

GV

**GENÉTICA
VEGETAL**

**PLANT
GENETICS**

GV 1

PARTICIPACIÓN DEL ANTIPTER NA⁺/H⁺ NHX1 DE *Lotus tenuis* EN LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD DE *Arabidopsis thaliana*

Aguilá J.¹, M.A. Affinito¹, M.A. Maciel^{2,3}, M.L. Roldán⁴, I. Varela¹, A.H. Díaz Paleo⁴, F. Salgado⁵, L.P. Galván⁵, A. Andrés^{1,5}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas (UNaM-CONICET), Posadas, Misiones, Argentina; ³Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA), CONICET-UNNOBA-UNSAa, Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ⁴EEA INTA Pergamino, Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ⁵Universidad Nacional de San Antonio de Areco (UNSAa), San Antonio de Areco, Buenos Aires, Argentina. E-mail: aguilajulieta@gmail.com

Lotus tenuis es una leguminosa forrajera naturalizada en los campos bajos de la Pampa Deprimida. El antiporter vacuolar NHX1 es fundamental en la tolerancia a la salinidad de numerosas especies por ser responsable de la compartimentalización de Na⁺ en vacuolas. El objetivo de este trabajo fue estudiar los cambios en la tolerancia a la salinidad de *Arabidopsis thaliana* al expresar el gen *NHX1* de *L. tenuis* (*LtNHX1*) en forma constitutiva. La región codificante se clonó en el vector pEarleyGate203 y se obtuvieron cinco líneas transgénicas de *A. thaliana* mediante inmersión floral. La expresión del transgén se confirmó por RT-PCR. Las líneas y el genotipo salvaje (Col 0) se evaluaron en un DCA bajo tres tratamientos: 0, 50 y 100 mM NaCl. A los 28 días se midió el diámetro (D) y el peso seco aéreo (PSA) y se estimó un índice de tolerancia para cada variable (ITD e ITPSA) como el valor de cada planta en sal sobre la media del control. También se midió el contenido de Na⁺ en raíz y hoja por fotometría de llama. Se realizó ANOVA de dos vías y test de comparaciones múltiples DGC. Cuatro de las líneas transgénicas presentaron mayores ITD e ITPSA que Col 0. Se realizó un nuevo análisis comparativo entre una línea transgénica (L28) y Col 0, disminuyendo la variabilidad de los datos. L28 presentó mayor ITD e ITPSA y se encontró interacción genotipo*tratamiento para PSA y D, con mayores medias de L28 en 100 mM. Además, L28 acumuló más Na⁺ en hoja. La expresión constitutiva de *LtNHX1* incrementó la tolerancia a la salinidad y el aumento de Na⁺ en hoja indicaría mayor actividad del antiporter.

GV 2

DETERMINACIÓN DEL MODO DE HERENCIA DE UNA NUEVA FUENTE DE RESISTENCIA A SULFONILUREAS EN ARROZ

Bohl M.J.¹, J. Colazo¹, G. Breccia^{2,3}, G. Nestares^{2,3}. ¹Grupo de mejoramiento genético de arroz, INTA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe, Argentina; ³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR, UNR, CONICET), Santa Fe, Argentina. E-mail: bohl.melania@inta.gob.ar

Una de las limitantes más importantes para la producción de arroz (*Oryza sativa*) son las malezas. Entre las estrategias de control más efectivas se encuentra el uso de cultivares con tecnología de resistencia a herbicidas. El INTA desarrolló una nueva fuente de resistencia denominada SUR 15 INTA mediante mutagénesis química, la cual confiere resistencia a las sulfonilureas (SU). El objetivo de este trabajo fue determinar el tipo de herencia de este carácter en la fuente SUR 15 INTA. Se utilizaron dos líneas progenitoras resistentes (SUR 2037 y SUR 2040) y dos variedades susceptibles (Camba INTA y Kira INTA) del programa de mejoramiento genético de arroz de INTA. La resistencia fue evaluada en estado vegetativo por aplicación foliar con herbicida sulfonilurea en la generación parental, F₁ y F₂ de los siguientes cruzamientos: SUR 2037 x Camba INTA y SUR 2040 x Kira INTA, incluyendo sus recíprocos. A los 28 días post-aplicación, los individuos se clasificaron por inspección visual en resistentes (R) o susceptibles (S). Los datos se analizaron a través de la prueba estadística Chi-cuadrado. Se observó una proporción 3R:1S en la F₂ de Camba INTA x SUR 2037 y su recíproco ($p > 0,05$). Para el cruzamiento Kira INTA x SUR 2040 y su recíproco los valores observados ajustaron a una segregación de 10R:6S ($p > 0,05$), la cual se explica por un modelo digénico en el que actúan un gen mayor y un segundo gen que modifica su expresión. Se concluye que la resistencia a SU en arroz está controlada por un gen principal con la presencia de al menos un gen modificador dependiendo del fondo genético.

GV 3

ESTUDIO DE LA RESPUESTA A LA INFECCIÓN POR *Fusarium graminearum* EN *Triticum turgidum* ssp. *durum*: ROL DE UN ARN LARGO NO CODIFICANTE

Díaz M.L.^{1,2}, D. Soresi¹, A. Garayalde³, A. Carrera^{2,4}.

¹Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Universidad Nacional del Sur-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ³Departamento de Matemática, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ⁴Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mldiaz@criba.edu.ar

La fusariosis de la espiga de trigo, causada por *Fusarium graminearum* genera pérdidas en rendimiento y contaminación con micotoxinas. En estudios previos del transcriptoma de trigo candeal, se observó que existen ARNs largos no codificantes (ARNslnc) que varían su expresión en respuesta a la infección. El objetivo fue estudiar el rol del ARNlnc STRG.246021.1 y su posible gen *target* a partir de sus perfiles de expresión en la variedad susceptible Langdon (LN) y en la línea resistente Langdon(Dic-3A)10 (LND). Se utilizó como referencia el genoma del cv. Svevo y se analizó mediante qRT-PCR la expresión en espigas infectadas a las 0, 6, 48 y 72 h post-inoculación, en ambos genotipos. El ARNlnc STRG.246021.1 tiene una longitud de 323 pb y se ubica en sentido 5'-3' en el segundo intrón del gen *TRITD2Av1G012380.1*, correspondiente a la O-aciltransferasa (WSD1), en el cromosoma 2A. El ARNlnc se expresó en ambos genotipos, siendo significativamente mayor en LND a las 6 y 48 h con una correlación altamente positiva con la expresión del gen *TRITD2Av1G012380.1* ($p \leq 0,001$; $r = 0,92$). El nivel máximo de transcriptos se observó a las 6 h post-inoculación. Concluimos que STRG.246021.1 y su potencial *target* co-expresan, forman parte de la respuesta temprana a la infección y poseen expresión diferencial entre genotipos resistentes y susceptibles de trigo candeal. El ARNlnc podría regular positivamente la expresión de *TRITD2Av1G012380.1*. Dado que la WSD1 participa de la acumulación de ceras en la cutícula de plantas, su inducción sería importante para mantener las barreras físicas de protección.

GV 4

ESTUDIOS DE INESTABILIDAD GENÓMICA EN LÍNEAS AVANZADAS DE TRICEPIRO (*X Triticosecale* Wittmack x *X Agrotriticum* Ciferri & Giacom)

González Airas V.¹, E.A. Castillo^{1,2}, E.M. Grassi^{1,2}, H.E. Di Santo^{1,2}, M.F. Grossi Vanacore¹, L.E. Aguirre^{1,2}, S. Vargas¹, F.N. Orozco¹. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), UNRC - CONICET, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: ecastillo@ayv.unrc.edu.ar

La hibridación interespecífica en tricepiros (*X Triticosecale* Wittmack x *X Agrotriticum* Ciferri & Giacom) genera desequilibrio en la meiosis y reducción en la fertilidad del híbrido por inestabilidad genética. Los objetivos fueron comparar la estabilidad genómica de cruzamientos, progenitores femeninos y progenitores masculinos. Se utilizaron seis líneas avanzadas (Cayú x SH16/A11, Cayú x SH16/B12, Yagán x Don Noé/A7, Yagán x Don Noé/A18, Yavú x SH16/A14, Yavú x SH16/13) obtenidas a partir tres cultivares de triticales como progenitores femeninos: Cayú-UNRC, Yagán-INTA y Yavú-UNRC (todos $2n=6x=42$), y dos trigopiros como progenitores masculinos, Don Noé-INTA ($2n=8x=56$) y SH16-INTA ($2n=6x=42$). Para cada cruce se analizaron entre 150-200 tétradas y se calculó: número de tétradas con micronúcleos (IM), número de micrósporas con micronúcleos (IxM) y cantidad de micronúcleos por tétrada (CMT). Se realizaron comparaciones mediante pruebas no paramétricas. Se observaron diferencias significativas entre cruces para IM, siendo Yagán x Don Noé A/7 ($73,7 \pm 17,8$) la que arrojó mayores valores y no se registraron diferencias entre progenitores femeninos ni masculinos. Yavú x SH16/13 ($39,55 \pm 13,61$) tuvo el mayor valor de IxM y, el más inestable fue Don Noé como progenitor masculino y Yagán como femenino. Los mismos resultados fueron obtenidos con CMT. Si bien Yagán x Don Noé A/7 contiene mayor IM que Yavú x SH16/13, éste último posee más micrósporas aneuploides, lo que provocaría mayor cantidad de gametas no funcionales. Don Noé produjo mayor inestabilidad genómica en su descendencia que SH16.

GV 5

RESISTENCIA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Helianthus annuus* NATURALIZADAS EN ARGENTINA A *Plasmopara halstedii*, EL AGENTE CAUSAL DEL MILDIU DE GIRASOL

Martínez A.L.¹, F. Anderson², A. Garayalde³, P. Sabatini¹, A. Presotto^{1,2}, A. Gutiérrez^{2,4}, F. Hernández^{1,2}, C. Pandolfo^{1,2}, M.S. Ureta^{1,2}, A.D. Carrera^{1,2}. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ²Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS)-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ³Departamento de Matemática, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ⁴Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. E-mail: acarrera@criba.edu.ar

El mildiu de girasol causado por *Plasmopara halstedii* es una enfermedad de importancia mundial, mayormente controlada por genes de resistencia vertical obtenidos de especies silvestres anuales de *Helianthus*, nativas de Estados Unidos. El objetivo fue caracterizar la respuesta de seis poblaciones locales naturalizadas de *H. annuus* a la infección por la raza 710 de *P. halstedii*. Se analizaron 80 individuos por población. Se estudió: 1) grado de esporulación en parte aérea aplicando tres índices con diferentes escalas, 2) la presencia del patógeno en secciones del hipocótilo, 3) la presencia de esporas en raíz. Las poblaciones locales mostraron amplia diversidad de daño y niveles de enfermedad significativamente menores que los controles cultivados susceptibles. Se encontraron reacciones a nivel celular (necrosis, depósito de materiales), identificándose dos tipos de resistencia: i) el patógeno queda restringido a la base del hipocótilo y ii) el patógeno logra avanzar hasta la parte superior del hipocótilo sin esporular. En todas las poblaciones se identificaron plántulas resistentes a la raza 710, con ausencia de esporulación. La distribución de los grados de daño sugiere una resistencia de tipo horizontal, que puede combinarse con genes mayores para prolongar la durabilidad de la resistencia ante la evolución del patógeno. Se propone una nueva escala de daño e índice (seis grados, incluyendo plántulas muertas) para la evaluación de germoplasma silvestre. El estudio representa la primera caracterización de *H. annuus* naturalizado en Argentina ante infección por *P. halstedii*.

GV 6

ESTUDIO DE LA COMPATIBILIDAD ENTRE UNA POBLACIÓN DE *Solanum chacoense* DEL SE BONAERENSE Y LA PAPA COMÚN

Maune J.F., M.D.L.M. Echeverría. Facultad Ciencias Agrarias, UNMdP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: federicomane@mdp.edu.ar

La papa común, *Solanum tuberosum* L. ($2n=4x=48$) (*tbr*), es uno de los cultivos de mayor importancia mundial en cuanto a superficie cultivada. Debido a su estrecha base genética, es de especial interés la introgresión de genes de especies silvestres mediante cruzamientos controlados. En este marco, se estudió una población espontánea de papa silvestre, morfológicamente afín a *S. chacoense* Bitter ($2n=2x=24$) (*chc*), que crecía como maleza en un lote de la EEA INTA Balcarce, y que presentaba características de interés agronómico y genotipos con alta producción de granos de polen con el número cromosómico no reducido (“ $2n$ ”). Para estudiar su habilidad para cruzarse con *tbr*, se realizaron cruzamientos controlados entre diez genotipos de *chc* seleccionados por tener alta producción de gametos “ $2n$ ” (entre 3,25% y 12,13%) y cinco cultivares comerciales de *tbr*. Se obtuvieron pistilos polinizados de dichos cruzamientos para la observación de la compatibilidad polen-pistilo. De 70 cruzamientos llevados a cabo, se obtuvieron semillas en tres, en dos de los cuales *chc* actuó como progenitor femenino. Entre los cruzamientos sin semilla, se observó tanto incompatibilidad a distintos niveles del pistilo como compatibilidad en el pistilo. Si bien en la población *chc* estudiada existen genotipos que pueden ser usados para introgresar genes en *tbr*, queda por estudiar la viabilidad de las semillas obtenidas así como las barreras a la hibridación presentes entre dichas poblaciones.

GV 7

REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A VIDA POSCOSECHA DEL FRUTO EN UNA F₂ PROVENIENTE DEL CRUZAMIENTO ENTRE LÍNEAS CASI ISOGÉNICAS DE TOMATE

Brulé F.F.S.¹, V. Cambiaso^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}, J.H. Pereira Da Costa^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR) - CONICET, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: brule@iicar-conicet.gob.ar

Se cuenta con líneas casi isogénicas (NILs) que portan introgresiones de la accesión silvestre LA0722 (P) de *Solanum pimpinellifolium* en el contexto genético del cultivar Caimanta (C) de *S. lycopersicum*. El objetivo fue identificar regiones genómicas asociadas a la vida poscosecha (VP) del fruto a partir del cruzamiento entre dos NILs de tomate con alta VP. Se evaluó una población F₂ de 90 plantas derivada del cruzamiento entre las NILs N034 y N327. Se usaron como testigos 10 plantas de cada NIL y su F₁. Se midió la VP en seis frutos por planta (N=720) y se genotipificó con dos marcadores moleculares de tipo InDel en los cromosomas 8 (IND8-0357 e IND8-4649) y 9 (IND9-6419 e IND9-6466). Se compararon los valores medios por Kruskal Wallis entre progenitores. La heredabilidad en sentido amplio (H²) se estimó por el método de ANOVA. Se probó segregación mendeliana para cada marcador por χ^2 y la asociación entre VP e InDels por prueba de Wilcoxon. No se encontraron diferencias significativas entre NILs pero si entre NILs y su F₁ ($p < 0,01$). Entre plantas F₂ se encontraron diferencias significativas ($p < 0,01$), siendo H² para VP de 0,58. Todos los InDels ajustaron a una segregación 1:2:1 (χ^2 cal. < 5,99). Se detectó asociación entre el IND8-4649 y VP ($p < 0,05$) con las plantas heterocigotas mostrando mayor VP (20,2 ± 2,91 días) que se diferenciaron significativamente sólo de las homocigotas como C (10,68 ± 1,55 días). La región del cromosoma 8 marcada por el IND8-4649 (introgresada en N327), mostró asociación y prolongó la VP en condición heterocigota respecto al homocigota como C.

GV 8

IDENTIFICACIÓN DE RETROELEMENTOS TIPO LTR *IN SILICO* Y SU DISTRIBUCIÓN CROMOSÓMICA EN *Solanum lycopersicum* L.

Yañez Santos A. Centro de Investigaciones de la Geósfera y Biósfera (CIGEBIO), CONICET-UNSJ, San Juan, Argentina. E-mail: anahimyanez@gmail.com

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es una hortaliza de gran valor económico, perteneciente a la familia de las Solanáceas. Esta planta cuenta con numerosos cultivares comerciales y silvestres. El tomate tiene un número cromosómico de $2n=24$ y un tamaño genómico de 0,95 Gb. Una parte del genoma está compuesto por retroelementos del orden LTR (Long Terminal Repeats), los cuales tienen potencial como marcadores moleculares para distinguir variedades. En nuestro estudio, realizamos una anotación de retroelementos LTR en todo el genoma del tomate utilizando criterios estructurales, funcionales y de tiempo de inserción para identificar retroelementos potencialmente activos (completos e intactos). Destacamos las familias GypsySL_01 (clado *Del*) y CopiaSL_37 (clado *TAR*). Con el objetivo de comparar la distribución y la abundancia relativa de estas familias en *tomate*, diseñamos cebadores específicos para la región codificante de estos retroelementos y los utilizamos como sondas de Hibridación *in situ* Fluorescente (*FISH*). Nuestros resultados sugieren que existe una distribución diferencial de dichos retroelementos en el ADN cromosómico entre los cultivares evaluados. El patrón de hibridación se utilizó para comparar los cariotipos en cultivares comerciales (*Heinz*, *Rio grande*, *Caroca*) y accesiones criollas (560 y 3832). Esta información es relevante para caracterizar la diversidad genética presente en el genoma de tomate, ofreciendo un recurso valioso para la genómica comparativa, el etiquetado de transposones y el diseño de marcadores moleculares específicos de cultivares en tomate.

GV 9

RESPUESTA DIFERENCIAL DE ACCESIONES SILVESTRES Y CULTIVADAS DE TOMATE (*Solanum spp.*) AL GERMINAR EN SOLUCIONES DE DIFERENTE CONCENTRACIÓN SALINA

Cambiaso V.^{1,2}, J.I. Ingaramo², J.H. Pereira Da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR - CONICET-UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: cambiaso@iicar-conicet.gob.ar

En tomate (*Solanum spp.*) la germinación y las etapas iniciales son las más sensibles a la alta concentración salina. El objetivo fue evaluar en una colección de 15 genotipos cultivados (GC) y siete silvestres (GS) de tomate la respuesta a soluciones con diferentes concentraciones de sales durante la germinación. Se evaluó el porcentaje de germinación (PG) y el peso fresco (PF) de las plántulas a los 15 días de la siembra en seis tratamientos con diferente concentración salina (TS): T₀ agua destilada (0,02 ms/cm); T₁ agua de ósmosis (0,08 ms/cm); T₂ agua freática (1,88 ms/cm); T₃ solución 50 mM de NaCl (4,48 ms/cm); T₄ solución 100 mM de NaCl (7,55 ms/cm) y T₅ solución 150 mM de NaCl (10,19 ms/cm). En cámaras de crecimiento se sembraron seis repeticiones por genotipo compuestas por 10 semillas envueltas en toallas de papel humedecidas con 2 ml de solución. Se comparó por la prueba de Kruskal-Wallis ($p < 0,05$) el PG y PF entre GC y GS y para cada genotipo respecto de su control T₀. El diseño fue completamente al azar con arreglo factorial, considerando como factores independientes a genotipos y TS. Los GC presentaron mayor PG y PF que los GS para T₀, T₁ y T₂ mientras que para T₃, T₄ y T₅ no hubo diferencias. La comparación por genotipo respecto de T₀ permitió agrupar tanto a GC como a GS en tres categorías de tolerancia a salinidad durante la germinación en baja, media y alta según si su PG se vio afectado a partir de T₃, T₄ o T₅ respectivamente. Para PF no hubo diferencias. Existe variabilidad entre los genotipos de la colección para PG en soluciones con diferente concentración de sales.

GV 10

IDENTIFICACIÓN DE REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A MORFOLOGÍA DE FRUTO POR ANÁLISIS DE GRUPOS SEGREGANTES EN UN CRUZAMIENTO INTRAESPECÍFICO DE TOMATE

Godoy F.N.I., D.V. Vazquez^{1,2}, V. Cambiaso^{1,2}, J.H. Pereira Da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR - CONICET-UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: godoy@iicar-conicet.gob.ar

En tomate (*Solanum lycopersicum* L.) los genes *SUN*, *OVATE*, *SOV1* y *FS8.1* controlan la forma del fruto en el plano próximo-distal. En un cruzamiento interespecífico entre el cultivar Rio Grande y una accesión silvestre se comprobó que el carácter índice de forma de fruto (IF= altura/diámetro) es mayormente controlado por *FS8.1* y una región ubicada en la base del cromosoma (cr) 2. En este trabajo se buscó validar estos *QTLs* determinantes de IF e identificar nuevas regiones asociadas al carácter mediante la metodología de *QTL-seq*. Se evaluaron 200 plantas F₂ derivadas del cruzamiento entre dos cultivares que portan alelos iguales en los genes de forma conocidos, excepto en *FS8.1*: Rio Grande (*fs8.1*-/-) y LYC1907 (*fs8.1*+/+). Se analizó molecularmente *FS8.1* en la población. Se crearon tres grupos de 15 plantas homocigotas para *FS8.1*: dos grupos *fs8.1*+/, con IF bajo y alto respectivamente, y un grupo *fs8.1*-/- con IF alto. Se comparó por prueba de *t* el IF medio entre grupos. Se secuenciaron sus genomas completos y se alinearon al genoma de referencia (SL4.0). Se detectaron polimorfismos y por *QTL-seq* se buscaron regiones genómicas asociadas a IF. La población F₂ presentó segregación molecular para *FS8.1*. Los grupos se diferenciaron significativamente por su IF. Entre los 801.363 *SNPs* detectados, se encontraron asociaciones a IF en el cr 8 (en una región cerca de *FS8.1*), en el cr 2 (en regiones distales a la esperada) y también en los cr 3, 7 y 9. Se pudo validar el gen *FS8.1* pero no la región del cr 2. Además, se encontraron nuevas regiones en otros cromosomas que se asociaron a IF.

GV 11

HERENCIA PARA VIDA POSCOSECHA Y PESO DEL FRUTO EN F₂ Y RETROCRUZAS RECÍPROCAS DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE

Perez Marder H.E.¹, J.H. Pereira Da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}, V. Cambiaso^{1,2}. ¹Instituto de Investigación 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. E-mail: perezmarder@iicar-conicet.gob.ar

La evaluación simultánea de poblaciones básicas resultantes de un cruzamiento recíproco logra discernir los determinantes genéticos para caracteres de fruto en tomate. El objetivo fue caracterizar poblaciones recíprocas para caracteres de calidad de fruto. Se analizó la herencia para la vida poscosecha (SL) y el peso (FW) caracterizando a Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum*, la accesión LA0722 (P) de *S. pimpinellifolium*, la F₁ CxP, la F₁ PxP, ambas F₂ y las cuatro retrocruzadas (BC). Se evaluaron seis frutos por planta en 15 plantas de cada genotipo uniforme, 75 de cada BC y 150 de cada F₂. Se verificó la normalidad en la distribución de SL y FW y se compararon por ANOVA los genotipos uniformes y las poblaciones segregantes. Se estimó la acción génica y la presencia de efectos recíprocos (ER) por comparación de medias. El cálculo de las heredabilidades (H², h²) se realizó con la variancia de los genotipos uniformes, de las F₂ y BC agrupadas por tipo de citoplasma (C o P). Los genotipos uniformes y las poblaciones segregantes mostraron diferencias significativas ($p < 0,05$) para SL y FW. Hubo sobredominancia para SL y dominancia parcial hacia P para FW. Se detectó ER para ambos caracteres entre las BC hacia C y para SL entre las BC hacia P. La H² fue 0,76 para FW y 0,77 para SL para ambos citoplasmas y la h² fue 0,55 para FW y 0,62 para SL en las poblaciones con citoplasma C y de 0,60 para FW y 0,67 para SL en las poblaciones con citoplasma P. Se concluye que se logró caracterizar poblaciones recíprocas para caracteres de calidad de fruto en tomate.

GV 12

GENOTIPIFICACIÓN DE GERMOPLASMA DE *Stevia rebaudiana* Bertoni DEL BANCO ACTIVO DE LA E.E.A. FAMAILLÁ, INTA, TUCUMÁN

Budeguer C.J.¹, E.L. Camadro², L.E. Erazzú³, P. Cosson⁴, V. Schurdi-Ivraud⁴. ¹Facultad de Agronomía, Zootecnia y Veterinaria, UNT, Tucumán, Argentina; ²Unidad Integrada E.E.A. "Domingo Pasquale" INTA-Facultad de Cs. Agrarias-UNMDP, Buenos Aires, Argentina; ³E.E.A. Famaillá, INTA, Tucumán, Argentina; ⁴UMR Biologie du Fruit et Pathologie, INRA Université de Bordeaux, Villenave d'Ornon, France. E-mail: carlos.budeguer@faz.unt.edu.ar

El estudio de la diversidad genética de un banco de germoplasma es fundamental para su conservación y uso. *Stevia rebaudiana* Bert. es una especie de valor agroindustrial por poseer esteviolglucósidos. El objetivo de este trabajo fue estudiar la diversidad genética de los genotipos del banco activo de la E.E.A. Famaillá, INTA. Utilizando 18 EST-SSRs, se genotipificaron 73 plantas introducidas en 2013 y 2021 de cuatro provincias argentinas: Tucumán, Jujuy, Misiones y Formosa. Se calcularon índices de diversidad y distancia genética de Nei, AMOVA, ACooP y de agrupamiento *Neighbor-Joining*. Todos los marcadores EST-SSRs utilizados fueron altamente polimórficos y robustos para evaluar la diversidad genética de los individuos analizados, revelando una alta diversidad genética. El número de loci por SSR varió entre 6 y 18; el marcador *stvia004* amplificó 18 bandas, seguido de *stvia0024* y *stvia048* (16 bandas). El PIC varió de 0,13 para el marcador *stvia004* a 0,28 para *stvia099*, siendo éste el más informativo de los 18 marcadores utilizados. Respecto a los valores de diversidad genética, Formosa presentó el menor (0,472), mientras que el resto de las introducciones varió entre 0,652 y 0,772. Las introducciones de Tucumán, Jujuy y Misiones se agruparon entremezcladas entre sí, mientras que Formosa se separó del grupo anterior; sin embargo, no pudieron diferenciarse las plantas de dicha introducción en base a estos marcadores. Se propone probar nuevos marcadores moleculares del tipo SSR, como también realizar nuevas colecciones para aumentar la diversidad genética del banco activo.

GV 13

ANÁLISIS PRELIMINAR DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE *Achyrocline satureioides* (Lam.) Dc. (ASTERACEAE) USANDO MARCADORES ISSR

Díaz Lusarreta S.M.¹, A. López Méndez^{1,2}, G.A. Leofanti¹, M.G. Bonasora³, M.L. Echeverría¹. ¹Facultad de Cs. Agrarias UNMDP, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET CCT, Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; ³Cátedra de Botánica Sistemática, Facultad de Agronomía UBA (FAUBA), CABA, Argentina. E-mail: mlecheverria@mdp.edu.ar

Achyrocline satureioides (Lam.) DC., “marcela”, es una Asteraceae nativa de Sudamérica que presenta valor medicinal y alimenticio. En Argentina se extraen plantas de la naturaleza, por lo que es necesario promover su cultivo. Para esto, es importante detectar y analizar la variabilidad en las poblaciones naturales. El objetivo fue realizar una caracterización molecular en poblaciones naturales de esta especie empleando marcadores ISSR (*inter simple sequence repeat*). Se analizaron 32 loci en 48 individuos pertenecientes a tres poblaciones de la provincia de Buenos Aires, Playa Escondida (PE), Mar Chiquita (MCH) y Paititi (P), y una de San Luis (SL). Se extrajo ADN y se amplificaron fragmentos con dos marcadores ISSRs que fueron visualizados en geles de agarosa al 2%. Los resultados mostraron similitud entre las poblaciones, siendo PE y SL las más similares. La población con el mayor número de alelos privados y el mayor porcentaje de loci polimórficos (75%) fue MCH. El AMOVA indicó un 68% de variación intrapoblacional. Los valores de F_{ST} fueron bajos (0,24 - 0,42), indicando que las poblaciones presentan alto flujo génico. En análisis de coordenadas principales se identificaron cuatro grupos, cada uno correspondiente a una población, aunque también se observaron solapamientos entre estos. Los resultados preliminares indicarían que existe una alta variación intrapoblacional, lo que es esperable al tratarse de una especie alógama, no observándose diferencias entre las poblaciones de Buenos Aires y la población de SL. Se continuará el estudio incluyendo más poblaciones e ISSRs.

GV 14

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE GENOTIPOS DE *Olea europaea* L. CON COMPORTAMIENTO PROMISORIO FRENTE A *Verticillium dahliae* Y *Xylella fastidiosa*

Bustos Moyano M.¹, M.L. Otero², V. Gonzalez³, P. Tolocka⁴, R. Haelterman⁴, B. Costero³. ¹Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ²EEA-INTA IPAVE-CIAP, Córdoba, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁴Unidad Ejecutora INTA-CONICET (UFyMA), Córdoba, Argentina. E-mail: bcostero@agro.unc.edu.ar

El cultivo de olivo es afectado por patógenos vasculares sistémicos como *Verticillium dahliae* y *Xylella fastidiosa*. En Argentina, *X. fastidiosa* fue detectada a fines de 2013 en olivares tradicionales en las provincias del NOA. Estos microorganismos revisten importancia dado las pérdidas económicas que producen al sector productivo. El cultivar Arauco, de doble propósito y única variedad argentina inscrita es muy susceptible a ambos patógenos. Para dar solución a una amenaza de pérdidas de plantaciones aún no afectadas se plantearon los objetivos: caracterizar cuatro plantas de olivo provenientes de la Rioja, conocidas bajo el nombre vulgar de Manzanilla criolla y determinar la similitud genética mediante microsatélites con diez plantas referentes del complejo Manzanilla, cultivar con amplia denominación varietal. Estas plantas proceden de la colección de olivos de la EEA-INTA Junín, Mendoza y el ADN del cv. Manzanilla común del Banco Mundial de Germoplasma de Olivo. El análisis se realizó con ADN total de hojas empleando cinco SSR polimórficos cuyo valor de PIC varió de 0,84 a 0,90. Con los datos obtenidos se calculó la distancia genética entre los genotipos de La Rioja y las variedades referentes y se realizó un análisis de coordenadas principales y de conglomerados. Los resultados mostraron que los genotipos están estrechamente relacionados entre sí y con las variedades Manzanilla Israelí y Manzanilla aceitera. Estos resultados contribuyen a la identificación del material comercial con comportamiento promisorio frente a los microorganismos mencionados.

GV 15

REGENERACIÓN Y ELONGACIÓN DE TALLOS *IN VITRO* A PARTIR DE UN GENOTIPO DE *Lotus tenuis* CULTIVADO EN TRES AMBIENTES

Gutiérrez F.G.¹, D. López Miró², M.L. Roldán², M.A. Affinito¹, A.H. Díaz Paleo². ¹Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ²EEA INTA Pergamino, Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: florencia_gutierrez_@hotmail.com

Lotus tenuis Waldst. & Kit ex Willd. es una leguminosa forrajera de importancia en la Pampa deprimida. La técnica de transformación genética en plantas requiere tener una eficiente regeneración *in vitro*, la cual puede depender de factores relacionados con el genotipo y el ambiente. El objetivo de este trabajo fue comparar la capacidad de regeneración y elongación de tallos *in vitro* a partir de folíolos de un genotipo de *L. tenuis* cultivado en tres ambientes: invernáculo, sala de crecimiento e *in vitro*. Se registró semanalmente el porcentaje de regeneración de los folíolos en medio MS 1X suplementado con hormonas hasta los 70 días de ensayo y se midió su área regenerada (cm²) a los 32 días. Se realizó ANOVA de dos vías (lugar y tiempo) para la regeneración y de una vía para el área y se compararon las medias mediante la prueba DGC. Los folíolos provenientes de plantas *in vitro* presentaron mayor regeneración hasta los 56 días y mayor área regenerada ($p < 0,05$). Posteriormente, se registró el número de tallos/explante y la altura promedio de los mismos (mm). Se realizó la prueba de Kruskal Wallis a los 64 días de iniciado el ensayo y a los 60 días del traspaso del tejido morfogénico a medio MS 0,5X para elongación de los tallos. A los 64 días, los explantes provenientes de plantas *in vitro* presentaron mayor número y altura de tallos, mientras que a los 60 días en MS no existieron diferencias significativas ($p < 0,05$). En conclusión, los explantes obtenidos a partir de plantas *in vitro* regeneraron en menor tiempo, lo cual incidió en el número y altura de tallos.

GV 16

ESTUDIO DE UN PROMOTOR DE METALOTIONEÍNA EN PLANTAS TRANSGÉNICAS DE *Lotus tenuis* EN RESPUESTA A ESTRESSES ABIÓTICOS

Alvarez M.Y., C.A. Sanchez, F.D. Espasandin, P.A. Sansberro. Laboratorio de Biotecnología Aplicada y Genómica Funcional, IBONE, CONICET, Corrientes, Argentina. E-mail: alvarezmayra991@gmail.com

La yerba mate (*Ilex paraguariensis*) es un cultivo importante en la región NE del país debido a que su parte aérea es empleada en la elaboración de infusiones. Las altas temperaturas, ausencia de lluvias y exceso de metales pesados en el suelo reducen el agua disponible, ocasionando estrés y disminución de la producción. En general, las plantas responden al estrés mediante mecanismos fisiológicos, relacionados a cambios en la expresión génica. En este contexto, proteínas que confieren tolerancia a estrés, como las metalotioneínas (MTs), aumentan su expresión en yerba durante un episodio de estrés. El gen codificante de las MTs es dirigido por un promotor inducible por diversos tipos de estreses abióticos. Con el objeto de evaluar la expresión espacio-temporal de este promotor (pMTs) de yerba, se transformaron plantas de *Lotus tenuis* con la construcción pMTs:*GUS* (*GUS*: gen reportero de la β -glucuronidasa). Como resultado del ensayo con 50 explantes iniciales se obtuvo un 80% de regeneración/selección, con 3 ± 1 yemas/explante, obteniéndose 50 líneas transgénicas. Luego, se realizó el ensayo histoquímico del gen *GUS* de tres líneas ($n=3$), sometidas a estrés hídrico, salino, frío y metales pesados con el fin de determinar la expresión del gen reportero dirigido por el pMTs. Se determinó que el promotor es inducible y es capaz de dirigir la expresión del gen *GUS* en parte aérea de plantas sujetas a las condiciones de estrés impuestas, como ser sequía, salinidad, frío y presencia de hierro, no detectándose expresión en raíz, ni con la presencia de otros metales como ser Co, Cu, Mn o Zn.

GV 17

OBTENCIÓN DE PROGENIE DE *Paspalum notatum* VAR. *Saurae* Parodi POR EFECTO MENTOR

Rosas Rios M.P.¹, A.V. Reutemann², A.I. Honfi¹, A.C. Gianini Aquino¹, J.R. Daviña¹. ¹Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNaM, nodo Posadas, FCEQyN, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: mp.rosasrios@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una especie multiploide con citotipos diploides sexuales alógamos por autoesterilidad que muestran características morfológicas distintivas por lo que se los identifica como la variedad botánica *P. notatum* var. *saurae* Parodi ($2n=2x=20$). El objetivo fue analizar morfológica y cromosómicamente la progenie obtenida a partir de tres cruzamientos interespecíficos en donde se utilizó al citotipo diploide de *P. notatum* como parental materno. Como donantes de polen se utilizaron a *P. conduplicatum* ($2n=60$), a *P. denticulatum* ($2n=20$), y a *P. bertonii* ($2n=20$). Los recuentos cromosómicos fueron realizados a partir de raicillas en crecimiento pretratadas con solución saturada de 1-bromonaftaleno y utilizando tinción convencional de Feulgen. El nivel de ploidía de individuos pertenecientes a una misma progenie fue determinado mediante la estimación del contenido relativo de ADN por citometría de flujo con un estándar interno cuyo número cromosómico era conocido. Se analizaron también rasgos morfológicos característicos de las especies parentales para determinar el origen de las progenies. Todos los individuos resultantes de los cruzamientos interespecíficos hetero- y homoploides resultaron diploides ($2n=2x=20$). Las progenies presentaron únicamente caracteres morfológicos maternos. Estos resultados sugieren que el citotipo diploide autoestéril de *P. notatum* puede autofecundarse en presencia de polen heteroespecífico a causa del efecto mentor.