

GV

**GENÉTICA
VEGETAL**



FORMACIÓN DE HÍBRIDOS B_{III} EN *Paspalum conjugatum* P. J. BERG. COMO MECANISMO DE VARIABILIDAD NEOPOLIPLOIDE

Eckers F.¹, J.R. Daviña², E.J. Martínez³, A.I. Honfi². ¹Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), nodo Posadas, Misiones, Argentina. ²Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), nodo Posadas, FCEQyN, Misiones, Argentina. ³Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina. faby_eckers@hotmail.com

Paspalum conjugatum es una gramínea pantropical multiploide con dos citotipos presentes en Argentina, uno tetraploide ($2n=4x=40$) de mayor distribución y otro neohexaploide ($2n=6x=60$). El objetivo del trabajo fue analizar el modo de reproducción de citotipos $4x$ y $6x$ de Misiones, Argentina. Se analizó la megasporogénesis y megagametogénesis mediante técnicas de cortes histológicos y coloración. Se midió el contenido relativo de ADN embrión: endospermo de las semillas por citometría de flujo y se empleó un test de progenie con marcadores de AFLP. Ambos citotipos presentaron una megasporogénesis irregular, con formación de díadas de megásporas $2n$. La megagametogénesis fue bipolar, con tres ciclos mitóticos sucesivos que desarrollan un saco embrionario diplospórico tipo *Taraxacum*, único en todos los óvulos. No se observó meiosis reduccional. La mayoría de las semillas presentaron un origen apomícticoseudógamo (embrión: endospermo 2:6) producto de fecundación con polen $2n$. El 90% de las semillas de los $4x$ y el 67% de los $6x$ resultaron de origen apomíctico. El 10% de las semillas $4x$ y el 33% de las $6x$ fueron híbridos B_{III} (embrión: endospermo 4:6). El 67% de la progenie $4x$ resultó de origen apomíctico (materno) y el 33% fue de origen sexual (variable); mientras que el 82% de la progenie $6x$ fue de origen apomíctico y el 18% sexual. Todas las progenies de origen sexual fueron híbridos BIII generados por fecundación de oóferas $2n$ de sacos diplospóricos. *P. conjugatum* es una especie apomíctica diplospórica con una alta formación de híbridos BIII y generación de neopoliploides.

EL SISTEMA GENÉTICO DE *Habranthus pedunculatus* HERB. (AMARYLLIDACEAE)

Gianini Aquino A.C.¹, A.I. Honfi¹, J.R. Daviña¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM), nodo Posadas, Misiones, Argentina. gianinianalia@gmail.com

Habranthus pedunculatus es una bulbosa ornamental nativa de Sudamérica sin antecedentes sobre su fertilidad y modo de reproducción. El objetivo de este trabajo es contribuir al estudio del sistema genético de esta especie a partir de conteos cromosómicos con tinción convencional, determinación del modo de reproducción mediante corte seriado y clarificado de ovario, análisis de contenido relativo de ADN en semillas mediante citometría de flujo para evaluar el origen de la progenie, estimación de la viabilidad del polen y germinación de polen *in vivo*, estudios de la producción de semillas en cruzamientos controlados y polinización abierta, y observación de la compatibilidad polen-pistilo. Las madres y todas las semillas estudiadas resultaron diploides. El saco embrionario es de origen meiótico, monospórico de tipo *Polygonum*. La relación 2:3 del contenido relativo de ADN (embrión: endosperma) en el 100% de las semillas analizadas indica que la ploidía del embrión es $2x$ y la del endospermo $3x$. La viabilidad de polen promedio es 78,98%, la germinación de polen *in vivo* es 75,4% y 76,66% en polinización abierta y autopolinización, respectivamente. La especie resultó auto-incompatible con detención del crecimiento del tubo polínico en el primer tercio del estilo. La producción de semillas es de 56,30 (+/-0,71) en polinización abierta y nula en cruzamientos controlados entre genotipos. Los resultados indican que es una especie sexual, diploide auto-incompatible, con endospermo triploide y moderadamente fértil.

DISTRIBUCIÓN DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE CARACTERES FOLIARES EN POBLACIONES DEL NEA Y NOA DE CEBIL COLORADO (*Anadenanthera colubrina* VAR. CEBIL)

Bruera C.R.¹, M.E. Barrandeguy², M.J. Pastorino³, M.V. García². ¹CONICET, Instituto de Biología Subtropical (IBS) Nodo Posadas, Misiones, Argentina. ²CONICET, Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones, IBS Nodo Posadas (UNaM-CONICET), Misiones, Argentina. ³CONICET, Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias de Bariloche (INTA-CONICET), Río Negro, Argentina.
camibruera@gmail.com

El cebil colorado es una especie forestal nativa con distribución disyunta en las provincias fitogeográficas Paranaense y Yungas en el Noreste y Noroeste argentino, respectivamente. Se realizó un análisis de la morfología de sus hojas bipinnadas para evaluar su variabilidad fenotípica. Se analizaron 148 individuos adultos (cinco hojas por individuo) muestreados en seis y ocho poblaciones de las regiones Paranaense y Yungas, respectivamente. Se midieron 12 caracteres morfológicos sobre cada hoja: Longitud del Pecíolo (LP), Longitud y Ancho de Foliolos Basales, Medios y Terminales (LFB, AFB, LFM, AFM, LFT y AFT, respectivamente), Distancia entre Pares de Foliolos Medios (DPFM), Relación entre Longitud y Ancho de Lámina (LL/AL), Número de pares de Foliolos (NPF), Número de Foliolulos en Foliolos Terminales (NFFT) y Área Foliar (AF). Se realizaron Análisis de Agrupamientos y de Componentes Principales que se complementaron con la prueba de Kruskal-Wallis. El 88,4% de la variabilidad total quedó explicada por los tres primeros componentes (el primer componente resumió el 64,3% de la varianza total y el segundo el 13,9%) y los caracteres LFB, LFM y LFT fueron los de mayor contribución, seguidos por NPF y LL/AL. Las poblaciones se agruparon según su origen geográfico. La prueba de Kruskal-Wallis indicó diferencias en las medias dentro de cada provincia. Candelaria (Paranaense) y Salta Sur (Yungas) presentaron los valores mayores para LL/AL y NFFT. En conjunto, las poblaciones de Yungas presentaron mayor continuidad en la distribución de la variabilidad fenotípica analizada.

VARIACIONES ARQUITECTURALES EN POBLACIONES DE *Nothofagus pumilio* ENSAYADAS A DISTINTAS ALTITUDES EN NORPATAGONIA

Soliani C.¹, M.J. Pastorino¹, J.G. Puntieri², A.S. Sergent¹, M. Stecconi³, C. Torres³, A. Aparicio¹. ¹IFAB (INTA-CONICET), Argentina. ²IRNAD (UNRN-CONICET), Argentina. ³INIBIOMA (UNCo-CONICET), Argentina.
soliani.carolina@inta.gob.ar

Nothofagus pumilio es una especie nativa del Bosque Andino-Patagónico que crece a lo largo de gradientes altitudinales. El objetivo del proyecto es conocer la variación fenotípica y genética en caracteres arquitecturales y de la madera, así como la respuesta a daños por ramoneo y otros factores físicos, en poblaciones de *N. pumilio* arbóreo. En 2014 se instaló un ensayo de procedencias y progenies en campo, en ambientes compatibles con tres escenarios de cambios térmicos: 1.200 msnm (hábitat actual de la especie), 800 y 400 msnm (proyección a ambientes más cálidos). En 2019 se relevaron variables morfométricas y del crecimiento jerárquico en cada planta (crecimiento libre). Los primeros análisis (modelos GxE) muestran variación significativa debido a los efectos principales de población y sitio de ensayo, para la longitud y diámetro basal del eje primario, el tamaño de los brotes anuales y el índice de jerarquía. En 2020 se aplicaron dos niveles de podas, simulando daños físicos esperables por cambios ambientales y/o de uso del bosque para evaluar las respuestas post-tratamiento. En las tres poblaciones, que se componen de ejemplares arbóreos, se evidencian diferencias en el desarrollo jerárquico de su arquitectura y en sus respuestas ante diferentes condiciones vinculadas con la altitud. Proyectamos que un análisis global de la variación genética (entre poblaciones) y la plasticidad fenotípica (entre sitios) nos permitirá pronosticar algunos impactos del cambio ambiental sobre la especie, así como delinear medidas de manejo adaptativo y proyectar medidas de mitigación.

CARACTERIZACIÓN DE UNA COLECCIÓN DE *Stevia rebaudiana* BERTONI EN TUCUMÁN

Budeguer, C.J.¹, E.L. Camadro², L.E. Erazzú³. ¹Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán. ²Unidad Integrada EEA “Domingo Pasquale” Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, CONICET, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. ³EEA INTA Famaillá, Tucumán, Argentina. carlosjbudeguer@gmail.com

Stevia rebaudiana Bertoni ($2n=2x=22$) (Asteraceae) es una especie herbácea, alógama, originaria de Paraguay, con reproducción sexual por semillas y asexual por estacas. Su valor económico se debe a glucósidos de esteviol que la industria alimenticia emplea como alternativa a los azúcares convencionales. A su vez se vislumbra como una alternativa productiva para pequeños y medianos agricultores. En 2013 se implantó en la EEA INTA Famaillá, Tucumán, una colección a campo formada por plantas provenientes de campos de productores y de la EEA INTA Cerro Azul, de la variedad “criolla”, de los orígenes: Tucumán (T), Jujuy (J), Misiones (M) y Formosa (F), para evaluar su comportamiento como potenciales materiales para la obtención de cultivares comerciales. En base a cinco descriptores cuantitativos y nueve cualitativos, en 2014 y 2015 se caracterizaron morfológicamente 20 plantas de T, 20 de J, 20 de M y 15 de F. Los datos obtenidos en ambos años, se sometieron a análisis estadístico multivariado, análisis de Procrustes Generalizados y Agrupamiento Jerárquico UPGMA. En los dos años se observó una baja discriminación entre plantas de Tucumán, Jujuy y Misiones, mientras que las plantas de Formosa se separaron distintivamente del resto, lo que estaría revelando un grupo genético diferente por su origen. Esta caracterización constituye una primera aproximación al conocimiento de la colección, que deberá complementarse mediante la caracterización genética con marcadores moleculares con el fin de determinar diferentes genotipos que forman el germoplasma de la colección.

AVANCES EN LA CITOGENÉTICA DE TRES ESPECIES DEL GÉNERO *Plectranthus* EN TUCUMÁN (ARGENTINA)

Budeguer C.J.¹, A.M. Nasif¹, A. Pastoriza¹, L.V. Martínez Pulido¹, B. Andrada Mansilla¹, M.I. Herrero¹. ¹Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina. carlosjbudeguer@gmail.com

El género *Plectranthus* L'Hér. (Familia Lamiaceae) posee alrededor de 300 especies, distribuidas en regiones cálidas y tropicales del mundo. Algunos representantes se destacan por los aceites esenciales presentes en hojas, tallos y brotes, de uso medicinal. Citogenéticamente, se reportó previamente un $x=8$ para el género. El objetivo de este trabajo es informar los avances citogenéticos de tres especies: *Plectranthus madagascariensis* (Pers.) Benth, con dos formas morfológicas marcadas: una de hoja chica y otra de hoja grande; *Plectranthus verticillatus* (L.f.) Druce y *Plectranthus barbatus* Andrews; su relación con grado de ploidía y forma de difusión. Se trabajó con colecciones de Tucumán, mantenidas por los autores de este trabajo. Para lograr las placas de mitosis y de meiosis se usaron meristemas radiculares y flores jóvenes, con técnicas convencionales. Los resultados determinaron para *P. verticillatus*, *P. barbatus* y *P. madagascariensis* forma hoja chica, un $2n=32$, mientras que *P. madagascariensis* forma hoja grande, un $2n=48$. El tamaño cromosómico es pequeño, variando de 1,5 a 2,5 μ . Considerando el número básico de $x=8$, *P. verticillatus*, *P. barbatus* y *P. madagascariensis* forma hoja chica son tetraploides, mientras que *P. madagascariensis* forma hoja grande, hexaploide. Las meiosis fueron irregulares en todos los casos, con escasa formación de semillas fértiles, por lo que se recurre a la multiplicación vegetativa para su propagación, asegurando así la provisión de material con uniformidad genética para su cultivo.

IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS RESPONSABLES DE LA PIGMENTACIÓN CON ANTOCIANOS EN ZANAHORIAS MORADAS

Carvajal S.¹, F. Bannoud², M. Mauricci², F. Perez³, S. Gómez Talquenca⁴, P.F. Cavagnaro⁵. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) EEA La Consulta, Mendoza, Argentina. ²INTA EEA La Consulta, Mendoza, Argentina. ³Instituto de Horticultura, Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Cuyo (UNCu), Mendoza, Argentina. ⁴INTA EEA Mendoza, Mendoza, Argentina. ⁵INTA EEA La Consulta-Instituto de Horticultura, FCA, UNCu – CONICET, Mendoza, Argentina.
sofi_cc22@hotmail.com

Las zanahorias moradas representan una fuente dietaria rica en antocianos antioxidantes. La producción y acumulación de estos pigmentos está condicionada por factores genéticos y ambientales, que aún se encuentran bajo estudio, dando lugar a una extensa variabilidad fenotípica para concentración y distribución tisular de dichos pigmentos en la raíz de zanahoria. Raíces con floema externo morado (FEM) y floema interno no morado (FINM) (naranja o amarillo), es uno de los patrones de pigmentación más frecuentemente observado en los cultivares comerciales. Con el objetivo de identificar genes involucrados en esta pigmentación tejido-específica en raíces de zanahorias moradas, se evaluó la expresión de 18 genes reguladores y estructurales de la biosíntesis de antocianos y genes relacionados al transporte intracelular de estos pigmentos en FEM y FINM de dos acervos genéticos diferentes, mediante análisis por RT-qPCR. Se observó sobreexpresión en 16 de los 18 genes analizados en FEM (respecto a FINM) en uno o los dos acervos genéticos evaluados. En su conjunto, los resultados sugieren que *DcMYB7* y *DcMYB113* serían genes claves para la regulación de la pigmentación tejido-específica en uno de los acervos, mientras que *DcMYB113* lo haría en el otro acervo genético. Estos resultados contribuyen al conocimiento de las bases genéticas que controlan la pigmentación con antocianos en raíces de zanahoria, y a futuro servirán para el desarrollo de cultivares con alto valor funcional.

DIVERSIDAD GENÉTICA PARA CONTENIDO DE ANTOCIANOS, CAROTENOIDES, FENOLES Y CAPACIDAD ANTIOXIDANTE EN ZANAHORIAS DE DIFERENTES COLORES.

Carvajal, S.¹, M. Mauricci², M.B. Pérez¹, F. Bannoud¹, F. Perez¹, P.F. Cavagnaro³. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ²Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina. ³CONICET – Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria EEA La Consulta – Instituto de Horticultura, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina.
sofi_cc22@hotmail.com

Existen variedades de zanahorias de distintos colores que acumulan en sus raíces antocianos (ANT), dando lugar a tonalidades moradas y diferentes pigmentos carotenoides, responsables de los colores naranja, amarillo y rojo. Estos pigmentos confieren, además del color de raíz, propiedades benéficas para la salud, siendo la capacidad antioxidante (CAOX) uno de los principales efectos nutraceuticos de esta hortaliza. Las zanahorias también acumulan en sus raíces otros compuestos fenólicos (CF) antioxidantes (diferentes a los ANT). A los fines del mejoramiento genético, es importante conocer la contribución relativa de estos fitoquímicos en la CAOX de zanahorias, para definir prioridades de selección en los caracteres implicados en la CAOX. En este trabajo se caracterizaron 28 genotipos de zanahoria de diferente color de raíz (incluidas zanahorias de raíz blanca sin acumulación de pigmentos) para contenido de ANT y carotenoides (por HPLC), CF (por espectrofotometría) y CAOX (por ABTS, DPPH, FRAP y ORAC) en dos años de cultivo, y se investigaron correlaciones entre el contenido de los fitoquímicos y la CAOX. Se encontró variabilidad significativa ($p < 0,05$) y substancial para todas las variables analizadas. Los valores más altos de CAOX se observaron en zanahorias moradas con alto contenido de ANT y CF, y los más bajos en zanahorias blancas. Estos resultados, sumados a valores altos de correlación ($r = 0,70 - 0,94$; $p < 0,001$) obtenidos entre el contenido de ANT y CF con la CAOX, sugieren que los antocianos y otros fenoles serían los principales aportantes a la CAOX de zanahorias.

DETECCIÓN DE REGIONES GENÓMICAS QUE CONTROLAN LA REGULARIDAD EXTERNA DE LOS FRUTOS DE TOMATE POR ANÁLISIS DE QTL-SEQ

Vazquez D.V.¹, V. Cambiaso¹, J.H. Pereira Da Costa¹, G.R. Rodríguez¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Instituto de Investigación en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Rosario, Argentina. vazquez@iicar-conicet.gob.ar

La apariencia externa y la uniformidad del fruto es un carácter de alto valor comercial en el tomate (*Solanum lycopersicum*). Se utilizó la metodología *QTL-seq*, en una población F₂ derivada del cruzamiento entre los cultivares “Yellow Stuffer” (YS) y “Heinz 1439” (H) para identificar *loci* de caracteres cuantitativos (*QTL*) asociados al grado de regularidad del fruto (GR). En 122 plantas de la F₂ YSxH se cosecharon y analizaron caracteres de forma de frutos (n=1.004). Se seleccionaron las 28 plantas con los valores más extremos de GR. Se extrajo el ADN de las plantas y se mezcló equimolarmente formando los dos grupos segregantes. El ADN de cada grupo se secuenció, y las lecturas cortas se alinearon al genoma de referencia de tomate. Se detectó el polimorfismo en cada grupo y éstos se compararon entre sí. Hubo 234.153 *SNP* o polimorfismos de punto único entre los grupos. Mediante análisis bioinformáticos se identificó una región asociada a GR en cromosoma 8, entre las posiciones 8,5 y 54,8 Mb que contenía cinco *QTL* putativos y 386 *SNP* polimórficos con un p-valor > 0,05. A través del desarrollo y caracterización molecular de la población F₂ completa, se construyó un mapa de ligamiento de 79,56 cM. Por análisis de intervalos simples se confirmó un *QTL* asociado al carácter GR en la región Centroamérica entre las posiciones 1,7 y 53,5 Mb, con un valor máximo de R²=0,17 y pF < 0,001 a los 22 cM. En conclusión, en el cromosoma 8 de tomate existen genes que codifican para la producción de frutos más regulares externamente, una característica buscada por los consumidores.