteres cuantitativos), la región centromérica del cromosoma 8 de tomate se asoció a VP en generaciones segregantes tempranas de dos cruzamientos interespecíficos. Para validar estos resultados, realizamos cuatro ciclos de retrocruza asistidos por marcadores moleculares para desarrollar líneas casi isogénicas (*NILs*, *near isogenic lines*) con la región centromérica del cromosoma 8 introgresada desde *S. pimpinellifolium* LA0722 en el cultivar Caimanta y desde *S. pimpinellifolium* LA1589 en Río Grande. Se evaluó una familia segregante de cada *NIL* conformada por 5 plantas homocigotas para los alelos del genotipo cultivado, 5 plantas homocigotas como *S. pimpinellifolium* y 5 plantas heterocigotas en la región segregante del cromosoma 8. En ocho frutos de cada planta cosechados al estado pintón se evaluó VP (en días) y dureza (en %). La asociación entre marcadores moleculares y los fenotipos se realizó por ANOVA. La región segregante se asoció a VP ($p < 0,05$) pero no a la dureza de los frutos en ambas familias de *NILs*. Los alelos responsables de incrementar el valor medio de VP fueron los provenientes del genotipo silvestre. Se concluye que se validó el efecto de los genes de *S. pimpinellifolium* localizados en la región centromérica del cromosoma 8 de tomate sobre el incremento en la vida poscosecha de los frutos en *NILs* de tomate con diferente contexto genético.

MGV 14

EVALUACIÓN DEL RENDIMIENTO DE 4 CULTIVARES DE *Stevia rebaudiana* (BERT.) EN EL NORESTE DE CORRIENTES

Guerrero D.R.^{1,2}, M.C. Dominguez^{1,2}, R.G. Feltan^{1,2}, R.E. Bubillo¹, M.J. Fernández². ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Cerro Azul, Argentina; ²Universidad del Salvador, Campus San Roque González de Santa Cruz, Gdor. Virasoro, Corrientes, Argentina. E-mail: guerrero.diego@inta.gob.ar

En la región noreste de la República Argentina se cultiva *Stevia* o yerba dulce desde épocas guaraníicas y en la actualidad el cultivo forma parte de importantes proyectos de pequeñas y grandes empresas. La Universidad del Salvador y el INTA Cerro Azul se encuentran realizando trabajos de investigación. La información obtenida a partir de los mismos será de gran importancia para productores interesados en diversificar su producción, o para emprendimientos de mayor magnitud. Para verificar el rendimiento de hojas secas por hectárea de 4 cultivares selectos de yerba dulce (ST72; ST02; ST54 y STE), se implantaron 12 parcelas de 5 m x 2 m con un marco de plantación de 0,5 m entre líneas y 0,2 m entre plantas. El diseño experimental propuesto fue en bloques completos al azar con 3 repeticiones. Se cosecharon 30 plantas por parcela cuando éstas se encontraban con aproximadamente 10% de flores abiertas. Las plantas cosechadas (tallos y hojas) fueron rotuladas y secadas en estufa a 65 °C durante 48 horas. Una vez secas se separaron y pesaron los tallos y las hojas. Como resultado del análisis estadístico de los datos, se observó que existe diferencias estadísticamente significativas entre los cultivares estudiados. El cultivar ST02 mostró el mayor rendimiento para la variable estudiada, registrando 1056 kg de hojas secas por hectárea y el menor rendimiento lo obtuvo el cultivar ST72 con 543 kg de hojas secas. A partir de estos datos parciales obtenidos de la campaña 2017-2018 no se sugiere realizar recomendaciones técnicas sobre cultivares a utilizar. Estos datos preliminares permitirán en el mediano plazo seleccionar los mejores genotipos para los planteos productivos.

MGV 15

OBTENCIÓN DE PLANTAS POLIPLÓIDES DE *Stevia rebaudiana* MEDIANTE EL USO DE COLCHICINA

Fernández M.J.¹, M. Domínguez², D.R. Guerrero², R.E. Bubillo².
¹Biofábrica Misiones S.A., Argentina; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Cerro Azul, Argentina.
E-mail: geneticamj@gmail.com

Las hojas de *Stevia rebaudiana* contienen esteviolglicósidos, endulzantes sin calorías, empleados como edulcorante natural. Por esto se busca incrementar la productividad en términos de masa foliar como el contenido en los principios edulcorantes. El objetivo del trabajo fue promover la obtención de ejemplares con mayor número cromosómico y mejores características fenotípicas. Se indujo la poliploidía en plantas de *S. rebaudiana* mediante el tratamiento de ápices caulinares en soluciones de colchicina; éstos incluyeron seis concentraciones distintas (0,1; 0,05; 0,01; 0,005; 0,001 y 0,0005%) y tres tiempos de exposición por cada uno (1, 2 y 3 hs). Se evaluó la estabilidad de los poliploides durante tres fases diferentes de multiplicación vegetativa, se analizó el tamaño de las hojas superiores e inferiores y la altura de las plantas en los individuos diploides, triploides y tetraploides. La ploidía de estacas apicales de *S. rebaudiana* estuvo influenciada por la concentración de colchicina y el tiempo de exposición. Se obtuvieron plantas triploides al exponer las estacas a concentraciones de 0,01% durante 2 y 3 horas, ó 0,001% durante 1, 2 y 3 horas ó 0,0005% por 3 horas. Se obtuvieron tetraploides a concentraciones de 0,005% y exposiciones de 1, 2 y 3 horas. Las plantas triploides y tetraploides mostraron pérdida de la estabilidad de la poliploidía en sucesivos estaqueos (periodos de 30 días). El tamaño de las hojas superiores, inferiores y la altura de plantas de *S. rebaudiana* también fueron influenciados por la ploidía.

MGV 16

REGENERACIÓN *IN VITRO* EN EL GÉNERO *Macroptilium* (BENTH.) URBAN

Chingolani F.¹, N. Uberti², J.M. Zabala¹. ¹Programa de Documentación, Conservación y Valoración de la Flora Nativa (PRODOCOVA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral; ²Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral-CONICET.
E-mail: jmzabala@fca.unl.edu.ar

Macroptilium (Benth.) Urban (Leguminosae-Phaseoleae) es un género de especies forrajeras nativas de Argentina y Sudamérica. Se destacan tres especies, *M. bracteatum* (Nees & Martius) Maréchal & Baudet, *M. erythroloma* (Benth.) Urban y *M. lathyroides* (L.) Urban. En estas especies el PRODOCOVA lleva adelante un programa de mejora genética. Varias de las modernas técnicas biotecnológicas requieren eficientes sistemas de regeneración *in vitro*. Con el objetivo de diseñar protocolos de regeneración *in vitro* se evaluaron diferentes explantos (cotiledones y nudos cotiledonares), fuentes hormonales (benciladenina y thydiazurón) y genotipos de estas especies para analizar su respuesta *in vitro*. Se encontraron diferentes respuestas en las diferentes combinaciones de tratamientos. Se logró la regeneración *in vitro* de genotipos de las tres especies utilizando nudos cotiledonares y thydiazuron como fuente hormonal.

MGV 17

AVANCES EN LA GENERACIÓN DE MUTANTES INDUCIDAS EN ESPECIES FORRAJERAS

García*¹, A.N., M.C. Gómez*¹, A. Ladoux^{1,2}, A.M. Landau¹, A. Prina¹, E.M. Pagano¹. ¹IGEAF-CICVyA, INTA, Argentina; ²FAUBA, Argentina. *ambas autoras han trabajado de igual manera en el presente trabajo.
E-mail: garcia.araceli@inta.gob.ar

La alfalfa (*Medicago sativa* L.) y la festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) son dos de las forrajeras templadas más cultivadas en Argentina. Ambas se utilizan en pasturas puras o polifíticas en la región pampeana. La variabilidad requerida en el proceso de mejoramiento genético puede incrementarse a partir de la inducción de mutaciones por la aplicación de agentes mutagénicos químicos o físicos sobre el material. Resulta fundamental establecer la sensibilidad del tejido a tratar en función de las condiciones del tratamiento, ya que la dosis de mutágeno a utilizar no es definida fácilmente debido a que la respuesta es influenciada por factores ambientales y químicos, modificando la efectividad y la eficiencia del mutágeno. Se determinarán los rangos de dosis óptima de EMS y rayos X para el tratamiento de semillas del cultivar Palenque Plus INTA de festuca y de la variedad Trafal de alfalfa y se evaluará la respuesta a los mismos. Se analizó la generación M1 con ambos agentes registrándose porcentaje de germinación, supervivencia y características morfológicas como altura total, producción de semillas, presencia de mutaciones clorofílicas y morfológicas. La generación M2 se obtuvo a partir de autofecundaciones en alfalfa y cruzamiento dentro de cada tratamiento en festuca, detectándose en ésta especie mutaciones heredables. Se determinaron los rangos de dosis óptimas con EMS y rayos X que permitieron obtener plantas fértiles para ambas especies, permitiendo iniciar la búsqueda de mutantes por el carácter de resistencia a herbicida.

MGV 18

EVALUACIÓN A CAMPO DE LA RESPUESTA AL GLUFOSINATO DE AMONIO DE EVENTOS DE FESTUCA ALTA CONSOCIADA CON ALFALFA, AMBAS ESPECIES TOLERANTES AL HERBICIDA

Ferri A.M.¹, M.C. Gómez¹, G. Piparola¹, G.C. Soto¹, M.E. Pagano¹. ¹Instituto de Genética Edwald A. Favret, INTA-Castelar, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: ferri.andrea@inta.gob.ar

Las pasturas perennes con base festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) son utilizadas para la producción sostenible de carne y leche y están ampliamente distribuidas en toda la región Pampeana comúnmente consociada con alfalfa. Su lenta implantación determina una pérdida del rendimiento del cultivo en la competencia frente a malezas. Este trabajo tuvo como objetivo determinar en un ensayo a campo el comportamiento de eventos transgénicos de festuca alta tolerantes a glufosinato de amonio (GA), frente a la aplicación del herbicida. Las plantas transgénicas se obtuvieron previamente por transformación genética vía *Agrobacterium tumefaciens* sobre base genética de cultivares élite. Se evaluaron 16 eventos de festuca tolerantes a GA, en consociación con un evento de alfalfa también tolerante al herbicida. El material empleado consistió en plantines establecidos en invernáculo y trasplantados en hileras alternadas con alfalfa. Se realizaron 3 repeticiones con un n=10. Como control se usaron plantas de festuca alta y alfalfa no transgénicas con y sin aplicación de GA. La concentración de GA-Liberty® empleada fue 3,5 l/ha. Hubo dos eventos que mostraron tolerancia al GA. Estos resultados son consistentes con ensayos previos en invernáculo ya que dichos eventos se encontraban dentro de los que presentaban la mejor performance. Contar con cultivares de festuca resistentes al GA facilitará enormemente el control de las malezas en tiempo y forma, simplificando el manejo del cultivo y aumentando los rendimientos de forrajes por unidad de superficie.

MGV 19

CARACTERES MORFOLÓGICOS Y PRODUCTIVOS ENTRE FAMILIAS DE MEDIO HERMANOS DE *Festuca arundinacea* SCHREB.

Vega D.¹, H. di Santo¹, E. Grassi¹, E. Castillo¹, V. Ferreira¹, A. Ferreira¹. ¹Genética, FAV, UN de Río Cuarto.
E-mail: jvega@ayv.unrc.edu.ar

Festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) es una gramínea forrajera alohexaploide ($2n=6x=42$), perenne, de crecimiento otoño-invierno-primaveral, ampliamente cultivada como pastura en regiones templadas. Personal de la orientación Genética de la UN de Río Cuarto ha colectado germoplasma de festuca alta naturalizado en la zona central sub-húmeda semiárida de Argentina. Con el objetivo de identificar material forrajero superior, en 2017 se evaluaron 21 genotipos a través de un ensayo de medios hermanos, con un diseño completamente aleatorizado en macetas. Se realizaron 3 cortes de forraje y 5 momentos de medición de caracteres morfológicos en cada planta. Los mismos fueron: altura de planta (AP), N° de macollos (NM), N° de hojas (NH), producción de biomasa (BS), biomasa seca total producida en el ciclo (BST) y producción de semilla (PS). Los ANAVA revelaron diferencias significativas entre genotipos en NM, NH, BST y PS. Todos los caracteres presentaron interacción significativa genotipo x tiempo. Los genotipos 9 y 19 presentaron mayor BST ($7,69 \pm 0,45$ y $7,52 \pm 0,44$ g/planta) y PS ($0,94 \pm 0,09$ y $0,83 \pm 0,10$ g/planta respectivamente), diferenciándose significativamente del resto de los genotipos y testigos. Los caracteres morfológicos fueron los más importantes para explicar la variabilidad entre los genotipos según el análisis multivariado (ACP). Los genotipos 5, 16, 13, 14, 2, 11 y 17 se asociaron en forma positiva por los caracteres morfológicos, mientras los genotipos 6, 9, 8, 21 y 19 lo hicieron por los caracteres BST y PS.

MGV 20

SELECCIÓN DE LÍNEAS F₉ DE TRICEPIRO PARA LA PRODUCCIÓN DE FORRAJE Y GRANO

Vicente A.¹, H. di Santo¹, D. Vega^{1,2}, E. Grassi¹, E. Castillo¹, A. Ferreira¹, V. Ferreira¹. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; ²Becaria CONICET.
E-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

El tricepiro, cruza intergenérica entre Triticale (*x Triticosecale* Wittmack) y trigopiro (*x Agrotricum* A. Camus) presenta inestabilidad citológica y baja fertilidad en las primeras generaciones, que deben ser superadas para la posterior selección por caracteres de importancia agronómica. En la UN de Río Cuarto se desarrolla germoplasma de tricepiro empleando triticales hexaploides ($2n=6x=42$) y trigopiros octo- y hexaploides ($2n=8x=56$; $2n=6x=42$). Con el objetivo de seleccionar líneas F₉ estables con aptitud para la producción de forraje y grano, durante 2017 se sembraron 78 líneas selectas en parcelas de 5 m², empleando un diseño aumentado. Se incluyeron 5 repeticiones de los testigos tricepiro Don René-INTA y triticales Eronga-CIMMYT, Tizné-UNRC y Yavú-UNRC, para estimar el error experimental y ajustar los rendimientos de las líneas por diferencias de bloques. Los valores medios de los caracteres fueron: producción de biomasa: $219,14 \pm 81,88$ g.m²; altura de planta: $64,45 \pm 12,48$ cm; N° de macollos m²: $185,65 \pm 76,53$; N° de espigas m²: $175,07 \pm 70,26$; producción de grano: $107,72 \pm 71,79$ g.m²; e índice de fertilidad: $1,56 \pm 0,92$ granos/espiguilla. Todas las líneas presentaron diferencias significativas para los caracteres analizados. Se confeccionó un índice de posición con los valores ajustados, lo cual permitió la elección de 26 líneas que superaron en promedio por 29,5% a los testigos. Se continuará la evaluación de las líneas selectas en ensayos comparativos de rendimiento para su validación agronómica.



MGV 21

HEREDABILIDAD EN GENERACIONES TEMPRANAS DE TRITICALE Y TRICEPIRO

Grossi Vanacore M.F.¹, E. Grassi¹, H. di Santo¹, D. Vega^{1,2}, E. Castillo¹, A. Ferreira¹, V. Ferreira¹. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; ²Becaria CONICET. E-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El triticale (*x Triticosecale Wittmack*) y el tricepiro (*x Agroticum Camus*) son cultivos sintéticos obtenidos a través del cruzamiento entre trigo y centeno, y triticale y trigopiro (*Triticum x Thinopyrum*), respectivamente. En ellos se pretende reunir la calidad del trigo con la rusticidad del centeno y agropiro. En la UN Río Cuarto, Córdoba, se desarrolla germoplasma con aptitud forrajera y granífera. La heredabilidad (h^2) representa el grado en que el valor fenotípico proporciona una indicación fiable del valor genético. El objetivo fue estimar la h^2 en cruza de triticale y tricepiro mediante la regresión progenie-progenitor en las generaciones F_2-F_3 y F_3-F_4 . El material se compuso de siete cruza. Sus progenies se sembraron a golpe en jaula fitotécnica en 2016, y se evaluaron cuatro plantas hijas de cada planta progenitora. Los caracteres analizados presentaron los siguientes valores de h^2 : altura de la planta 0,33; N° macollos por planta 0,47; días a floración: 0,03; ancho de hoja anterior a hoja bandera: 0,21; largo de hoja anterior a hoja bandera: 0,18; N° de hojas por macollo: 0,12; N° granos por espiga: 0,28; N° granos por espiguilla: 0,21; N° espiguillas por espiga: 0,25; longitud de espiga: 0,31; N° espigas por planta: 0,30; N° de granos por planta: 0,40; peso de granos por planta: 0,47; arrugamiento de grano: 0,34 y peso de mil granos: 0,38. Las h^2 en cada cruza variaron entre 0 y 0,55, con valores medios en la mayoría de los caracteres. Los resultados sugieren la posibilidad de continuar con la selección de genotipos en generaciones tempranas de cruzamientos.

MGV 22

EVALUACIÓN DE LÍNEAS AVANZADAS DE TRITICALES (*x Triticosecale Wittmack*)

Grasso J.¹, F. Orlando Pernas¹, M.B. Corbalán Gervasoni², S. Felgueras¹, S. Virginillo¹, F. Pantuso^{1,2}. ¹Escuela de Agronomía, Universidad del Salvador, Campus Nuestra Señora del Pilar, Buenos Aires, Argentina; ²Departamento de Tecnología, Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina. E-mail: fpantuso@gmail.com

El triticale (*x Triticosecale Wittmack*) es un cereal de invierno resultado del cruzamiento entre trigo y centeno, dando origen a un alopoliploide utilizado como verdeo invernal y producción de grano. El objetivo de este trabajo es la evaluación de líneas avanzadas de triticale. El ensayo fue conducido en el campo experimental de la Universidad Nacional de Luján y en el Campus Nuestra Señora del Pilar, de la Escuela de Agronomía de la Universidad del Salvador durante el año 2017, se evaluaron 31 materiales, de los cuales 8 fueron triticales comerciales, una variedad de trigo usada como testigo y 22 líneas avanzadas de triticale. Las siembras se realizaron conjuntamente el 5 de junio de 2017 con sembradora planet con placa de 12 mm. El diseño experimental utilizado fue en bloques completos aleatorizados con 3 repeticiones, en parcelas de 2 surcos a 0,30 m por 5 m de largo. Se fertilizó con fosfato diamónico en macollaje equivalente a 150 Kg/ha. Para el control de malezas se utilizó 2,4D (48,5 g/100 cm³) en dosis de 1 lt/ha PF en post emergencia entre 5 hojas y previo al inicio de encañado. Se tomaron los siguientes datos por parcela: Número de plantas, número de espigas, altura de planta, altura inserción de espiga, largo de espiga, número de granos por espiga, peso de los 1000 granos y rendimiento. Los datos se analizaron mediante ANOVA y test DMS ($\alpha = 0,05$). Los resultados obtenidos muestran que las líneas avanzadas 30 y 18 tuvieron un excelente comportamiento superando de manera estadísticamente significativa a los materiales comerciales utilizados como testigos.

MGV 23

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE *Trifolium repens* Y *Lotus corniculatus* SELECCIONADOS POR PERSISTENCIA VEGETATIVA BAJO PASTOREO CON OVINOS

Garro L.D.¹, S. Miri¹, R.N. Jauregui¹. ¹GENTOS S.A, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: lgarro@gentos.com.ar

La siembra de praderas a base de gramíneas consociadas con leguminosas es una técnica muy utilizada en los sistemas ganaderos. La inclusión de una leguminosa ofrece numerosas ventajas tanto económicas como ambientales además de mejorar el consumo animal y aumentar el balance forrajero durante todo el año. Sin embargo, la persistencia de las leguminosas bajo sistemas pastoriles y que admitan un manejo que favorezca su complementariedad es una limitante. Por esto, se iniciaron dos programas de mejoramiento genético en dos leguminosas perennes trébol blanco, *Trifolium repens*, y *Lotus corniculatus* con el objetivo de aumentar la persistencia vegetativa de las mismas en condiciones reales de uso bajo pastoreo y en competencia con gramínea. Ambas especies son muy utilizadas como recurso forrajero ganadero ya que se encuentran adaptadas al pastoreo, pero su persistencia vegetativa se ve comprometida al tercer año. En trébol blanco se inició un programa de mejoramiento a partir de diferentes poblaciones en las que se seleccionaron individuos persistentes que naturalmente presentaban una alta densidad de estolones, de menor diámetro, semienterrados y de folíolos pequeños con foco en la persistencia bajo pastoreo continuo para evitar resiembra. En *Lotus* se realizó un programa de mejoramiento genético con foco en resistencia a enfermedades de corona y raíz bajo pastoreo en mezcla con *Festuca* alta. Luego de dos ciclos de selección las poblaciones mejoradas se están evaluando agrónomicamente bajo pastoreo y consociado con gramíneas.

MGV 24

ENSAYO DE POLIPLIDIZACIÓN EN TRÉBOL ROJO (*Trifolium pratense*) MEDIANTE LA UTILIZACIÓN DE COLCHICINA

Schneider J.S.¹, M.S. Ureta¹. ¹Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina.
E-mail: msureta@uns.edu.ar

El trébol rojo es una planta fabácea perenne de producción forrajera de alta calidad. Dentro de las especies forrajeras es común hallar distinto nivel de ploidía que les confieren a las plantas propiedades diferenciales, como una mayor producción de biomasa o cierto nivel de resistencia al estrés abiótico. De la misma manera sucede con el trébol rojo, del cual podemos encontrar cultivares diploides ($2x=14$) y tetraploides ($4x=28$). Las plantas de *T. pratense* tetraploide se caracterizan por producir menor cantidad de semillas, pero de mayor peso de mil (P1000), mayor producción de materia seca y mayor resistencia a enfermedades que sus correspondientes genotipos diploides. El objetivo de este trabajo fue obtener plantas tetraploides de trébol rojo var. Redomon partiendo de un genotipo diploide. Se probaron tres tratamientos con colchicina en solución al 0,2%; uno sobre semillas germinadas y los otros dos sobre la yema apical de plántulas, 14 días luego de su emergencia. Del primer tratamiento no sobrevivió ningún individuo, mientras que de los otros lograron crecer y desarrollarse 500 plantas, de las cuales cinco resultaron tetraploides. La ploidía se estimó inicialmente a través del tamaño de los granos de polen para luego ser confirmada por conteo de cromosomas teñidos con fucsina básica, encontrando una importante correlación entre el tamaño del polen y el número de cromosomas. La F_1 , producto de la autofecundación de las plantas tratadas, resultó en individuos tetraploides parcialmente autoincompatibles, con inflorescencias de mayor tamaño a sus respectivos controles.

MGV 25

**TOLERANCIA A LA SOMBRA EN
Macroptilium lathyroides (L.) URBAN**

Sartor S.¹, L. Marinoni¹, I. Dallaferrera², J.M. Zabala¹. ¹Programa de Documentación, Conservación y Valoración de la Flora Nativa (PRODOCOVA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral; ²Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral, CONICET. E-mail: jmzabala@fca.unl.edu.ar

Macroptilium lathyroides (L.) Urban es una especie forrajera anual nativa de Argentina y Sudamérica. En el PRODOCOVA se lleva adelante un programa de mejora genética de esta especie. Uno de los objetivos es encontrar materiales aptos para ser cultivados bajo monte, en sistemas ganaderos mixtos. Por este motivo se realizó una evaluación de las entradas de esta especie en el Banco de Germoplasma José Mario Alonso (FCA-UNL) en relación a su tolerancia a la sombra. Se realizaron dos ensayos, uno en cámara de crecimiento con iluminación y control de temperatura artificial y otro a campo. En el primer ensayo se analizó el crecimiento inicial de 27 entradas y se evaluaron parámetros morfológicos (biomasa, área foliar específica, elongación de tallo, etc.) en dos condiciones de iluminación completa (PAR 600 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$) y sombreado con malla plástica (PAR 300 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$). En el segundo ensayo se seleccionaron entradas que mostraron comportamiento contrastante en el primer ensayo (5) y se evaluó su crecimiento a campo. Se evaluaron parámetros morfológicos y fisiológicos (capacidad fotosintética) en dos tratamientos de iluminación completa (PAR 1800 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$ en el momento de la evaluación) y sombreado con malla plástica (PAR 400 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$). Se comparó la respuesta en los dos ensayos y se encontraron materiales promisorios para ser incorporados a un programa de mejora de esta especie para tolerancia a la sombra.

MGV 26

**ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD PARA
CARACTERES MORFOLÓGICOS EN
POBLACIONES DE *Trichloris pluriflora* E.
FOURN (CYNODONTEAE, POACEAE)**

Trod M.A.^{1,2}, P. Tomas¹, G. Cervigni², J. Zabala¹, L. Marinoni^{1,2}, J. Giavedoni¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Esperanza, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). E-mail: maria_trod@hotmail.com

Trichloris pluriflora es una gramínea nativa con potencial aprovechamiento como forrajera para planteos ganaderos de climas subtropicales. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad de los caracteres morfológicos en poblaciones de *T. pluriflora* provenientes de distintas regiones de Argentina. Se evaluaron 103 genotipos correspondientes a 12 poblaciones conservadas en el Banco de Germoplasma de la FCA-UNL. El ensayo se implantó siguiendo un diseño completamente aleatorizado en el campo experimental de la FCA-UNL (Esperanza-SF). Se analizaron 10 variables morfológicas cualitativas y cuantitativas relativas a dimensión de planta, dimensión foliar y biomasa aérea. El Análisis de los Componentes Principales representó en los dos primeros ejes el 51 % de la variabilidad muestreada, sin observarse una diferenciación clara entre procedencias. Mientras que el análisis de conglomerados evidenció una marcada diferencia entre genotipos para algunas poblaciones. En el Análisis de Varianza de los parámetros determinados se observaron diferencias estadísticamente significativas entre poblaciones para las variables de dimensión foliar y biomasa aérea. El análisis de la variabilidad en los caracteres morfológicos constituyó una forma de aproximación para identificar los caracteres adaptativos como herramientas de conservación. Estos resultados sugieren la necesidad de realizar nuevos estudios a nivel de genotipo para ampliar el conocimiento de la base genética de la variabilidad observada y determinar su componente intrapoblacional.

MGV 27

RESPUESTA DE CUATRO GENOTIPOS DE QUINUA, *Chenopodium quinoa* WILLD CULTIVADOS EN LA ZONA DE VALLES TEMPLADOS DE LA PROVINCIA DE JUJUY

Paredes C.M.¹, L.G. Buitrago¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, San Salvador de Jujuy, Argentina. E-mail: claudiaparedes@argentina.com

Se evaluaron cuatro genotipos de *Chenopodium quinoa*: Amarilla de Marangani, Kamiri, Nariño Pastor y Puno en valles templados de la provincia de Jujuy con el objeto de establecer objetivos de mejora. La presencia de saponinas es limitante para el consumo del grano, y su contenido distingue las variedades de quinua como dulces (<0,11%) o amargas (>0,11%). Los genotipos Nariño y Amarilla de Marangani de grano “semidulce” pertenecen al grupo de las llamadas quinas de valles. Los genotipos Kamiri y Puno, de granos “amargos”, son tolerantes a heladas y provenientes del altiplano. Los ensayos se ubicaron en la localidad El Carmen Lat -24.3833 Long -65.2667 en campañas desde 2013-2017. Se observó presencia de “mildew” atribuido a *Peronospora* spp., de aparición temprana en la fase vegetativa (V4: 4 hojas verdaderas). La siembra se hizo en un DCA con cuatro repeticiones y como fuente nitrogenada fosfato monoamónico (80 kgr/ha) frente a testigo. Las variables respuestas fueron altura de planta (AP), longitud de panoja (LP) y número de plantas por metro lineal (N°P/m). El ANOVA dio diferencia significativa para (AP): Nariño y Puno ($P \leq 0,05$, test de Tuckey), (LP): Puno, (N°P/m): Nariño. La fertilización sobre (AP) y (LP) demostró diferencia significativa a favor de los genotipos Nariño y Puno, y en (N°P/m) a favor del genotipo Nariño, con y sin fertilización. La información obtenida es consistente con las características del genotipo Nariño, y promisorio respecto del genotipo Puno por su condición de tolerante a heladas. Se sugiere continuar seleccionando genotipos que se adapten a esta zona.

MGV 28

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE GENOTIPOS PARENTALES DE SOJA CON COMPORTAMIENTO DIFERENCIAL A TIZÓN DE VAINA Y SEMILLA A TRAVÉS DE SNPs

Hernández F.E.^{1,2}, A.M. Peruzzo^{1,2}, G. Malone⁵, B. Ferrari⁶, G.R. Pratta^{1,3}, R.N. Pioli^{1,2,4}. ¹IICAR, UNR, CONICET, FCA, Argentina; ²Cátedra de Fitopatología, Laboratorio Biodiversidad Vegetal Microbiana, FCA-UNR, Argentina; ³Cátedra de Genética, FCA-UNR, Argentina; ⁴CIUNR, Argentina; ⁵Grupo Don Mario Seeds, Brasil; ⁶Grupo Don Mario Seeds, Argentina. E-mail: pioli@iicar-conicet.gob.ar

Los marcadores moleculares son una herramienta complementaria para la caracterización del germoplasma. El objetivo fue evaluar la variabilidad genética de seis genotipos de soja con comportamiento diferencial (4 resistentes R y 2 susceptibles S) frente al Tizón de tallo y vaina (*Phomopsis longicolla* y *P. sojae*) mediante marcadores SNPs (Polimorfismo de nucleótido simple) distribuidos aleatoriamente en el genoma de soja. De los 1224 SNPs, 1100 amplificaron satisfactoriamente. Mediante el programa INFOGEN se estimó la variabilidad genética, obteniéndose los siguientes parámetros medios: Proporción de loci polimórficos=0,795, Proporción de Heterocigosis (PH) =0,123, PIC=52,667, Número de alelos por locus (NAL)=1,859, Diversidad genética total (DGT)=0,328. La PH (considerada residual por estar evaluando líneas endocriadas), DGT y PIC separaron a los genotipos S, que tuvieron los menores valores, de los R. Estos se diferenciaron entre sí en base a dichos parámetros y a NAL. Las similitudes entre los 6 genotipos, calculadas en base a las distancias de Nei estandarizadas, fueron mayores entre dos R que representan líneas casi isogénicas. El agrupamiento a partir de estas similitudes resultó un *cluster* formado por los dos genotipos S y uno R, y otro por los dos R casi isogénicos y el R restante. Existe variabilidad genética dentro de la población bajo estudio, siendo la caracterización molecular mediante SNPs un complemento de la evaluación de la expresión fenotípica de la enfermedad para poder introducir genes de resistencia a genotipos adaptados con mayor grado de certidumbre.

MGV 29

POLIMORFISMOS DE ADN EN CRUZAMIENTOS ENTRE GENOTIPOS DE SOJA PORTADORES DE RESISTENCIA A *Diaporthe phaseolorum* var. *caulivora* A TRAVÉS DE SNP

Peruzzo A.M.^{1,2}, F.E. Hernández^{1,2}, G. Malone⁵, G.R. Pratta^{1,3}, B. Ferrari⁶, L.D. Ploper⁷, R.N. Pioli^{1,2,4}, ¹IICAR, UNR, CONICET, FCA, Argentina; ²Cátedra de Fitopatología, Laboratorio Biodiversidad Vegetal Microbiana, FCA-UNR, Argentina; ³Cátedra de Genética, FCA-UNR, Argentina; ⁴CIUNR, Argentina; ⁵GDM Seeds, Brasil; ⁶GDM Seeds, Argentina; ⁷ITANO, CONICET-EEAOC, Argentina.
E-mail: pioli@iicar-conicet.gob.ar

En trabajos previos se evaluó la variabilidad genética de 24 genotipos de soja con comportamiento diferencial (12 resistentes y 12 susceptibles) a la Cancrosis del Tallo de Soja causada por 3 a 4 cepas distintas de *D. phaseolorum* var. *caulivora* (CTS-*Dpc*), mediante 160 marcadores codominantes SNP distribuidos aleatoriamente en el genoma de soja. El objetivo de este trabajo fue calcular el porcentaje de polimorfismos (%P) entre progenitores y el porcentaje de heterocigosis (%H) en las F₁ respecto a los loci polimórficos entre sus padres, en tres cruzamientos seleccionados por el comportamiento fenotípico frente a CTS-*Dpc*: G13-RxG4-S; G13-RxG12-S y G16-RxG9-S. El progenitor G13, común en dos cruzamientos, mostró 37,67 %P y sólo 22,60 %P respecto a G4 y G12, respectivamente; mientras G16 y G9 fueron divergentes con 46,57 %P. Si bien los genotipos más estabilizados G4, G16 y G9 no presentaron loci en heterocigosis residual (Hr), G13 y G12 registraron 4 y 3 loci en Hr respectivamente, por ser líneas experimentales con menor grado de endocria. En cada cruzamiento, el %H fue 100,00; 89,50 y 83,82, respectivamente, corroborándose que se trata de F₁ verdaderas entre sus padres. En los dos cruzamientos con %H inferior al esperado se observaron eventos de duplicación del alelo de uno de sus padres (materno o paterno) que podrían ser explicados por *gene conversion in heterozygous genotypes*. El análisis basado en el %P entre progenitores y al %H de sus F₁ mediante SNP, permitió seleccionar con certeza las poblaciones F₂ y avanzar en el programa de mejoramiento para resistencia a CTS-*Dpc*.

MGV 30

RESPUESTA A LA CONVERSIÓN SEGÚN LA FUENTE DE CARBONO USADA EN FASES PREVIAS EN LA REGENERACIÓN DE PLANTAS *IN VITRO* DE SOJA (*Glycine max* (L.) MERRILL)

Souza Canada E.D.¹, H. Permingeat¹. ¹Plataforma Agrotecnológica Biomolecular-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: souzadaniel8@hotmail.com

Las plantas regeneradas *in vitro* de soja ofrecen bajo porcentajes de embriones somáticos convertidos. Esto puede estar relacionado a las condiciones de las fases previas, como son las de histodiferenciación/maduración y desecación. Por tal motivo, se comparó la influencia de dos tipos de carbohidratos como fuente de carbono del medio en estas fases. Los embriones somáticos inducidos y proliferados a partir de cotiledones inmaduros del cultivar Jack, se cultivaron en medios a base de las sales Murashige y Skoog (MS), vitaminas B5, Gelrite 0,2%, pH 5,7 y carbón activado 0,5%, que fueron suplementados con sacarosa 3% (MS3S), sacarosa 6% (MS6S) y maltosa 6% (MS6M). Aunque los embriones desarrollados sobre el medio MS6S fueron los que alcanzaron mayor grado de maduración fisiológica, en MS6M se contabilizaron en mayor número. Además, en MS6M al menos uno de los embriones somáticos por cotiledón cultivado (100%), desarrolló una plántula (conversión), seguidos por 75% en MS6S y 44% en MS3S. Por otro lado, un 43,2% de los embriones desecados convirtieron a plántulas en MS6S, seguido por MS6M (27%). Se pudo evidenciar que el tipo de carbohidrato y su concentración influye en la obtención de plántulas regeneradas. A pesar que con el medio MS6S se obtuvo un mayor porcentaje de conversión de embriones desecados a plántula, con MS6M la cantidad de plántulas total fue superior debido a que se partió de un número mayor de embriones somáticos maduros en esta última fase.

MGV 31

MAPEO GENÉTICO DE PRECOCIDAD INTRÍNSECA EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL DE RILs DE TRIGO PAN (*Triticum aestivum* L.) DESARROLLADA CON VARIEDADES ARGENTINAS

Lombardo L.A.¹, C.E. Ghione¹, M.M. Nisi¹, M. Helguera¹. ¹EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina.
E-mail: lombardo.lucio@inta.gob.ar

La precocidad intrínseca (EPS) de trigo pan ($2n=6x=42$ AABBDD) es el número mínimo de días a espigazón cuando se satisfacen sus requerimientos de vernalización y fotoperíodo. Los genes de EPS son relevantes para el ajuste fino de la adaptación y la modificación de componentes de rendimiento. La EPS ha sido muy poco explorada en germoplasma argentino, siendo este el objetivo del presente estudio. Una población de 89 RILs F_8 fue desarrollada por SSD del cruzamiento entre BioINTA 2001 (variedad primaveral, sensible y precoz) y Baguette Premium 11 (variedad primaveral, insensible y tardía). El mapa genético fue construido utilizando 16641 marcadores polimórficos (13943 DArTs, 2608 SNPs, 80 SSRs y 10 marcadores específicos de genes). EPS fue medida en tres plantas por línea siguiendo un diseño completamente aleatorizado con cinco repeticiones (ambientes), como la duración en días de la fase trasplante-espigazón tras 8 semanas de vernalización (5 °C con 8 hs luz) y trasplante a invernáculo a temperatura controlada (21 °C) y fotoperíodo extendido a 20 hs luz. El mapeo genético se realizó por intervalo compuesto. El mapa genético incluyó 327 loci, agrupados en 21 grupos de ligamiento, abarcando un total de 3821,2 cM. Se detectaron seis QTLs de EPS (LOD= 2,52-4,74; $r^2=0,10-0,20$) cuando se consideraron los cinco ambientes y el promedio, observándose alelos precoces de EPS en ambos padres. Siendo el QTL Q_{Eps}.imj-5D1 (LOD= 4,38-4,74; $r^2=0,17-0,20$) el más relevante e inédito comparándolo con estudios previos.

MGV 32

ESTUDIO DE GENES DE DESATURASAS Y DE PERFILES DE ÁCIDOS GRASOS EN TRIGO CANDEAL

Cuppari S.Y.¹, D.S. Soresi^{2,3}, A.A. Carelli⁴, F. Delucchi⁴, A.D. Carrera¹, M.L. Díaz^{2,5}. ¹Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS)-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ²Dpto. Biología Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina; ³Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ⁴Planta Piloto de Química, PLAPIQUI-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ⁵Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia. de Buenos Aires, Argentina.
E-mail: scuppari@cerzos-conicet.gob.ar

Las desaturasas catalizan la formación de enlaces múltiples en los ácidos grasos de las membranas celulares. Éstos generan un cambio en la fluidez de las mismas asociado a un aumento de la tolerancia a frío. La principal zona de cultivo de trigo candeal es el sur de Buenos Aires, donde ocurren heladas desde abril a octubre. El objetivo es determinar los perfiles de ácidos grasos en tres genotipos de trigo candeal expuestos a 4 °C durante 8, 24, 48, 72 y 144 hs y analizar la variabilidad de genes de desaturasas en cinco genotipos con comportamiento contrastante frente a bajas temperaturas. Por cromatografía de gases se cuantificaron los ácidos esteárico, oleico, linoleico y linolénico. Se amplificaron por PCR y secuenciaron los genes de estearoil-ACP, Ω -6 y Ω -3 desaturasas. Se identificaron dominios (<http://meme-suite.org/>) y polimorfismos, y se analizaron las regiones promotoras (<http://plantpan.mbc.nctu.edu.tw>). Se observaron diferencias en los perfiles de ácidos grasos entre los materiales analizados y los tratamientos. El ácido linolénico fue el más abundante en los tres genotipos y sólo los tolerantes acumularon ácido oleico a 4 °C. Se identificaron variaciones en la secuencia de los genes en regiones codificantes e intrones. En los promotores se identificaron sitios de unión a factores de transcripción relacionados con la respuesta a estrés. Dado que no existe hasta el momento información sobre los perfiles de ácidos grasos y de los genes de desaturasas en trigo candeal este estudio resulta de importancia para analizar el rol de estas enzimas frente a las bajas temperaturas.

MGV 33

ANÁLISIS DE VARIABILIDAD GENÉTICA PARA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN *Panicum Coloratum* L. A TRAVÉS DE CARACTERES MORFOLÓGICOS

Lifschitz M.^{1,2}, G. Guerrero¹, E. Pagnucco¹, M. Giordano^{1,3}, K. Grunberg^{1,3}, M.A. Tomás¹. ¹EEA INTA Rafaela; ²Becario FONCYT; ³CONICET.

E-mail: lifschitz.mauro@inta.gob.ar

La salinización de los suelos es uno de los estreses abióticos de mayor importancia en las regiones áridas y semiáridas del mundo. En los últimos años, en nuestro país la ganadería fue desplazada hacia estos ambientes, lo que genera la necesidad de forrajes tolerantes. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar la variabilidad genética para tolerancia a la salinidad, a partir de caracteres morfológicos de 8 materiales de *Panicum coloratum* pertenecientes a una colección de INTA que incluyó también cultivares comerciales de ambas variedades (*makarikariense* y *coloratum*). El ensayo fue llevado a cabo en invernadero en condiciones de hidroponía en solución nutritiva de Hoagland durante un periodo de 30 días. Se utilizó un diseño en bloques completamente aleatorizados con dos tratamientos: Control y Salino (200 mMNaCl). Se determinó el peso fresco de las plantas al inicio y al final del ensayo, como así también el número de hojas y macollos y el peso seco de porción aérea y radical. Los resultados obtenidos se analizaron mediante ANOVA previa comprobación de los supuestos del modelo. La interacción significativa material x tratamiento evidenció una respuesta diferencial entre los materiales al tratamiento salino. Por su parte, la supervivencia de las plántulas en salinidad difirió entre materiales. La amplia variabilidad observada en los caracteres estudiados indica que la colección de INTA Rafaela contiene materiales que podrían ser seleccionados en futuros programas de mejoramiento genético de la especie para la tolerancia a estrés salino.

MGV 34

CARACTERIZACIÓN DE POTENCIALES PORTAINJERTOS HÍBRIDOS DE KIWI POR SU TOLERANCIA A LA SALINIDAD A TRAVÉS DE ANÁLISIS MULTIVARIADOS

Marcellán O.N.¹, C.A. Godoy¹, M. Pascual¹. ¹Unidad Integrada Facultad de Ciencias Agrarias (UNMDP)-Estación Experimental Agropecuaria Balcarce (INTA), Balcarce, provincia de Buenos Aires, Argentina.

E-mail: marcellan.olga@inta.gob.ar

La planta de kiwi es sensible a la salinidad, particularmente al ión sodio. Este problema es grave en el sudeste bonaerense debido a que el agua de riego es salino-sódica. A fin de caracterizar potenciales portainjertos capaces de enfrentar este problema, se evaluaron 14 híbridos interespecíficos (*Actinidia arguta* x *A. deliciosa*), y las especies parentales como controles, por la tolerancia al estrés osmótico y al sodio a través de un ensayo clonal bajo un DCA en parcela dividida. Los clones crecieron en soluciones Hoagland, con potenciales osmóticos de -55 KPa (H), y de -150 KPa por la suplementación con sulfato de potasio (H más K⁺) o sulfato de sodio (H más Na⁺) durante tres semanas en cámara de cultivo. Se determinaron variables aéreas y radicales (usando el programa WinRhizo). El estrés osmótico [(H más K⁺) vs. (H)] provocó cambios en la parte aérea relacionados con menores incrementos del área foliar y contenido de clorofila de las hojas nuevas. El efecto tóxico del sodio [(H más Na⁺) vs. (H más K⁺)] se manifestó como un cambio en la arquitectura de las raíces, debido a un aumento en la proporción de raíces gruesas en desmedro de las raíces finas. A través de los Análisis de Componentes Principales, considerando las variables más afectadas en cada uno de los estreses, se pudieron identificar híbridos interespecíficos (potenciales portainjertos) con mejor comportamiento que las especies parentales y tolerantes a uno o a ambos estreses.

MGV 35

EVALUACIÓN DE MATERIAL GENÉTICO DE DISTINTOS ORÍGENES Y SELECCIÓN CLONAL EN CIRUELA D'AGEN (JUNÍN, MENDOZA, ARGENTINA)

Rossi J.A¹, A.C. Pereyra¹, D.A. Astorga¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Junín Mendoza.
E-mail: rossi.jorge@inta.gob.ar

En Mendoza el cultivar más difundido de ciruela para la industria del deshidratado es D'Agen, el cual presenta entre sus características grandes ventajas productivas, pero algunos inconvenientes como la vecería (añerismo) y un desorden denominado mancha roja (caídas previas a la madurez de los frutos). El objetivo de este trabajo es seleccionar germoplasma superior dentro del existente, manteniendo simultáneamente rendimientos elevados, frutos de tamaño grande y baja incidencia de mancha roja. Para ello se realizaron colectas de material de montes dentro del área productiva del Oasis Este y Norte de la provincia de Mendoza. Se seleccionó material destacado en base a los objetivos planteados, descartándose material enfermo (virus). Con estas plantas sanas se instaló una parcela en la Experimental sede Junín de tres plantas por cada origen. Durante tres campañas (2015-2017) se realizó evaluación por rendimiento y porcentaje de caída de mancha roja mediante análisis de componentes principales. Los resultados mostraron que de los 37 materiales 10 presentaron un buen comportamiento en cuanto a rendimiento y bajo porcentaje de caída por mancha roja y a la fecha se continuará con la evaluación *in situ* y en distintos ambientes de la provincia de Mendoza.

MGV 36

COMPARACIÓN DE MÉTODOS MULTIVARIADOS PARA LA CLASIFICACIÓN DE GENOTIPOS DE *Prunus persica*

Angelini J.¹, G.S. Faviere¹, E.B. Bortolotto¹, L. Arroyo², M.E. Daorden², G.H. Valentini², G.D.L. Cervigni¹. ¹Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI), Universidad Nacional de Rosario - CONICET, Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria INTA San Pedro, Argentina.
E-mail: angelini@cefobi-conicet.gov.ar

El objetivo fue comparar la eficiencia de clasificación entre el método paramétrico Análisis Discriminante (AD) y el no paramétrico *Random Forest* (RF), para categorizar genotipos de durazneros y nectarina e identificar las variables determinantes para la clasificación. Los 29 genotipos fueron evaluados para rendimiento (REND) en kg/planta, número de fruto por planta (NFP), peso promedio del fruto (PPF), días a floración (DF), días a cosecha (DC), período de desarrollo del fruto (PDF), requerimiento de frío (PCU) y calor (GDH), durante las campañas 2005/06 - 2011/12. Para normalizar la distribución y homogeneizar las variancias, todas las variables fueron transformadas según lo indicado por el método Box-Cox. La eficiencia de clasificación entre AD y RF se determinó mediante el error porcentual de clasificación verificado mediante validación cruzada. La transformación realizada no fue suficiente para cumplir con los supuestos de AD. Usando las variables transformadas el error de clasificación de AD y RF fue de 74,71 y 8,05% respectivamente, y con las variables originales fue 74,14 para AD y 9,77% para RF. Debido a que el AD requiere que los grupos sean internamente homogéneos y altamente heterogéneos entre ellos, PCU y GDH se excluyeron del AD ya que las mismas poseen un único valor en cada genotipo. Nuestros resultados muestran que el AD fue altamente ineficiente debido al incumplimiento de los supuestos. Por el contrario, RF clasificó correctamente todos los genotipos usando la variable GDH, la más importante y suficiente para el proceso de clasificación.



MGV 37

GANANCIA GENÉTICA DEL RENDIMIENTO EN *Prunus persica*, EN FUNCIÓN DEL AÑO DE COMERCIALIZACIÓN, REQUERIMIENTO DE FRÍO, TIPO DE FRUTA Y ORIGEN

Bortolotto E.B.¹, G.S. Faviere¹, J. Angelini¹, L. Arroyo², M.E. Daorden², G.H. Valentini², G.D.L. Cervigni¹. ¹Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI), Universidad Nacional de Rosario-CONICET, Rosario, Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria INTA San Pedro, San Pedro, Argentina.
E-mail: bortolotto.eugenia@gmail.com

El objetivo de este trabajo fue determinar la ganancia genética (GG) en el rendimiento de 126 genotipos en función del período de comercialización 1940–2000. El rendimiento (kg/planta) se evaluó durante las campañas 2005/06–2011/12 en INTA San Pedro. La GG fue comparada entre décadas, dividiendo los genotipos en duraznos (D) y nectarinas (N) considerando origen: EUA, Italia y Argentina; y el requerimiento de frío bajo (<500 unidades de frío positivas = PCU) o alto (>500 PCU). Para normalizar la distribución y homogeneizar las varianzas el rendimiento se transformó usando la potencia 0,28. El análisis se realizó mediante regresión lineal múltiple de efectos fijos. La diferencia entre décadas fue evaluada según la prueba de LSD ($P \leq 0,05$), y entre los grupos formados mediante la prueba de Kruskal-Wallis ($P \leq 0,05$). La década 70-80, mayoritariamente de EUA, mostró una GG de 4,70 kg/planta ($P=0,0001$). La GG fue nula entre las demás décadas al igual que entre D y N. En la comparación por origen, los genotipos argentinos fueron los de mejor desempeño (GG=5,02 kg/planta; $P=0,0336$). Finalmente, entre los genotipos de menor y mayor PCU, los primeros mostraron una GG=8,66 kg/planta ($P=0,0001$). El germoplasma evaluado muestra que el mejoramiento genético de *Prunus persica* tiende al desarrollo de materiales con bajo requerimiento de frío, y que las accesiones desarrolladas en la década 70-80 en EUA muestran la mejor adaptabilidad al ambiente de San Pedro, sin embargo, los mejores genotipos son los obtenidos en el país.

MGV 38

ESTIMACIÓN DE RENDIMIENTO DE 12 CULTIVARES DE *Manihot esculenta* EN EL NE DE LA PROVINCIA DE CORRIENTES

Dominguez Muñoz M.C.^{1,2}, R.G. Feltan^{1,2}, D.R. Guerrero^{1,2}, R.E. Bubillo¹, M.J. Fernández². ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Cerro Azul, Argentina; ²Universidad del Salvador, Campus San Roque González de Santa Cruz, Gdor. Virasoro, Corrientes, Argentina.
E-mail: dominguez.martin@inta.gov.ar

En la República Argentina se siembran 8.128,9 hectáreas de mandioca, 400 se encuentran en la provincia de Corrientes, donde la cultivan pequeños productores para la comercialización en ferias y mercados locales. La problemática del cultivo está dada por la falta de información válida del comportamiento agronómico de los cultivares utilizados en esta región. El objetivo del presente trabajo fue evaluar 12 cultivares de uso frecuente para determinar características de rendimiento y utilidades. En el campus San Roque González de Santa Cruz, Gdor. Virasoro, provincia de Corrientes, se instalaron parcelas de 12 cultivares de mandioca (NN Corrientes Plescht, Mojeña Amarilla Salta, Rito B, Nito U, IAC 90, Amarilla Marcelo, Amarilla Cerro azul, Rama Seda Chaco, Brasilera Roque T., Paraguaya C.A., Gajuda y Amarilla Molina) distribuidas en tres bloques completos al azar, contando cada una de las parcelas con 30 plantas. Los datos relevados fueron Número de supervivencia de plantas, peso de las raíces frescas, Número de raíces comerciales. Los resultados observados muestran una supervivencia de plantas en todos los cultivares superior al 90% y no se detectó una diferencia significativa entre los mismos. El rendimiento de raíces frescas obtenido por hectárea para cultivo de mandioca de un año fue de 11 toneladas por ha para los cultivares Mojeña amarilla salta y Rama seda Chaco, el menor resultado fue de 6 toneladas para la variedad Gajuda. Los promedios obtenidos corresponden a las campañas 2015/2016 y 2016/2017.

MGV 39

SELECCIÓN DE PARENTALES Y ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS MEDIANTE BLUP Y MARCADORES MOLECULARES EN LENTEJA (*Lens culinaris* MEDIK)

Maglia F.¹, F. Cazzola¹, D. Vitelli¹, C. Bermejo². ¹Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IICAR-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: bermejo@iicar-conicet.gob.ar

El objetivo de los programas de mejora de lenteja es desarrollar nuevos genotipos más productivos y con ciclos de floración cortos para entrar en ciclos de rotación. La selección normalmente se basa en métodos fenotípicos, pero debería basarse en valores de mejora porque los caracteres cuantitativos a menudo están influenciados por los ambientes y la interacción genotipo-ambiente. Los objetivos de este estudio fueron estimar los parámetros genéticos y seleccionar los genotipos superiores mediante el uso de BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) y marcadores SRAP. 25 RILs (*Recombinant Inbred Lines*) se sembraron en un DCA con 3 repeticiones en 4 ambientes evaluándose 8 caracteres cuantitativos morfoagronómicos. Los valores de mejora, coeficientes de variación (σ_g^2), correlación genética y heredabilidades (h) fueron obtenidos mediante el programa estadístico MetaR. Las h y σ_g^2 fueron elevadas para la mayoría de las variables. Se ordenaron los genotipos en base a un ranking promedio considerando todas las variables y se seleccionaron 7 RILs macrospermas y 2 microspermas. Mediante SRAP se construyó un árbol de recorrido mínimo utilizando el programa Infogen seleccionándose las mismas 9 RILs. BLUP podría reemplazar los métodos de análisis fenotípico y molecular ya que facilita la selección con menor costo y más precisión, mejorando la eficacia de la selección y la ganancia genética. Los genotipos seleccionados podrían convertirse en posibles variedades comerciales o usarse como parentales en futuros programas de hibridación.

COMUNICACIONES LIBRES

RECURSOS GENÉTICOS

RRGG 1

CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE SEIS ACCESIONES DE *Ilex paraguariensis* (Saint Hilaire) DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE *Ilex* spp.

Bubillo R.E.¹, M.J. Fernández², M.C. de la C. Domínguez Muñoz¹, D.R. Guerrero¹, R.G. Feltan¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria Cerro Azul (EEA-Cerro Azul), Argentina; ²Biofábrica Misiones S.A., Argentina.
E-mail: bubillo.rosana@inta.gob.ar

El banco de Germoplasma de *Ilex* spp. perteneciente al INTA-EEA Cerro Azul es único en Sudamérica, contando con ejemplares recolectados en Argentina, Brasil y Paraguay de las diferentes especies de *Ilex* autóctonas. Este trabajo tuvo como objetivo caracterizar molecularmente las accesiones de *Ilex paraguariensis*, la cual presenta muy alta relevancia económica en la provincia de Misiones y norte de Corrientes, con proyección a que se utilicen estas accesiones como fuentes de variación en los planes de mejoramiento genético del cultivo de yerba mate y conservar su germoplasma, ya que debido a la erosión genética del hábitat se han perdido poblaciones completas de las mismas. Se analizaron seis accesiones, A1, A27, A34, A35, A37 y A41 de *I. paraguariensis*, constituidas por 29 plantas adultas, con 12 marcadores moleculares microsatélites SSR. Los datos obtenidos fueron procesados a través del software NTSYSpc 2.01e, tomando como medida de similitud el Índice de Jaccard. En el cladograma la similitud se encuentra en el rango de 0,32 y 0,93%, presentando dos clados bien definidos; el primero compuesto por cinco individuos de la Accesoión 1 (A1P1; A1P2; A1P3; A1P4 y A1P5) únicamente, que comparten un rango de similitud del 79 al 93%. El segundo clado está conformado por individuos de todas las accesiones, incluida la Accesoión 1, presentando un rango de similitud más amplio, entre el 45 y 93%. Esto podría explicarse a que, por el hecho de ser regiones geográficamente cercanas podrían tener un origen en común.

RRGG 2

DIVERSIDAD FENOTÍPICA DE 510 POBLACIONES LOCALES DE MAÍZ (*Zea mays* L.)

Defacio R.A.¹, G.R. Pratta², S.J. Bramardi³. ¹EEA INTA Pergamino, Argentina; ²IICAR (CONICET-UNR); ³Departamento de Estadística, Universidad Nacional del Comahue.
E-mail: defacio.raquel@inta.gob.ar

El aumento de rendimiento del maíz a través del mejoramiento genético ha generado un estrechamiento de la base genética, situación que puede revertirse usando la variabilidad presente en la especie. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar la diversidad fenotípica para atributos morfo-agronómicos en 510 poblaciones locales de maíz conservadas en el Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino. Se registraron 16 variables cuantitativas y 4 cualitativas. La caracterización de las poblaciones se realizó con Análisis de Componentes Principales (ACP) para el caso cuantitativo y la caracterización cualitativa por medio del Análisis de Coordenadas Principales (ACoP). Para el análisis conjunto de ambos tipos de variables se recurrió a la técnica de Análisis Procrustes Generalizado (APG). Las dos primeras Componentes Principales explicaron el 57,4% de la variabilidad y estuvieron conformadas por variables relacionadas con altura, ciclo y caracteres de mazorca, diferenciándose 6 grupos. Las primeras dos Coordenadas Principales explicaron el 45,4% de la variabilidad, siendo posible visualizar 9 grupos de diferente conformación a los determinados por ACP. Mediante APG, se conformaron 6 grupos que mostraron mayor concordancia con su forma racial que con su origen geográfico. Como conclusión, fue posible caracterizar la diversidad fenotípica conservada en el Banco de Germoplasma de maíz mediante APG, lográndose un claro agrupamiento de 510 poblaciones locales aun cuando presentan una gran dispersión en sus atributos cualitativos y cuantitativos.

RRGG 3

CARACTERIZACIÓN FENO-GENOTÍPICA Y SIMBIÓTICA DE RIZOBIOS AISLADOS DEL COMPLEJO *Desmanthus virgatus* EN SUELOS DEL CENTRO Y NORTE DE ARGENTINA

Fornasero L.V.¹, M.A. Toniutti¹, N.E. Zuber^{1,2}, M.F. Del Papa², A. Lagares². ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral, Esperanza, Argentina; ²Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM), Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.
E-mail: lforfnase@fca.unl.edu.ar

Las leguminosas forrajeras nativas presentan un gran potencial productivo, siendo un ejemplo de ellas el complejo taxonómico *Desmanthus virgatus* de amplia distribución en el centro y norte de Argentina. Las bacterias simbiotas de plantas nativas representan una fuente importante de recursos genéticos para el desarrollo agropecuario sustentable de nuestro país. El objetivo de este trabajo fue realizar una caracterización fenotípica, genotípica y simbiótica de rizobios noduladores del complejo *D. virgatus*. Para ello, se estableció una colección de 65 aislamientos recuperados de suelos de Santa Fe, Jujuy y Corrientes. Se analizaron las características fenotípicas culturales y la tolerancia a estreses abióticos que incluyeron pH extremos, salinidad y altas temperaturas. El análisis de la biodiversidad genética se realizó a través de técnicas de *fingerprinting* de DNA por métodos de PCR. Posteriormente, se evaluaron las características simbióticas de los aislamientos en ensayos de inoculación de plantas en cámara de cultivo. Los rizobios noduladores mostraron una marcada diversidad fenotípica y genotípica, y se hallaron simbiotas con capacidad de crecimiento en condiciones que se consideran adversas y que sugieren una mayor flexibilidad fisiológica y capacidad de adaptación al ambiente. Los ensayos de plantas evidenciaron rizobios con muy buena capacidad potencial de fijación biológica de nitrógeno. La colección de simbiotas locales representa un recurso muy valioso para ser explorado de modo sistémico en programas de selección de rizobios inoculantes de *D. virgatus*.

RRGG 4

USO DE LA BIODIVERSIDAD GENÉTICA EN LA AGRICULTURA FAMILIAR

Maggio P.¹, M.B. Corbalán Gervasoni¹, S. Felgueras², D. Cohn², S. Virginillo², F. Pantuso^{1,2}. ¹Departamento de Tecnología, Universidad Nacional de Lujan, Buenos Aires, Argentina; ²Escuela de Agronomía, Universidad del Salvador, Campus Nuestra Señora del Pilar, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: ingvirginillo@gmail.com

La conservación y utilización sustentable de los recursos genéticos es una herramienta fundamental para preservar la biodiversidad. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la adaptación de poblaciones nativas de maíz dulce para su utilización en la agricultura familiar. El presente trabajo se desarrolló durante tres campañas agrícolas (2015/16 hasta 2017/18), en el campo experimental de la Universidad de Lujan, con la regeneración y evaluación de cuatro materiales del BAG del INTA Pergamino y dos variedades comerciales de maíz dulce. La siembra se realizó a mano, en surcos distanciados a 0,52 m, y una distancia entre plantas de 0,25 m en la última semana de septiembre. Se realizaron distintos cruzamientos con el propósito de ampliar la diversidad genética existente en los materiales. Los materiales evaluados presentan ciclos intermedios (80 ± 9 días) y largos (154 ± 12 días). Al analizar la altura de planta se observó una relación directa entre esta y el largo del ciclo alcanzando plantas de 188 ± 23 cm en los ciclos largos y 117 ± 11 en los ciclos cortos. La altura inserción de espiga estuvo entre los 34,5 y 69,3 cm. En todos los casos el color del grano fue blanco y la textura rugosa correspondiente a los maíces dulces (*Su*). El largo de espigas promedio fue de $14,27 \pm 2,1$ cm, y el diámetro fue de $4,25 \pm 0,64$ cm. El período de cosecha fue de 16 días. Se concluye que el material evaluado presenta una amplia diversidad genética, necesaria para continuar con el proceso de mejoramiento, siendo las características de los materiales utilizados de gran utilidad para ser empleados en huerta de agricultura familiar.

RRGG 5

DISEÑO DE ZONAS DE TRANSFERENCIA DE GERMOPLASMA DE *Trichloris crinita* FRENTE AL CAMBIO CLIMÁTICO

Marinoni L.^{1,2}, J.M. Zabala¹, M. Parra Quijano³, J.A. Giavedoni¹, P.A. Tomas¹, J.F. Pensiero^{1,2}. ¹Programa de Documentación, Conservación y Valoración de la Flora Nativa, Universidad Nacional del Litoral; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia.
E-mail: lmarinoni@fca.unl.edu.ar

Las zonas de transferencia de semillas (STZ) son áreas geográficas dentro de las cuales semillas de una población pueden ser trasladadas con un mínimo riesgo de no adaptación, siendo una estrategia valiosa ante el panorama de cambio climático. En el presente estudio se evaluó el impacto del cambio climático en la distribución de *Trichloris crinita* en Argentina, identificando las posibles fuentes de germoplasma y sus correspondientes destinos futuros, proponiendo un enfoque ecogeográfico basado en mapas de Caracterización Ecogeográfica del Territorio (ELC) para el establecimiento de SZT. Se desarrollaron modelos de distribución de *T. crinita* para el presente y proyectados para el año 2070 con un escenario de emisiones pesimista, promedio de diversos modelos de circulación global. Se utilizaron variables bioclimáticas, edáficas y geofísicas, aunque sólo las primeras se modifican en la proyección a futuro. Adicionalmente se generaron mapas ELC con las variables ecogeográficas para presente y futuro, manteniendo la homología de las categorías ecogeográficas. Los resultados revelaron zonas de riesgo por reducción de la distribución a futuro, y nuevos nichos para la especie. A futuro, dejarán de estar representadas algunas categorías ecogeográficas en la zona de riesgo, mientras que otras nuevas estarán disponibles. De las categorías análogas actuales de las que se dispone información de ocurrencia, sólo existe germoplasma conservado de algunas de ellas. Será necesario identificar y priorizar sitios de colecta para garantizar el resguardo de la diversidad genética de la especie y disponer de germoplasma para programas de mejora para nuevos nichos.

RRGG 6

CONSERVACIÓN EX SITU DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS EN EL INTA

Rosso B.S. EEA INTA Pergamino.
E-mail: rosso.beatriz@inta.gov.ar

La Red de Recursos Fitogenéticos (<https://inta.gov.ar/proyectos/REDGEN-1137021>) enmarcada en la Red de Recursos Genéticos del INTA, comprende conservación *ex situ* de germoplasma vegetal en forma de semilla, *in vitro* y a campo, de las principales especies vegetales cultivadas en la República Argentina, incluyendo sus parientes silvestres. Incluyen especies introducidas y nativas de cereales, oleaginosas, hortícolas, frutales, forrajeras en industriales. Las colecciones se utilizan para la reintroducción de especies/poblaciones en comunidades rurales, como fuente de recursos para el mejoramiento genético, la re-vegetación de sitios degradados y el uso industrial. Están distribuidas en Estaciones Experimentales ubicadas en diversas áreas agroecológicas y estrechamente relacionadas con la agricultura y la alimentación. Las entradas conservadas comprenden a poblaciones silvestres, variedades tradicionales, razas locales, variedades obsoletas y especies emparentadas. Los datos se encuentran disponibles en un formato diseñado por el INTA en <http://redgen.inta.gov.ar/site/index.php/fitogeneticos/index>. Con las actividades desarrolladas por más de 30 años se ha contribuido a estudiar la variabilidad existente en el germoplasma conservado, a fin de lograr que la diversidad genética se encuentre disponible para la sociedad en su conjunto. La ratificación del Tratado Internacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (*TIRFAA*) refuerza la necesidad de fortalecer la conservación del germoplasma.

RRGG 7

RECURSOS GENÉTICOS: CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE RIZOBIOS NODULADORES DE *Macroptilium lathyroides* EN SUELOS DE CORRIENTES Y SANTA FE

Zuber N.E.^{1,3}, L.V. Fornasero¹, M.A. Toniutti¹, B.S. Trod². ¹FCA, Universidad Nacional del Litoral, Argentina; ²FBCB, Universidad Nacional del Litoral, Argentina; ³IBBM-CONICET, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.
E-mail: nezuber@gmail.com

En la producción ganadera extensiva, las leguminosas forrajeras son la fuente principal de nitrógeno de la dieta animal. Actualmente la ganadería argentina se está desplazando hacia zonas marginales para la producción, donde las leguminosas adaptadas son escasas. Una estrategia es la introducción de especies leguminosas nativas con reconocido potencial forrajero, adaptadas a nuestras condiciones. Sin embargo, una limitación en el establecimiento es una simbiosis eficiente con rizobios noduladores. El objetivo de este trabajo fue el estudio, análisis y caracterización fenotípica y genotípica de los rizobios que nodulan a *M. lathyroides* en suelos de las localidades de General Obligado (Santa Fe) y Santo Tomé (Corrientes). Se recolectaron nódulos radicales de plantas trampa que crecieron en macetas con los suelos argentinos. Las bacterias dentro de los nódulos fueron aisladas, purificadas y caracterizadas fenotípicamente. La caracterización genotípica se llevó a cabo mediante el análisis de los productos de amplificación de ADN total de los aislamientos. La estructura genómica de los rizobios fue examinada a través de *fingerprints* de ADN, los cuales se realizaron empleando el cebador BOXA1R y se compararon con cepas de referencia caracterizadas. Se estableció una colección de 19 aislamientos que presentaron diversas tolerancias a estreses abióticos y grupos metabólicos genéticamente diferentes a las cepas de referencia. Existe un germoplasma nativo muy diverso en la colección, poco estudiado, que podría considerarse en programas de producción de inoculantes forrajeros.

RRGG 8

VARIABILIDAD DE LOS LINAJES MATERNOS EN YERBA MATE (*Ilex paraguariensis* ST. HIL.)

Paiva D.I.¹, J. Cascales², M.E. Gauchat¹, R.A. Scherer³, A.M. Gottlieb². ¹EAA-INTA Montecarlo, Misiones, Argentina; ²LACyE, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEN-UBA, IEGEBA (UBA-CONICET), Argentina; ³Pindo S.A., Pto. Esperanza, Misiones, Argentina.
E-mail: paiva.daniela@inta.gov.ar

La yerba mate es una planta dioica cuyo genoma cloroplastídico se hereda maternalmente. En este trabajo se analizó la variabilidad cloroplastídica de materiales cultivados y silvestres como parte de la caracterización molecular exhaustiva del cultivo. Se emplearon 5 marcadores microsatélite especie-específicos para estudiar 41 plantas de yerba mate; 33 provenientes de 3 yerbales productivos de las provincias de Misiones y Corrientes, y las restantes representan distintas locaciones silvestres de Argentina, Brasil, Paraguay y Uruguay. Las bandas fueron identificadas en geles de poliacrilamida de alta resolución desnaturalizantes (6% p/v). El número de alelos detectados por *locus* fue bajo (rango: 1-3, media: 2/*locus*), y la frecuencia del alelo predominante fue de 0,1; 0,1; 0,93; 0,8 y 0,55. Las plantas cultivadas que corresponden a 4 grupos determinados por marcadores biparentales dominantes, representan 5 haplotipos maternos (frecuencia: 0,03-0,67). No se halló una asociación evidente entre los datos plastídicos y nucleares, lo cual era esperado ya que tienen fecundación cruzada. La preponderancia de un linaje podría explicarse por el intercambio de germoplasma entre zonas productoras. Para las 8 plantas silvestres se detectaron 6 linajes (frecuencia: 0,12-0,25); esta mayor variación estaría fundamentada en los diversos orígenes geográficos de las muestras. No obstante, entre Tacuarembó, Lavalleja y la Provincia de Misiones hay, al menos 2 haplotipos compartidos. Se espera que un mayor número de *loci* y plantas permitan acrecentar el conocimiento de la variabilidad cloroplastídica.



RRGG 9

PROPUESTA DE UN ENFOQUE ESTADÍSTICO PARA SELECCIONAR CLONES DE BANANA A PARTIR DE UN DISEÑO AUMENTADO, TENIENDO EN CUENTA LA VARIABILIDAD GENÉTICA

Del Medico A.P.¹, J.L. Ermini¹, G. Tenaglia⁴, M.S. Vitelleschi², A. Lavalle³, G. R. Pratta¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET/UNR, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas de la Escuela de Estadística (IITAE), CIUNR/UNR, Argentina; ³Departamento de Estadística, Universidad Nacional del Comahue, Argentina; ⁴Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar (IPAF), INTA, Argentina.
E-mail: delmedico@iicar-conicet.gob.ar

En el corto plazo, la selección de los mejores clones de banana (*Musa* spp., de reproducción asexual) se ve limitada por no contar con el número adecuado de repeticiones para estimar la variabilidad genética con métodos tradicionales. Una estrategia es emplear el diseño aumentado, contando sólo los testigos con repeticiones. El objetivo fue proponer un enfoque de análisis estadístico que permita seleccionar los mejores clones a partir de un diseño aumentado teniendo en cuenta la variabilidad genética. En 40 clones de banana y 4 testigos, se evaluaron 11 caracteres fenotípicos relacionados con la aptitud agronómica. Con los datos de los testigos, se calculó la heredabilidad en sentido amplio (H^2) para cada carácter. Se realizó un Análisis Cluster (AC) Jerárquico con las distancias euclídeas y el método de Ward, incluyendo a todos los genotipos. Integrando ambos análisis, se determinó el número adecuado de grupos, que fueron comparados por ANOVA. La H^2 fue significativa para pesos del raquis y de la mano, siendo el testigo 4 el que se diferenció de los demás. Por AC, el número adecuado de grupos fue 3, encontrándose el testigo 4 en el 1 y los demás en el 3. Por ANOVA se detectaron diferencias significativas entre grupos para todos los caracteres, excepto diámetro de la segunda mano. En los grupos 1 y 2 se encontraron clones con mejor aptitud agronómica. El enfoque propuesto tuvo en cuenta la variabilidad genética y permitió seleccionar los clones más promisorios para construir una variedad sintética, optimizando el uso de la información provista por el diseño aumentado.

RRGG 10

ANÁLISIS DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN UNA COLECCIÓN DE GERMOPLASMA DE *Vasconcellea quercifolia* MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES ISSR

Cerino M.C.^{1,2}, P.A. Tomas¹, G.D.L. Cervigni², E. Carrillo¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Esperanza, Santa Fe, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
E-mail: patomas@fca.unl.edu.ar

Vasconcellea quercifolia (mamón del monte) es una especie nativa ampliamente distribuida en el centro-norte de Argentina. Constituye un potencial recurso forestal no maderero, sus frutos presentan excelentes propiedades organolépticas, su látex posee propiedades industriales y es fuente de resistencia a virus de importancia para el cultivo de papaya. El objetivo del estudio fue caracterizar la variabilidad genética en una colección de germoplasma de esta especie mediante el uso de marcadores moleculares. Se analizaron 50 genotipos procedentes de seis poblaciones mediante siete *primers* ISSR, los que fueron seleccionados en previa prueba de eficiencia y repetibilidad. Se calculó la distancia genética entre materiales mediante el coeficiente de Jaccard y se generó el dendrograma correspondiente mediante el algoritmo UPGMA. La proporción de fragmentos amplificados polimórficos fue baja y se observó reducida diversidad genética, incluso entre poblaciones geográficamente distantes. En el dendrograma, los genotipos no conformaron agrupamientos definidos y no se conglomeraron de modo concluyente de acuerdo a su procedencia. A pesar de ello, fue posible identificar poblaciones que resultaron claramente diferenciables entre sí para los marcadores empleados. Ante la baja diversidad genética de la colección se considera relevante ampliar el número de colectas desde sitios distantes a los analizados. Se remarca la necesidad de ampliar el número de *primers* o incorporar otras técnicas moleculares para poder profundizar en la caracterización de la variabilidad de este recurso fitogenético.

COMUNICACIONES LIBRES

**GENÉTICA
MOLECULAR,
BIOINFORMÁTICA
Y GENÓMICA**



GMBioG 1

GENÉTICA MOLECULAR, GENÓMICA Y BIOINFORMÁTICA

Pratta G.R. IICAR, UNR-CONICET, Cátedra de Genética. Facultad de Ciencias Agrarias UNR. Campo Experimental Villarino, Zavalla (Santa Fe), Argentina.

E-mail: gpratta@unr.edu.ar

Aún estamos viviendo la era de la Genética Molecular, cuya aplicación a estudios con enfoques integrados ha dado origen a la Genómica. Esta última, tanto en sus aspectos estructurales (organización del genoma) como funcionales (expresión del genoma, disciplina también conocida como Postgenómica) se ha aplicado al mejoramiento genético animal y vegetal. En ellos, el uso de estas técnicas facilita el proceso de prospección, evaluación, selección y usufructo de la variabilidad genética disponible en una especie de interés para la Humanidad. De esta manera, se reducen significativamente los costos, tiempos y espacios requeridos por los programas de mejoramiento, y se minimiza la incertidumbre inherente a las técnicas convencionales. En esta era, en la que la generación de datos de variados tipos constituye una actividad rutinaria y lleva a la construcción de bases de alta dimensionalidad, la aplicación de herramientas bioinformáticas se torna indispensable para el abordaje preciso de cualquier proceso biológico. La Bioinformática es una disciplina científica emergente que utiliza tecnología de la información para distribuir, organizar y analizar información biológica. Involucra la solución de problemas biológicos complejos usando herramientas de sistemas y computación. En este espacio se presentarán ejemplos de aplicaciones bioinformáticas en programas de mejoramiento genético vegetal y animal, así como la carrera de postgrado Especialización en Bioinformática, única en esta área de vacancia que cuenta con egresados en el presente.

GMBioG 2

GENÓMICA DE ANIMALES DOMÉSTICOS

Giovambattista G. Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET, UNLP-CONICET), Facultad de Ciencias Veterinarias,

Universidad Nacional de La Plata.

E-mail: ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

El uso de marcadores genéticos animales se remonta a la década del 60, con los grupos sanguíneos y los polimorfismos bioquímicos. A lo largo de más de 50 años, el desarrollo de los métodos de genética molecular y de análisis informático, así como la publicación de los genomas de estas especies, ha tenido como consecuencia la migración de un enfoque génico a uno genómico. Esto se debió en una primera instancia al uso de las tecnologías de microarrays y actualmente, a las denominadas técnicas de secuenciación masiva. Además, ha permitido la diversificación de las aplicaciones, sobrepasando el ámbito científico hacia la aplicación masiva en el mejoramiento animal. Inicialmente, los marcadores genéticos se utilizaron para estudios de caracterización genética de razas domésticas, la construcción de mapas de ligamiento, el mapeo de QTLs, siendo uno de sus primeros usos prácticos la determinación de paternidades para la inscripción en los libros genealógicos de las razas. A estos usos se le fue sumando la detección de enfermedades genéticas y caracteres cuantitativos (color de capa, presencia de cuernos), la determinación de origen y grado de pureza de animales y sus productos, entre otras. En el campo del mejoramiento animal el uso de la selección asistida por marcadores fue superado y reemplazado por la selección genómica que está potenciando el progreso genético de muchas razas. Finalmente, no puede dejar de mencionarse la aplicación de estas tecnologías en el campo forense, en estudios de transcriptómica y epigenómica, en la producción de transgénicos y en la edición génica.

GMBioG 3

LOCALIZACIÓN DE QTLs PARA CARACTERES DE INTERÉS AGRONÓMICO EN UN MAPA GENÉTICO DE UNA POBLACIÓN F₂ DERIVADA DE UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Cabodevila V.G.¹, L.A. Picardi², C. Capel³, J. Capel³, R. Lozano³, G.R. Pratta¹. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario IICAR-UNR/ CONICET, Rosario, Argentina; ²CIUNR, Rosario, Argentina; ³Centro de Investigación en Biotecnología Agroalimentaria (BITAL), Universidad de Almería, Almería, España.
E-mail: victoria.cabodevila@unr.edu.ar

Se obtuvieron líneas endocriadas recombinantes (RIL) a partir de un cruzamiento entre un cultivar argentino (*Solanum lycopersicum* cv. Caimanta, C) y una especie silvestre (*S. pimpinellifolium* accesión LA722, P), y se obtuvieron Híbridos de Segundo Ciclo (HSC) cruzando estas RIL. El objetivo del trabajo fue localizar QTLs (*loci* de caracteres cuantitativos) en un mapa genético previamente obtenido con marcadores SNP (polimorfismo de nucleótido simple) desarrollados a partir de la secuenciación de los genomas de C y P. Las regiones candidatas de QTLs fueron identificadas utilizando el *software* QGene y se utilizó la técnica de mapeo por intervalo simple. Para determinar el LOD (logaritmo de probabilidades) umbral por carácter se utilizó un test de permutaciones (iteraciones: 1000; nivel de significancia: 0,05). Ochenta y seis individuos F₂ fueron caracterizados para fenotipos relacionados con la calidad de los frutos. Para el carácter diámetro del fruto se localizaron tres QTLs: uno en el grupo de ligamiento (GL) 1a (cromosoma (Cr) 1), otro en el GL 2b (Cr2) y otro en el GL 7a (Cr7). Para el carácter peso del fruto se localizó un QTL en el GL 2b (Cr2). Por último, para índice de forma del fruto se localizaron tres QTLs: uno en el GL 2b (Cr2), otro en el GL 6d (Cr6) y otro en el GL9b (Cr9). Los QTLs detectados no habían sido previamente descritos, por lo que se concluye que la aproximación utilizada ha sido efectiva en la medida en que se pudieron identificar nuevos QTLs que participan en la herencia de caracteres que confieren calidad al fruto.

GMBioG 4

DETECCIÓN DE HSES EN PROMOTORES SHSPS EN DOS GENOTIPOS PARENTALES DE UN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE TOMATE ARGENTINO

Arce D.P.^{1,3}, P. Cacchiarelli¹, E. Tapia², G.R. Pratta¹. ¹IICAR-CONICET, Zavalla, Argentina; ²CIFASIS-CONICET, Rosario, Argentina; ³Universidad Tecnológica Nacional-FRSN, San Nicolás, Argentina.
E-mail: arce@iicar-conicet.gob.ar

Una gran diversidad de poblaciones que presentan variancia genética para caracteres relacionados a la madurez de los frutos ha sido derivada del cruzamiento de tomate cv. Caimanta (C, *Solanum lycopersicum*) x LA0722 (P, *S. pimpinellifolium*), parentales cuyas secuencias genómicas se encuentran disponibles. Las *smallheat shock proteins* (sHSPs) constituyen una sub-familia génica cuya estructura y expresión durante la madurez están bien caracterizadas por estudios previos de este y otros grupos en el cv. Heinz (H, de origen extranjero). El objetivo fue analizar *in silico* en C y P, la arquitectura de las regiones regulatorias (promotores que se encuentran a 1000 pbupstream del sitio de inicio de la transcripción) de 9 genes de sHSPs duplicadas en tandem que se inducen durante la madurez en H. La metodología se basó en la utilización de matrices de probabilidades para detectar *Heat Shock Elements* (HSEs), sitios de unión para los factores de transcripción del tipo HSFs (*Heat Stress transcription Factors*) frecuentemente presentes en los promotores de HSPs. Se identificaron HSEs en la totalidad de los genes analizados excepto para dos sHSPs mitocondriales consideradas como pseudogenes en H. En C y P se detectó la presencia de HSEs diferenciales en el promotor de Solyc09g015000, ausente en H. Las diferencias encontradas indicarían una regulación diferencial de este miembro de la familia de las sHSPs. Estas diferencias podrían ser empleadas para desarrollar cebadores específicos que permitan detectar polimorfismos moleculares potencialmente asociadas a la madurez del tomate.

GMBioG 5

IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE UNA CEPA BACTERIANA ENDÓFITA AISLADA DE *Ilex paraguariensis* ST. HILL. CON PROPIEDADES DE PROMOCIÓN DEL CRECIMIENTO VEGETAL

Cortese I.J.^{1,2}, M.L. Castrillo^{1,2}, A.L. Onetto^{1,2}, F. Gortari^{1,2}, G.Y. Mallozzi¹, P.D. Zapata^{1,2}, M.E. Laczeski^{1,2}. ¹Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" - InBioMis, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²CONICET (Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas).
E-mail: cortesejulietta@gmail.com

Una alternativa prometedora para disminuir el uso de productos químicos y generar una agricultura sustentable es el empleo de productos biológicos que potencien el crecimiento de los cultivos y que actúen como recuperadores del suelo. Nuestro grupo de trabajo aisló una bacteria endófito de *Ilex paraguariensis* St. Hill. (yerba mate) con propiedades de promoción del crecimiento vegetal y con muy buenos resultados como biofertilizante en ensayos en vivero sobre yerba mate. El objetivo del presente trabajo fue identificar molecularmente esta cepa bacteriana. A partir de un cultivo en medio líquido incubado a 30 °C por 24 h, se extrajo ADN genómico. Para la identificación molecular se amplificó y secuenció la región 16S ADN mediante la utilización de los cebadores universales EUB9_27 y EUB1542. Una vez obtenida la región de interés, se generó una secuencia cóntigo consenso por medio del programa *Geneious* 3.6.1, y se procedió a contrastar la información obtenida con la existente en la base de datos del *National Center for Biotechnology Information* utilizando la herramienta Blast (*Basic Local Alignment Search Tool*). Se seleccionaron aquellas secuencias con mayor porcentaje de similitud y se analizaron por el método de *Neighbor Joining* utilizando el test de *Bootstrap* con 1000 réplicas mediante el *software* Mega 6.06. El análisis de identidad y similitud y la construcción de clados monofiléticos permitieron identificar a la cepa bacteriana endófito de *I. paraguariensis* St. Hill. con propiedades de promoción del crecimiento vegetal como *Bacillus circulans*.

GMBioG 6

REPORTE DE LA SECUENCIA CITOCROMO OXIDASA I PARA IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DEL INSECTO MODELO *Tenebrio molitor* EN EL LABORATORIO DE BIOCONTROL

Bich G.A.^{1,2}, M.L. Castrillo^{1,2}, E.L. Recalde¹, J.N. Soarez¹, C.N. Martínez¹, M.P. Barengo^{1,2}, N.S. Amerio^{1,2}, M.R.V. Silva^{1,2}, L.L. Villalba¹, P.D. Zapata^{1,2}. ¹Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María Ebe Reca" - InBioMis, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²CONICET (Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas).
E-mail: gustavobich@gmail.com

En la identificación de insectos adultos se utilizan claves morfológicas. Sin embargo, en la identificación de estadios inmaduros o larvarios es necesario recurrir a otras herramientas. La identificación molecular de insectos por secuencias de ácidos nucleicos surge como una herramienta complementaria, viable y precisa. La región sugerida como código de barras genético es la Citocromo Oxidasa I (COI). Sin embargo el número reportado de secuencias COI de insectos para Argentina es aún limitado. Se propuso extraer ADN del pie de cría del insecto modelo *Tenebrio molitor* y analizar su secuencia COI. Se extrajo, utilizando un protocolo estandarizado, ADN del pie de cría del insecto *T. Molitor* para analizar su secuencia COI. El ADN fue amplificado mediante los cebadores LCO y HCO. Estos amplicones fueron evaluados en geles de agarosa y enviados a secuenciar. Las secuencias obtenidas fueron analizadas bioinformáticamente y contrastadas en las bases de datos moleculares. Utilizando la metodología descrita se obtuvo una secuencia de buena calidad de 690 pb. La secuencia COI obtenida presentó un porcentaje de identidad mayor al 96% con secuencias depositadas de *T. molitor* de otros países. Además, presentó similaridad (<84%) con secuencias COI de otros insectos cercanos filogenéticamente. En consecuencia, las secuencias COI pueden ser utilizadas como código de barras genético para identificación de accesiones de *T. molitor*. La secuencia de este trabajo fue depositada en Genbank bajo en el número de acceso MH362800.

GMBioG 7

LA CEPA *Trichoderma koningiopsis* POS7 ES PORTADORA DE DIEZ GENES GLUCANOLÍTICOS IMPLICADOS EN EL BIOCONTROL DE HONGOS FITOPATÓGENOS

Soarez J.N.¹, M.L. Castrillo^{1,3}, G.A. Bich^{1,3}, M.C.N. Saparrat^{2,3}, P.D. Zapata^{1,3}, L.L. Villalba¹. ¹Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María EbeReca" - InBioMis, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Fisiología Vegetal-INFIVE, Centro Científico Tecnológico Conicet, La Plata, Argentina; ³CONICET (Centro Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas).
E-mail: julisoarez@gmail.com

Las β -1,3-glucanasas son enzimas involucradas en la despolimerización de componentes claves de la pared celular de los hongos fitopatógenos. La caracterización de las secuencias génicas que codifican para estas enzimas son herramientas prometedoras para el diseño de un eficaz biocontrol. Por tanto, se propuso analizar las secuencias estructurales y reguladoras de los genes que codifican para las enzimas endo- β -1,3-glucanasas y exo- β -1,3-glucanasas de la cepa *T. koningiopsis* POS7. Se generaron secuencias consensos a partir de secuencias génicas disponibles que codifican para el complejo enzimático β -1,3-glucanolítico, y se mapearon con los 88 *scaffolds* codificantes del aislamiento *T. koningiopsis* POS7 utilizando el *software* Geneious 9.1.5. Los *software* Clustal Omega e IGV fueron utilizados para analizar la región reguladora y estructural de los genes. Todo este procedimiento permitió determinar que el genoma de *T. koningiopsis* POS7 es portador de 5 genes que codifican para las enzimas endo- β -1,3-glucanasas y 5 genes que codifican para las enzimas exo- β -1,3-glucanasas. Se identificaron todas las regiones exónicas e intrónicas en la región estructural de cada gen, y en la región reguladora se identificaron las cajas TATA, CAAT y ATTG, un sitio de unión para las proteínas MYC1, MYC2 y MYC3 y varios elementos de respuestas como ser: GATA, CreI, AceI, XyrI, AbaA, STRE, PacC. *T. koningiopsis* POS7 es portadora en su genoma de 10 genes que codifican para las enzimas endo- β -1,3-glucanasas y exo- β -1,3-glucanasas implicadas en el biocontrol de hongos fitopatógenos.

GMBioG 8

ANÁLISIS *IN SILICO* DE GENES QUE CODIFICAN QUITINASAS IMPLICADAS EN EL MICOPARASITISMO DE *Trichoderma koningiopsis* POS7

Amerio N.S.^{1,3}, M.L. Castrillo^{1,3}, G.A. Bich^{1,3}, M.C.N. Saparrat^{2,3}, P.D. Zapata^{1,3}, L.L. Villalba¹. ¹Instituto de Biotecnología Misiones "Dra. María EbeReca" - InBioMis, Universidad Nacional de Misiones, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Fisiología Vegetal-INFIVE, Centro Científico Tecnológico Conicet, La Plata, Argentina; ³CONICET (Centro Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas).
E-mail: natymort@hotmail.com

Las enzimas quitinolíticas de *Trichoderma* son macromoléculas estables compatibles con el desarrollo de cocteles enzimáticos aplicables para el control de una amplia gama de hongos patógenos. Dependiendo del aislado de *Trichoderma* utilizado como fuente de producción enzimática, el sistema quitinolítico puede estar representado por 5 a 7 enzimas distintas. Para estudiar los mecanismos de inducción o represión de estas enzimas es necesario conocer las regiones estructurales y reguladoras de los genes que las codifican. Nuestro objetivo fue analizar *in silico* los genes que codifican las enzimas del sistema quitinolítico de la cepa *T. koningiopsis* POS7. A partir de su genoma secuenciado, se realizó el análisis utilizando el *software* bioinformático Geneios 9.1.5. Se logró anotar 7 genes quitinolíticos, 5 de ellos codifican para enzimas endoquitinasas (EC: 3.2.1.14) pertenecientes a la familia 18 de las glicosil hidrolasas (chit33, chit36, chit101, ech30 y ech42) y 2 codifican para exoquitinasas (EC 3.2.1.52) pertenecientes a la familia 20 de las glicosil hidrolasas (exc2 y nag1). En la región reguladora de cada uno de estos genes, se pudieron identificar secuencias reguladoras bien definidas, entre ellas: cajas TATA, CAAT, CAAT invertidas (ATTG), elementos de respuesta a la represión catabólica del carbono, a la represión de nitrógeno, al estrés fisiológico y sitios de unión putativos para proteínas con funciones reguladoras durante el parasitismo. El genoma de la cepa *T. koningiopsis* POS7 es portador de 7 genes que codifican enzimas involucradas en la degradación de quitina.

GMBioG 9

ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES DURANTE EL DESARROLLO DE SEMILLAS DE *Paspalum notatum* FLÜGGÉPozzi F.I.¹, C.A. Acuña², M.B. Depetris¹, C. Quarín², S.A. Felitti¹.¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina.

E-mail: sfelitti@unr.edu.ar

La especie *P. notatum* es utilizada como modelo en genética reproductiva vegetal debido a que presenta citotipos diploides de reproducción sexual y citotipos poliploides apomíticos y pseudógamos. La teoría del número de balance endospermico (NBE) establece que la relación de las contribuciones genómicas debe ser 2 materna: 1 paterna, para el normal desarrollo del endospermo. Sin embargo, las plantas apomíticas de *P. notatum* son NBE insensibles. Los objetivos del presente trabajo fueron: 1) Realizar cruzamientos entre diferentes genotipos a fin de generar semillas con distintos niveles de ploidía por las vías sexual y apomítica; 2) Realizar un análisis de la expresión génica diferencial 48 hs luego de ocurrida la polinización (LOP). Para ello, a partir del ARNm de 20 ovarios de cada cruzamiento, 48 hs LOP, se llevó a cabo el análisis de la expresión génica diferencial mediante la técnica cDNA-AFLP. Se determinó que la mayoría de los fragmentos derivados de transcritos de expresión diferencial (en inglés DETDFs) obtenidos, se encontraron en la categoría funcional Metabolismo (25%), seguida por Señalización (14%). Estos resultados son semejantes a los encontrados a las 3 hs y 24 hs LOP. El hecho de que el mayor porcentaje de DETDFs identificados pertenezcan a las categorías funcionales Metabolismo y Señalización, es consistente con lo esperado para el desarrollo temprano de la semilla en pastos y cereales, ya que los requerimientos energéticos aumentan, además de que las señales extracelulares estarían desencadenando respuestas que llevan o no a la generación de semillas.

GMBioG 10

APLICACIÓN DE LA BIOINFORMÁTICA Y LA BIOLOGÍA MOLECULAR EN LA IDENTIFICACIÓN DE FITOPATÓGENOSFernandez L.N.^{1,2}, M.A. Favaro², S. Paviotti³, R.L. Maumary², M. Sillon². ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina;²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina; ³Alumna adscripta de la Cátedra de Fitopatología, Facultad de Ciencias Agrarias - Universidad Nacional del Litoral.

E-mail: laurafernandez1@gmail.com

La identificación de fitopatógenos mediante taxonomía clásica es de reconocida importancia pero requiere de tiempo, experiencia y no siempre permite definir de manera certera el agente causal de una enfermedad. En el año 2016, productores del albardón costero santafecino tuvieron serios problemas de podredumbre seca en zanahorias del cv. Bolero. El objetivo de este trabajo fue identificar y caracterizar al agente causal de esta patología. Para ello, del tejido sintomático, se aislaron en Agar Papa Dextrosa (APD) 4 cepas de *Fusarium* spp. que se caracterizaron morfológicamente. Luego se extrajo el ADN para realizar identificación molecular mediante amplificación de las subregiones ITS y EF1- α . Los productos obtenidos se secuenciaron y compararon con los datos del NCBI. Las colonias logradas se diferenciaron por el aspecto del micelio y la tinción del APD. Así, lograron conformarse 2 grupos, siendo el primero de colonias color crema con micelio ralo y el segundo de colonias color púrpura y micelio sub-aéreo. Los conidios en ambos casos fueron alunados, hialinos y septados promediando 4,9 y 4,2 μ m de ancho y 28,4 y 25,6 μ m de largo, respectivamente. Estos datos no permitieron determinar especie, pero el análisis de las secuencias obtenidas para ITS y EF1- α arrojaron un 100% de identidad con *Fusarium solani* y *F. oxysporum*. Estos resultados demuestran que la bioinformática, las técnicas moleculares y las taxonómicas clásicas resultan complementarias para diagnosticar a nivel especie el agente causal de una patología, contribuyendo así al posterior desarrollo de estrategias de manejo especie-específicas.



BAG
Journal of Basic & Applied Genetics