

GV

**GENÉTICA
VEGETAL**

**PLANT
GENETICS**

Especies Silvestres / Wild Species

GV 1

THE COMPLETE CHLOROPLAST GENOME OF THE EMBLEMATIC ENDEMIC AND ENDANGERED SPECIES GARRA DE LEÓN (*Bomarea ovallei* (Phil.) Ravenna) FROM CHILE

Contreras Díaz R.¹, L. Van Den Brink², M. Arias Aburto¹.
¹Vicerrectoría de Investigación, CRIDESAT, Universidad de Atacama, Chile; ²Department of Evolution and Ecology, Plant Ecology Group, Universität Tübingen, Germany. roberto.contreras@uda.cl

Bomarea ovallei (Alstroemeriaceae) is a rare, endemic and endangered species that inhabits in the coast of the Atacama Region. Some studies have explained its proximity to the genus *Bomarea* however genetic information to explain its phylogeny was is still lacking. In this study we describe the structure, gene composition and phylogeny of the complete chloroplast sequence of *B. ovallei*, and its comparison with species of the same Order, *Liliales*. The chloroplast genome consists of 155,018 bp, with a typical quadripartite structures: a large single copy (LSC, 84,132 bp), a small single copy (SSC, 17,794 bp), and two inverted repeats (IR, 26,546 bp). One hundred thirty four genes were identified: 84 coding genes, 8eight rRNA, 38 tRNA and 4 four pseudogenes. *B. ovallei* chloroplasts resemble chloroplasts from seven species of the order *Liliales* in length and structure, and is most similar to *B. edulis*. The average nucleotide variability (Pi) of 0.00254 between these two *Bomarea* species, indicates a moderate difference between these two genomes. Three hundred and ninety- three SNPs and 100 Indels were detected. Nine loci with increased variability diversity (Pi > 0.01000) were identified: *rps16-trnQ*, *atpF*, *trnL*, *ndhC-trnV*, *rbcL*, *psbJ*, *rpl32-trnL*, *ndhD* and *ycf1*. These loci with high variability could be used as DNA markers for classification and evaluation studies in *Bomarea* populations.

FIC BIP 40013338-0, Gobierno Regional de Atacama

GV 2

UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES DE USO CORRIENTE PARA EVALUAR LA DIVERSIDAD GENÉTICA CITOPLASMÁTICA DE PAPAS SILVESTRES DE TUCUMÁN

Leofanti G.A.¹, E.L. Camadro^{1,2}, L.E. Erazzú^{3,4}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata-EEA INTA "Domingo R. Pasquale", Balcarce, Argentina; ²CONICET, Argentina; ³Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina; ⁴EEA INTA Famaillá, Tucumán, Argentina. leofanti.gabriela@inta.gob.ar

Las papas silvestres constituyen un recurso genético valioso para ampliar la base genética de la papa común, *Solanum tuberosum* L. Los estudios genéticos en este grupo se han centrado en el genoma nuclear; de los pocos focalizados en el citoplasma, ninguno ha sido realizado en poblaciones naturales. Nuestro grupo ha caracterizado con marcadores moleculares nucleares una población natural de Amaicha del Valle, Tucumán. Para complementarlo, se inició la caracterización de la diversidad genética citoplasmática con marcadores moleculares utilizados en germoplasma diverso de papa. Se trabajó con dos poblaciones con fenotipos morfológicos variables: la previamente mencionada y otra ubicada a 600 m en un microambiente contrastante (10 plantas de c/u), seis plantas de otras papas silvestres (*S. commersonii*, *S. chacoense*, *S. microdontum*), y dos genotipos de papas cultivadas (*S. tuberosum* ssp. *tuberosum* y ssp. *andigena*) usadas como controles. El ADN total extraído se amplificó con cuatro marcadores cloroplásticos y uno mitocondrial, obteniéndose en geles de agarosa fragmentos amplificados en 11 plantas de las poblaciones y en al menos uno de los controles. En general se observó ausencia de fragmentos, pudiéndose sólo diferenciar el genotipo de *S. tuberosum* ssp. *tuberosum*, el que fue variable para el producto amplificado de un marcador cloroplástico. No se detectó diversidad genética en el plastoma dentro de poblaciones ni entre especies taxonómicas con la técnica estándar, por lo que se deberá profundizar el análisis con la comparación del peso molecular exacto de algunos fragmentos amplificados y la incorporación otros marcadores moleculares.

CONICET PIP 2012-2014 GI; UNMdP AGR 344/11

GV 3**GENETIC AND MORPHOLOGICAL VARIATION OF TWO WILD FORMS OF COMMON BEAN**

Wallander Compeán L¹, G. Alejandro Iturbide¹, N. Almaraz Abarca¹. ¹Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Durango, Biotecnología, Instituto Politécnico Nacional, México. lilywallcom@gmail.com

In Mexico there are many wild forms of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) that grow in very diverse natural environments. Studies on the genetic variation of wild beans in the State of Durango, its impact on evolution, and implications for the development of new varieties is a little addressed field that requires more research. Inverse Sequence Tagged Repeats (ISTR) is a molecular marker based on retrotransposons, using encoded reverse transcriptase sequences bounded by copia-like elements. ISTR has shown to be a worthy molecular tool to detect intrapopulation variability in economically important cultivars. In this study we performed the molecular characterization of two wild forms of common bean, using ISTR, in order to determine the significance of these markers to typify and discriminate among these wild forms and detect intrapopulation variability. Retrotransposon fragments were amplified using the following primer pairs F9/B6 (d5'[TTA CCT CCT CCA TCT CGT AG]3'/d3' [GGT TTC ACT TTG TCC TTA G]5'), and FI/B6 (d5'[GCA CTC CAC CAA GAA TAC C]3'/d3' [GGT TTC ACT TTG TCC TTA G]5'). Besides morphological differences of the wild forms evaluated, the primers used revealed a variable number of loci in the different wild forms. The study of the wild common beans is essential to know and conserve the allele pool of the species.

GV 4**ANÁLISIS DE QTL PARA LA DORMICIÓN DE SEMILLAS EN UNA POBLACIÓN DE LÍNEAS RECOMBINANTES DE *Paspalum* GRUPO DILATATA**

Glison N.¹, E. Monteverde¹, P. Speranza¹. ¹Facultad de Agronomía, Biología Vegetal, Universidad de la República, Uruguay. nigli@fagro.edu.uy

Una de las limitantes para la adopción productiva de gramíneas estivales perennes, como *Paspalum dilatatum*, es la emergencia poco uniforme y lenta, explicada en parte por la dormición de semillas. *P. dilatatum* es apomíctica ($2n=5x=50$), pero en el grupo Dilatata existen biotipos sexuales autógamos ($2n=4x=40$) altamente emparentados que pueden formar híbridos fértiles en diferentes combinaciones y mejorarse por métodos convencionales. En este trabajo, se realizó un análisis de QTL para la dormición usando una población de 147 líneas recombinantes F6 obtenidas a partir de un cruzamiento entre dos biotipos sexuales contrastantes para esta característica. Las semillas de plantas F6:7 de cada línea y de los parentales se cosecharon en dos momentos en un ensayo de campo con tres bloques completos aleatorizados. Se anotó la germinación parcial luego de 14 días a 15/25°C y la final tras siete días adicionales a 20/30°C. Se observó variabilidad y segregación transgresiva para las dos variables. La población fue genotipada por Genotipado por Secuenciación y se construyó un mapa genético con 1.068 marcadores SNP en 24 grupos de ligamiento. Se detectó un QTL de alto efecto para germinación parcial (LOD=14) y otro para germinación final (LOD=7) en diferentes grupos de ligamiento. La identificación de estos QTL muestra que en esta población existe más de un locus con efecto importante sobre la dormición, que la característica es altamente heredable y que la combinación de diferentes fuentes de germoplasma tetraploide tiene un alto potencial para establecer programas de mejoramiento convencional en *P. dilatatum*.

CSIC Grupos I+D “Desarrollo de herramientas genómicas para la domesticación de *Paspalum dilatatum*”

GV 5

DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA ESPECIE PROMISORIA *Vaccinium meridionale* Sw. EN LOCALIDADES DE LA CORDILLERA CENTRAL Y ORIENTAL DE COLOMBIA

Miranda Montero Y¹, F. Rondón González¹, L. Quintero Barrera², L.N. Garzón Gutiérrez¹. ¹Biología, Ciencias básicas, Universidad Industrial de Santander, Colombia; ²Sin afiliación. yuranismirandam@gmail.com

El agraz o mortiño (*Vaccinium meridionale* Sw.) es considerada una especie promisoriosa debido al alto contenido de antocianinas y flavonoides en su fruto, los cuales tienen propiedades nutraceuticas. En los últimos años se ha incrementado su demanda en Colombia y por lo tanto se realiza una extracción intensiva de los frutos a partir de plantas silvestres. Como consecuencia, se ha reportado el riesgo de erosión para esta especie en el país y sumado a esto, hasta el momento no se han realizado análisis que evalúen la diversidad genética de las poblaciones naturales, así como el grado de diferenciación genética entre ellas. De esta manera, el objetivo de la investigación es evaluar la diversidad genética de plantas silvestres de *V. meridionale* provenientes de los departamentos de Santander, Boyacá y Antioquia en Colombia, mediante marcadores moleculares tipo microsatélite, 13 desarrollados para *V. floribundum* y siete para *V. corymbosum*. Hasta el momento se ha realizado el muestreo de 100 plantas de agraz, distribuidas en 10 localidades en los departamentos de Santander y Boyacá ubicados en la cordillera oriental de Colombia. Se está estandarizando un protocolo para la extracción de ADN genómico y se ha logrado la correcta amplificación de 18 SSR empleando diferentes modificaciones en las condiciones del PCR (por ejemplo, gradiente de temperatura, concentración de cebadores). Con estos marcadores se espera determinar el polimorfismo genético y con ello evaluar frecuencias alélicas, número de alelos, heterocigosidad y parámetros relacionados con la estructura poblacional de *V. meridionale*.

Bio-Reto XXI-15:50 Desarrollo de bioproductos para los sectores salud, agropecuario y cosmético, como resultado del estudio de la biodiversidad colombiana

GV 6

RESTAURACIÓN CON *Amburana cearensis* EN LA ARGENTINA: PUESTA A PUNTO DE TÉCNICAS MOLECULARES PARA SU IMPLEMENTACIÓN

Soldati M. C.¹, I.J. Simon², E. Balducci³. ¹IRB, CIRN, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina; ²Instituto de Biotecnología, UNAHUR, Argentina; ³EEA Yuto, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina. soldati.maria@inta.gob.ar

El roble criollo (*Amburana cearensis*) es una especie de alto valor forestal, que se distribuye principalmente en la Selva Pedemontana de las Yungas de Argentina (Salta y Jujuy). La excelente calidad de su madera ha generado un aprovechamiento desmedido de la especie, lo cual ha provocado que sea categorizada como especie en peligro por la UICN. La provincia de Jujuy ha prohibido su aprovechamiento forestal mediante el decreto 676/72, sin embargo, en la provincia de Salta, su extracción sigue siendo permitida. En este contexto, evaluar la diversidad genética de *A. cearensis* en las Yungas se presenta como una herramienta esencial para poder diseñar estrategias de restauración y reintroducción para la especie. En este trabajo se pusieron a punto una estrategia de extracción de ADN para la especie y los protocolos para la amplificación de cuatro SSR desarrollados para *A. cearensis*. Para extraer ADN se optó por modificar el protocolo con CTAB de Hoisington, centrifugando a 13.000 rpm y tratando con ARNasa una vez re-suspendido en buffer TE1X. Al mismo tiempo, se modificaron las concentraciones de Acetato de Sodio y Etanol para lograr la precipitación. Se obtuvo ADN de calidad, apto para los ensayos con marcadores. Al mismo tiempo se evaluó material vegetal de 15 individuos de la especie, modificando las condiciones de PCR para los SSR respecto de las originales. Las temperaturas de *annealing* se establecieron en un rango de 54° C-58° C y las concentraciones de MgCl₂ en un rango de 1,5mM-2mM, lográndose una amplificación exitosa en los marcadores evaluados.

PEI113 Abordaje integral para la conservación, mejoramiento y rescate de especies amenazadas de importancia para el SAAA en diferentes ambientes

Especies cultivadas – Dicotiledóneas / Crop Species – Dicotyledons

GV 7

EXPRESSION ANALYSIS OF SOD AND GST BY THE INFLUENCE OF ENDOPHYTIC BACTERIA (*Pseudomonas* GENUS) ON ANTIOXIDANT ACTION IN *Piper nigrum*

Azevedo Dos Santos Pinheiro J.¹, A.C. De Jesus Alves², C.R. Batista De Souza³, S. Pinho Dos Reis⁴. ¹Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brasil; ²Instituto Evandro Chagas – IEC (Ministério da Saúde), Pará, Brasil; ³Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pará, Belém, Pará, Brasil; ⁴Universidade do Estado do Pará, Marabá, Pará, Brasil. jhully.as@hotmail.com

Piper nigrum, an important species of the *Piper* genus, popularly known as black pepper, produces compounds with different properties, as antioxidants, which benefit plants neutralizing the reactive oxygen species (ROS) action. These compounds can be enzymatic antioxidants, as Superoxide Dismutase (SOD) and Glutathione S-transferase (GST) enzymes, synthesized by genes with the same name, respectively. Studies suggest that the association of plants with endophytic bacteria can enhance the coding mechanisms to prevent the harm related to ROS. Thus, this study aimed to analyze the occurrence of expression variation of SOD and GST genes in black pepper by association with *Pseudomonas*. For this, nine samples of *P. nigrum* were divided into three groups: the first group (control) was composed by three pepper cultivars not inoculated with endophytic bacteria; the other two groups were composed by three cultivars of *P. nigrum* each, inoculated with one bacterial species of *Pseudomonas* per group (named as Pt12 and Pt13). RNA extraction was performed, followed by reverse transcription, polymerase chain reaction (PCR) amplification of SOD and GST genes, electrophoresis and finally, band analysis. From this approach it was demonstrated that plants inoculated with *Pseudomonas* showed a greater root growth and increased SOD and GST expression when compared to control. Therefore, it is suggested that the endophytic bacteria may affect the upregulation of SOD and GST genes and consequently its antioxidant action, contributing to *P. nigrum* protection. This study provided relevant results on relations between plants and endophytic bacteria and can be further exploited enough.

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES

GV 8

ACCIONES GÉNICAS QUE RIGEN CARACTERES DE FRUTO EN HÍBRIDOS ENTRE LÍNEAS CASI ISOGÉNICAS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum*) CON INTROGRESIONES SILVESTRES

Brulé F., M. Di Giacomo¹, V. Cambiaso², G. Rodríguez^{1,2}, L.A. Picardi², J. Pereira Da Costa^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina. brule@iicar-conicet.gov.ar

El germoplasma silvestre puede utilizarse para mejorar la calidad de fruto del tomate, así como la vida poscosecha (VP). Se utilizaron cuatro líneas casi isogénicas (NIL: N069, N034, N320 y N327), con alta VP, que fueron obtenidas por el cruzamiento entre el cultivar “Caimanta” de *Solanum lycopersicum* y la accesión LA0722 de la especie silvestre *S. pimpinellifolium*, y sus seis híbridos, para evaluar las acciones génicas aportadas por las regiones silvestres introgresadas. Se sembraron cinco plantas de cada NIL y diez de cada híbrido. En seis frutos por planta (N=480) se evaluó VP (días desde la cosecha hasta el deterioro o ablandamiento), peso (P) y color (a/b). Se compararon las medias entre genotipos por ANOVA, seguido por la prueba de Tukey. Las medias entre cada híbrido y sus progenitores fueron comparadas por la prueba *t* y se estimaron las acciones génicas. Se encontraron diferencias significativas ($p < 0,01$) para todos los caracteres. N320, N069 y su híbrido mostraron los valores más altos de VP (49, 56 y 86 días, respectivamente), siendo todos de color amarillo (valores negativos de a/b). Dominancia completa hacia el parental de menor valor fue la acción génica predominante para VP (83% de casos). Para P, la acción génica predominante fue dominancia parcial (67% de casos), seguida por dominancia completa (17% de casos). Para a/b, las acciones génicas fueron aditividad y dominancia completa en iguales proporciones. Estos resultados sugieren que las introgresiones silvestres sobre cultivar el Caimanta pueden presentar distintas acciones génicas para VP, P y a/b.

PID UNR 80020180100119UR; IO2018-00035
Res159/19, ASaCTeI

GV 9

VARIABILIDAD GENÉTICA PARA LA MORFOLOGÍA DE LOS FRUTOS EN FAMILIAS DE RETROCRUZAS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)

Godoy F.N.I.¹, D.V. Vazquez¹, J.I. Ingaramo², V. Cambiaso², J.H. Pereira Da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias - UNR, Argentina; ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina. godoy@iicar-conicet.gov.ar

En el tomate (*Solanum lycopersicum* L.) existen otros loci asociados a morfología de fruto además de los genes identificados *SUN*, *OVATE*, *FAS*, *LC* y *SOV1*. El objetivo del trabajo fue caracterizar morfológicamente y estudiar la variabilidad genética presente en familias de retrocruzadas de tomate. Se emplearon seis familias F_3 - BC_1 - S_2 (20P34 a 20P39) derivadas del cruzamiento entre el cultivar Río Grande y la accesión silvestre LA1589, en las cuales no segregan los genes conocidos. Los frutos (N=733) fueron pesados, cortados longitudinalmente y escaneados. Con el programa *Tomato Analyzer 3.0* se midieron los caracteres perímetro, área, ancho y alto máximo, índice de forma, bloqueo proximal y distal, ángulo proximal y distal, forma triangular, ovoide y obovoide y asimetría vertical. Para cada carácter se calcularon media y desvío estándar por familia, se probó la distribución normal (Shapiro Wilk) y se compararon sus medias. Para los caracteres con distribución normal se calculó el Grado de Determinación Genética (GDG). Finalmente se determinó el coeficiente de correlación fenotípica (Spearman) entre variables. Todos los caracteres presentaron distribución normal, excepto el peso, área, forma ovoide y obovoide y asimetría vertical. Se encontraron diferencias significativas entre las medias de las familias para todos los caracteres. Las familias 20P34, 20P36 y 20P38 presentaron valores medios y altos (>0,3) de GDG. Se encontraron correlaciones significativas para todos los caracteres, excepto para bloqueo proximal y asimetría vertical. Se concluye que las familias 20P34, 20P36 y 20P38 presentan variabilidad genética y son útiles para realizar estudios genéticos de morfología de fruto de tomate.

FONCYT PICT 2018-00824.

GV 10

VISUALIZACIÓN DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN GRÁFICOS BIPLOTS DESDE ENSAYOS MULTIAMBIENTALES CON DATOS INCOMPLETOS

Bruno C.^{1,2}, M. Balzarini^{1,2}. ¹Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina; ²Grupo de Estadística Vinculado, UFRMA-CONICET, Argentina. cebruno@agro.unc.edu.ar

Los modelos de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa AMMI y SREG son usados para explorar la interacción genotipo×ambiente (GE) en ensayos multiambientales comparativos de genotipos. Usualmente son aplicados en contextos donde todos los genotipos son evaluados en todos los ambientes (datos completos) y la GE se explora vía análisis *biplot*. Cuando GE se trata como efecto aleatorio con estructura de varianza covarianza FA (del inglés *factor analytic*), los parámetros de covarianza se relacionan con los *scores* de genotipo (G) y ambiente (E) que describen la interacción en los AMMI y SREG. Sin embargo, la visualización de los efectos GE no necesariamente es la obtenida en *biplot* AMMI o SREG bajo datos completos. El objetivo de este trabajo fue comparar representaciones gráficas alternativas de la interacción GE en gráficos de dimensión reducida tipo *biplot* obtenidos desde distintos modelos en contexto de datos completos e incompletos. Se compararon *biplots* obtenidos desde modelos FA para la interacción GE bajo efecto fijos y bajo efectos aleatorios, usando Proc Mixed SAS y ASREML de R. Los *biplots* bajo la aproximación de efectos fijos y de efectos aleatorios GE del tipo FA con E aleatorio mostraron patrones de interacción similares. Una ventaja importante de la obtención del *biplot* de interacción bajo el modelo mixto es la factibilidad de estimación en contextos de datos incompletos.

PIP 2015; FONCYT PICT 2018 -03321

GV 11

STUDY OF THE GENETIC DIVERSITY OF THE GENUS *Citrus* BY MORPHOAGRONOMIC, PHYSICOCHEMICAL AND CHEMOTYPIC CHARACTERIZATION

Gonçalves Soares I.F.¹, F. Cruz Paula¹, P. De Oliveira Barbosa², S. Wellita Simão De Carvalho¹, M. Silva Sousa¹, J. Dias De Souza Neto³, M. Moreira Moulin¹, A.P. Candido Gabriel Berilli¹.
¹Laboratory of Genetics and Molecular Biology (LGBM), Federal Institute of Espírito Santo - Campus de Alegre (IFES), Brazil; ²Biochemistry and Molecular Biology (BqMol), Federal University of Espírito Santo (UFES), Brazil; ³Department of Genetics, Bioscience Institute, Federal University of Rio Grande do Sul (UFRGS), Brazil. filipeisraelgoncalves@gmail.com

The genus *Citrus* belongs to the Rutaceae family and is considered a very relevant agribusiness for both large Brazilian industries and family farming. Thus, we aim to estimate the genetic dissimilarity in ten cultivars from the IFES germplasm collection - Campus de Alegre - ES - Brazil, by morphoagronomic, physicochemical and chemical traits. For that, we characterized, in the fruiting period, six plants per cultivar for 50 variables. Statistical data were performed using the heatmap R software package. The Heatmap dendrogram generated three groups: A, composed of the cultivars 'Limão Taiti' and 'Limão Branco'; B, formed by 'Laranja Bahia'; and the group C, structured by the cultivars 'Laranja Pera mel', 'Laranja Seleta Sanguínea', 'Tangerina Ponkan', 'Laranja Natal Folha Murcha', 'Laranja Lima', 'Laranja Seleta Comum' and 'Laranja Pera Rio'. Group C showed cultivars with low pH, being 'Laranja Lima' cultivars the ones with the lowest pH value, indicating lower acidity compared to the others. In contrast, group B had the highest value of hydrogenated sesquiterpenes. Group A had a low refractive index. Thus, the use of these traits allowed the grouping and identification of representative characteristics of each group for future research on breeding and evolution of species of the Rutaceae family.

GV 12

EVALUACIÓN DE CARACTERES DE INTERÉS ORNAMENTAL EN EL COMPLEJO *Turnera sidoides* PARA SU USO EN FLORICULTURA

Solís C.J.¹, I.E. Kovalsky², V.G. Solís Neffa^{1,2}. ¹UNNE-CONICET, Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura (FACENA), Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Argentina. evelinkov@yahoo.com.ar

Los pastizales templados de Argentina, Uruguay y sur de Brasil albergan una gran diversidad florística, incluyendo especies con alto potencial ornamental, entre ellas el complejo autoploiploide ($x=7$) *Turnera sidoides* L. (Passifloraceae, Turneroideae). Sin embargo, aún no se ha evaluado la aptitud de esta especie para su uso en floricultura. Para tal fin, en este trabajo se analizó la variabilidad de caracteres de interés ornamental existente en poblaciones naturales (diploides y poliploides) representativas de las cinco subespecies y 10 morfotipos del complejo. Los resultados obtenidos mostraron que *T. sidoides* presenta una gran variación en el porte de las plantas (erectas o decumbentes), la forma de las hojas (elípticas u obovadas), el grado de incisión de la lámina foliar (desde enteras a pinnatisectas), el color del follaje (desde verde oscuro a glauco), el indumento foliar (glabras o con indumento lanoso-seríceo) y el color de las flores (desde el amarillo-anaranjado hasta el rojizo, pasando por el salmón y el rosado), así como la presencia/ausencia de una mácula basal en los pétalos con distintos tonos de morado. La variación morfológica detectada en este trabajo sumado a resultados previos que mostraron que en *T. sidoides* es posible generar poliploides (espontáneos o artificiales) e híbridos inter-subespecíficos, así como su capacidad de multiplicación agámica, evidencian que esta especie es particularmente interesante para su domesticación como ornamental. Todos estos resultados contribuirán a la incorporación de *T. sidoides* en un plan de selección y mejoramiento para el desarrollo de plantas ornamentales para cultivo en maceta.

FONCYT PICT-2017-1232

GV 13

VALIDACIÓN DE GENES DE REFERENCIA A PARTIR DE UNA POBLACIÓN DE PLANTAS DE ARÁNDANO (*Vaccinium corymbosum*) REGENERADAS EN COLCHICINA

Valenzuela Salgado F.¹, A. Arencibia Rodríguez², V. D'Afonseca Ferreira³. ¹Escuela de Ingeniería en Biotecnología, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Chile; ²Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Católica del Maule, Chile; ³Centro de Investigación de Estudios Avanzados del Maule (CIEAM), Universidad Católica del Maule, Chile. franci.valenzuela@hotmail.com

El arándano (*Vaccinium corymbosum*) es un fruto producido principalmente para la exportación, siendo Chile uno de los mayores exportadores. Para la generación de un mayor crecimiento y el aumento en la producción de biomasa de los frutos exportados, se han desarrollado metodologías de mejoramiento genético como la generación de poliploides *in vitro* mediante el uso de compuestos como la colchicina. Ese compuesto es un agente inhibidor eficaz de la mitosis que eventualmente puede generar plantas poliploides. Sin embargo, sus efectos a nivel genómico son difíciles de prever. Para evaluar el cambio en el contenido genómico de las plantas tratadas fueron realizados ensayos de expresión génica. En el presente trabajo, se generaron *in vitro* plantas poliploides mediante diferentes periodos de exposición a colchicina. Para evaluar los efectos de la colchicina en genes constitutivos para posterior uso como genes de referencia, fueron diseñados partidores para los genes *GAPDH*, *ATP1*, *NADH*, *RPOB* y *COX2* y fueron evaluadas sus expresiones en ensayos de RT-qPCR. La expresión absoluta y relativa de las muestras no presentó diferencias estadísticas significativas entre los tratamientos con colchicina y el control. Sin embargo, una discreta tendencia a super-expresión fue observada. Los genes *GAPDH*, *ATP1*, *NADH* y *COX2* presentaron sus expresiones muy estables en este conjunto de muestras. Finalmente, los genes evaluados en estudios de expresión génica mediante la técnica de qPCR se destacaron por su eficiencia y especificidad al momento de ser estandarizados y pueden ser ocupados como genes de referencia para plantas del género *Vaccinium*.

Proyecto FIC

GV 14

RNA-SEQ ANALYSIS OF *Salicornia neei* REVEALS AMMONIUM DETOXIFICATION SYSTEM

Díaz Silva M.R.¹, J. Maldonado², N. Delgado¹, P. Veloso¹, H. Silva², J.A. Gallardo¹. ¹Escuela de Ciencias del Mar, Pontificia Universidad Católica de Valparaíso, Chile; ²Laboratorio de Genómica Funcional y Bioinformática, Facultad de Ciencias Agronómicas, Universidad de Chile, Chile. monica.diaz@pucv.cl

Salicornia neei is a halophyte plant that has been proposed for phytoremediation of saline wastewater generated by land-based aquaculture, which usually contains elevated concentrations of ammonium resulting from protein metabolism. To identify the molecular mechanisms related to ammonium response we analyzed the transcriptome of *S. neei* in response to growth in saline water containing 3 mM ammonium. A total of 45,327 genes were annotated, which represents 51.2% of the contig predicted from *de novo* assembly. Nine thousand one hundred and forty genes were differentially expressed in response to ammonium in saline water, but only 7,396 could be annotated against functional databases. According to the GO and KEGG databases, the upregulated genes were associated with processes related to cellular anatomical entity, cellular process, and metabolic process, including biological pathways related to thiamine and purine metabolism and the biosynthesis of antibiotics. A set of 72 genes were directly involved in ammonium metabolism, including *glutamine synthetase 1 (GLN1)*, *glutamate synthase 1 (GLT1)*, and *ferredoxin-dependent glutamate synthase chloroplastic (Fd-GOGAT)*. Our results support the hypothesis that an ammonium detoxification system mediated by glutamine and glutamate synthase was activated in *S. neei* when exposed to ammonium and saline water. The present transcriptome profiling could be useful for investigating the response of halophyte plants to saline wastewater from land-based aquaculture.

Gob. Reg. de Valparaíso, Chile, FIC BIP 30154272; DGIP, UTFSM (doctoral fellowship)

Especies cultivadas – Monocotiledóneas / Crop Species – Monocotyledoneae

GV 15

DETERMINACIÓN DE LA VARIABILIDAD Y LA HEREDABILIDAD DE CARACTERES MORFOLÓGICOS FLORALES DE POBLACIONES SEGREGANTES DE CEBOLLA

Noguera Serrano S.P., R. Paz^{1,2}, C. Galmarini^{2,3,4}, Centro de Investigaciones de la Geósfera y Biósfera (CIGEOBIO-CONICET - UNSJ), Facultad de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, Universidad Nacional de San Juan, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ³Centro Regional Mendoza-San Juan, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Argentina. paola.noguera.fi@gmail.com

La cebolla, *Allium cepa*, es una hortaliza de gran importancia económica en el mundo y en nuestro país. La producción de semillas de cebolla depende de la presencia de insectos polinizadores debido a que es una especie alógama. Los caracteres florales repercuten en la atracción de los polinizadores con lo que estudios fenotípicos y genotípicos de estos caracteres podrían ser de interés para programas de mejoramiento genéticos del cultivo. El objetivo de este trabajo fue determinar la variabilidad y heredabilidad en las características morfológicas de las flores de cebolla de poblaciones segregantes. Para ello, se emplearon dos poblaciones derivadas del cruzamiento de dos líneas androestériles con un cultivar de cebolla de polinización abierta. Se utilizaron 150 semillas por filial 2 (F_2), empleando el método semilla-semilla. Además, se auto polinizaron umbelas F_2 para obtener semillas de filial 3 (F_3). En cada cruzamiento se seleccionaron 150 plantas de las cuales se tomaron cinco flores por planta. Las flores se fijaron en una solución de formol-ácido acético-alcohol. Para cada flor, se midieron 15 caracteres florales. Se estimaron el grado de determinación genética, la correlación fenotípica y la heredabilidad. Se obtuvieron valores de heredabilidad superiores a 0,6 para el largo de los tépalos y ovario y correlaciones fenotípicas de 0,4-0,8. Los resultados obtenidos se correlacionaron con la F_3 . Los datos generados en este trabajo permitirán formular estrategias de mejoramiento apropiadas para los caracteres estudiados. Hasta el momento no se han reportado estudios específicos sobre la temática, siendo este trabajo la base de estudios futuros.

PDTUNSJ 2020-2021; PUECONICET 22920160100038CO

GV 16

SEGREGACIÓN DE LA RESISTENCIA A *Peronospora destructor* EN CEBOLLA

Arias Pandolfo M.¹, G. Galván¹, N. Curbelo¹, P. González Rabelino², E. Vicente³, G. Giménez³. ¹Facultad de Agronomía - Centro Regional Sur (CRS), Departamento de Producción Vegetal, Universidad de la República, Uruguay; ²Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay; ³Horticultura, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. mariana.arias@fagro.edu.uy

El mildiú de la cebolla causado por *Peronospora destructor* es una enfermedad destructiva y de difícil control. La resistencia genética es una forma de control económica y ambientalmente amigable. El objetivo de este trabajo fue analizar la segregación de la resistencia en seis progenies de cruzamientos entre cultivares de Uruguay y la variedad "Regia" de origen brasileño, la cual ha presentado un alto nivel de resistencia parcial. Se evaluaron las progenies F_1S_1 . La segregación de la severidad fue sesgada hacia susceptibilidad con segregación transgresiva, salvo en un único cruzamiento en el que "Regia" fue dador de polen. En el cruzamiento en el que "Regia" fue dador de polen la segregación fue hacia la resistencia. La herencia recesiva podría estar asociada a mecanismos de pérdida de susceptibilidad. En otro ensayo, se evaluaron líneas avanzadas F_1S_2 "Regia" x "Pantanos del Sauce" en dos momentos en severidad, diferencias cuantitativas histopatológicas y características agronómicas. Las líneas F_1S_2 , que habían tenido un proceso de selección, fueron intermedias entre los padres para la severidad y para la proporción de estomas sanos e infectados. La correlación entre la severidad y la proporción de estomas sanos fue de -0,73 y entre severidad y estomas esporulados fue de 0,57. "Regia" presentó la menor severidad y el mayor porcentaje de estomas sanos. Algunas líneas F_1S_2 con resistencia parcial no se diferenciaron de los cultivares control en el rendimiento, la calidad de los bulbos y la conservación poscosecha, y podrían generar un cultivar resistente en comparación con los cultivares actualmente utilizados.

ANII (beca de maestría)

GV 17

DIVERSIDAD GENÉTICA DE UN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE AVENA (*Avena sativa* L.) EVALUADA CON MARCADORES DE MICROSATÉLITES

Pavez V.¹, S. Núñez¹, M.H. Castro¹, M. Meneses¹, M. Mathias², P. Hinrichsen¹. ¹INIA La Platina, Santiago, Chile; ² INIA Carillanca, Vilcún, Chile. phinrichsen@inia.cl

Avena sativa L. es una planta anual herbácea alohexaploide ($2n=6x=42$) con un alto valor nutritivo. Su cultivo se adapta mejor a climas frescos y húmedos, propios de los extremos de ambos hemisferios del planeta, como el sur de Chile. A pesar de su calidad nutricional, su composición proteica incluye prolaminas o aveninas, las que contienen secuencias aminoacídicas potencialmente tóxicas para celíacos. En Chile, el INIA cuenta con un programa de mejoramiento genético (PMG) de avena que ha liberado variedades muy exitosas. Sin embargo, se sabe poco de su base genética. En consecuencia, el objetivo de este trabajo fue analizar la diversidad genética de este PMG, considerando 132 genotipos que incluye variedades y líneas de *A. sativa*. A partir de un conjunto de 200 marcadores de tipo microsatélite (SSR) previamente descritos, se evaluaron 38 y se seleccionaron 12 por su informatividad en esta población. Estos SSRs presentaron entre dos y seis alelos, y un contenido de información polimórfica (PIC) entre 0,52 y 0,75. Con estos datos se elaboró un dendrograma (UPGMA), identificando grupos de genotipos que coincidieron parcialmente con el origen geográfico de los genotipos, o las familias de cruzamientos. Por otra parte, los resultados sugieren que el germoplasma de este PMG de avena presenta una baja diversidad genética, lo que podría ser una característica de la especie. La información obtenida constituye una herramienta valiosa para el PMG de avena de INIA, permitiendo a futuro elegir progenitores de acuerdo con su nivel de similitud genética.

Programa Núcleo-INIA, proyecto 502957-70

GV 18

REGIONES GENÓMICAS RELACIONADAS CON LA TOLERANCIA A TEMPERATURAS SUB-ÓPTIMAS DURANTE LAS PRIMERAS ETAPAS DEL DESARROLLO DEL MAÍZ

Mroginski E.^{1,2}, G. Eyherabide². ¹Mejoramiento de Maíz, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - EEA Pergamino, Argentina; ²ECANA, UNNOBA, Argentina. erikamroginski@gmail.com

Durante el proceso de germinación en el campo, las semillas están sujetas a una variedad de estreses ambientales que conducen a emergencia lenta y errática afectando el establecimiento del cultivo. Entre estos se encuentra el estrés por bajas temperaturas (5-15° C). Con el objeto de caracterizar la naturaleza genética de la tolerancia al frío durante la germinación y crecimiento heterotrófico del maíz a bajas temperaturas, se realizó un análisis de QTLs en una población F₂, derivada del cruzamiento entre dos líneas endocriadas de comportamiento germinativo contrastante. Se genotipificaron 202 plantas F₂ con marcadores microsatélites. Las familias F₂:4 fueron evaluadas en tres experimentos: a) “Germinación” (25 semillas por genotipo puestas a germinar sobre papel humedecido, en oscuridad a 8° C, seguido de aumento gradual de la temperatura cada 7 días a 9° C, 10° C, 13° C y 14° C); b) “Imbibición” (las semillas fueron embebidas durante 15 días a 5° C y luego continuaron el proceso germinativo a 24° C); y c) “Emergencia en el campo” (siembra bajo condiciones de temperaturas sub-óptimas). Mediante el mapeo de QTL por intervalo simple se encontraron asociaciones significativas entre varios marcadores y variables evaluadas, destacándose QTL_1LP, para longitud de plántulas, QTL4_PP para peso de las plántulas en el campo y QTL5_IG para Índice germinativo, en los cromosomas 1, 4 y 5, y explicando el 17,5; 15 y 12,2% de la variación observada, respectivamente. Estos son los primeros informes sobre mapeo de QTLs para tolerancia al frío en germoplasma argentino de maíz. La información generada será de utilidad para programas de mejoramiento que se desarrollan actualmente.