

**GV**

**GENÉTICA  
VEGETAL**

**PLANT  
GENETICS**



## GV 1

## DESCRIPCIÓN DE GENES CANDIDATOS ASOCIADOS A LA RESPUESTA HÍDRICA EN *Anadenanthera colubrina* VAR. *CEBIL* (LEGUMINOSAE)

Alba S.S.<sup>1</sup>, M.E. Barrandeguy<sup>1,2</sup>, M.A. Maciel<sup>2</sup>, M.V. García<sup>1,2</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM); <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical-Nodo Posadas, UNaM-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). Misiones, Argentina. sofialba961@gmail.com

La heterogeneidad de los ambientes en los que habitan las poblaciones naturales expone a los individuos a presiones selectivas que pueden resultar en adaptaciones a las condiciones ambientales locales. *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan var. *cebil* es una especie forestal que presenta una distribución disyunta en Argentina, habitando en las Provincias Fitogeográficas Paranaense y Yungas, las cuales presentan diferencias en las condiciones pluviales. En este trabajo se describen regiones genómicas de los genes candidatos asociados a la respuesta hídrica *ERD 15*, *sHSP* y *PHD finger* en individuos provenientes de ambas Provincias Fitogeográficas. Se realizaron análisis bioinformáticos para inferir la estructura de dichos genes empleando los registros de bases de datos públicas y las secuencias transcriptómicas de *A. colubrina* var. *cebil*. Se diseñaron seis pares de cebadores específicos partiendo del transcriptoma y se obtuvieron las respectivas secuencias. En individuos provenientes de ambas Provincias Fitogeográficas se caracterizaron dos exones uno de ellos presentando dos SNPs y un intrón con un SNP para el gen *ERD 15*, un exón con dos SNP para *sHSP* y dos intrones con seis SNPs para *PHD finger*. Las secuencias obtenidas mostraron identidades superiores al 78% con respecto a otras especies de leguminosas y los cebadores desarrollados serán empleados en estudios genéticos-poblacionales en la especie.

## GV 2

## DISEÑO DE CEBADORES PARA POLIMORFISMOS DE BASE ÚNICA EN DOS LÍNEAS PARENTALES DE TOMATE (*Solanum lycopersicum*)

Goytia Bertero V.<sup>1,2</sup>, P. Cacchiarelli<sup>3</sup>, G.R. Pratta<sup>3</sup>, D.P. Arce<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Biodiversidad y Biotecnología (INBIOTEC), Buenos Aires; <sup>2</sup>Facultad Regional San Nicolás, Universidad Tecnológica Nacional (FRSN), Buenos Aires; <sup>3</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe. Argentina. valengoytia19@gmail.com

El tomate cultivado (*Solanum lycopersicum* L.) es una hortaliza de gran importancia agrícola. Su limitada variabilidad genética ha impulsado el uso de especies silvestres en programas de mejoramiento para ampliar la diversidad. En experimentos previos, se obtuvo el genoma y transcriptoma de los progenitores cv. Caimanta (C) y LA0722 (P). Como aporte original, se analizaron nueve chaperonas inducidas durante la maduración del fruto en ambos genotipos (C y P) identificadas mediante GC-MS y con niveles de expresión asignados a partir de un experimento previo de RNA-seq. Se buscaron las coordenadas de estos genes para visualizar posibles polimorfismos de base única (SNPs) usando el programa *Integrative Genomics Viewer* (IGV), alineando los genomas de C y P con la versión 2.5 de *Solanum lycopersicum* cv. Heinz 1706. Se seleccionaron SNPs con suficiente profundidad de cobertura, estableciendo un mínimo de diecinueve para el genotipo con la misma base que la secuencia de referencia y diecisiete para aquél con la secuencia alternativa. Para cada SNP seleccionado, se diseñaron cebadores flanqueantes usando el software *Primer3*. Posteriormente, se verificaron los cebadores y el amplicón generado mediante BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) para asegurar su unicidad en el genoma de tomate. Así, se logró diseñar cebadores para polimorfismos SNP en los genes SOLYC04G082720 (una HSP20 del cromosoma 4), SOLYC09G011030 (una HSP70 del cromosoma 9) y SOLYC09G075950 (otra HSP70 del cromosoma 9), con la posibilidad de validarlos mediante la técnica de análisis de alta resolución de fusión.

## GV 3

### VALIDACIÓN DE QTLS ASOCIADOS A MORFOLOGÍA DE FRUTO DETECTADOS POR ANÁLISIS DE GRUPOS DISCREPANTES EN UNA POBLACIÓN F<sub>2</sub> DE TOMATE

Godoy F.N.I.<sup>1</sup>, D.V. Vazquez<sup>1</sup>, V. Cambiaso<sup>1</sup>, J.H. Pereira Da Costa<sup>1</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino. Santa Fe, Argentina. godoy@iicar-conicet.gob.ar

En tomate (*Solanum lycopersicum* L.) los genes *SUN*, *OVATE*, *SOV1* y *FS8.1* controlan la forma del fruto en su plano longitudinal. Para dichos genes, los cultivares Río Grande y LYC1907 sólo difieren para *FS8.1*. En una población F<sub>2</sub> derivada del cruzamiento de estos cultivares, la segregación de *FS8.1* afectó la expresión del carácter índice de forma de fruto (IF=altura/diámetro). Al comparar las secuencias de genoma completo de grupos de plantas contrastantes para el IF (metodología *QTL-seq*), se detectaron regiones genómicas asociadas al IF en los cromosomas (cr.) 2, 3, 8 y 9, para las cuales se desarrollaron marcadores moleculares (MM) de tipo inserción/delección. En este trabajo se buscó validar las regiones genómicas asociadas al IF detectadas empleando los MM diseñados. Para ello, la población F<sub>2</sub> de 185 plantas fue caracterizada con tres MM del cr.2, uno del cr.3, tres del cr.8 y uno del cr.9, utilizando un protocolo de amplificación por PCR con posterior electroforesis en gel de agarosa al 3% p/v. Se determinó la asociación fenotípico-molecular por ANOVA a un factor, fijando el efecto de *FS8.1*. Se encontró asociación significativa ( $p < 0,05$ ) entre el IF y los MM en los cr.3 y cr.9, independientes del genotipo de *FS8.1*. Para el cr.2, esta asociación fue significativa sólo cuando *FS8.1* portaba los alelos de LYC1907. En estos cromosomas, los alelos de Río Grande generaron tanto un aumento (cr.3) como una reducción (cr.2 y 9) de la media del IF. En conclusión, se validó que las regiones genómicas detectadas en los cromosomas 2, 3 y 9 por *QTL-seq* controlan la expresión del carácter IF.

## GV 4

### ESTIMACIÓN DE LA HEREDABILIDAD PARA CARACTERES DE PLANTA Y DE CALIDAD DE FRUTO EN POBLACIONES RECÍPROCAS DE TOMATE

Perez Marder H.E.<sup>1</sup>, J.H. Pereira Da Costa<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR); <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino. Santa Fe, Argentina. perezmarder@iicar-conicet.gob.ar

Estimar la heredabilidad de los caracteres define la estrategia de mejoramiento. La dirección del cruzamiento puede influir en la determinación de caracteres cuantitativos por la presencia de efectos recíprocos. El objetivo fue evaluar el efecto de la dirección del cruzamiento inicial sobre la estimación de la heredabilidad en poblaciones recíprocas obtenidas entre el cultivar Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum* L. y la accesión silvestre LA0722 (P) de *S. pimpinellifolium* L. En 15 plantas de cada genotipo uniforme, 75 de cada retrocruza y 150 de cada F<sub>2</sub>, se midieron cinco caracteres de planta, cinco de fruto al estado pintón y cinco en rojo maduro. Se verificó la normalidad de los datos y los cálculos de heredabilidad en sentido amplio (H<sup>2</sup>) y estricto (h<sup>2</sup>) se realizaron con los componentes de variancia de las seis generaciones básicas agrupadas según la dirección del cruzamiento inicial. Las heredabilidades se clasificaron en altas (> 0,50), medias (entre 0,50 y 0,25) y bajas (< 0,25). Ambos cruzamientos presentaron H<sup>2</sup> altas para al menos el 80% de los caracteres y h<sup>2</sup> altas en el 67% de los caracteres para CxP y en el 87% para PxC. Para los caracteres de planta, hubo diferencias en la clasificación del 80% de las variables al estimar la H<sup>2</sup> y h<sup>2</sup>. El diámetro medio del tallo no mostró diferencias para H<sup>2</sup>, mientras que para h<sup>2</sup> no lo hizo diámetro apical. Para los caracteres de fruto, solo hubo diferencias en número de lóculos tanto en H<sup>2</sup> como en h<sup>2</sup>. La estimación de la heredabilidad es más afectada por la dirección del cruzamiento en caracteres de planta que en los de fruto.

## GV 5

## DETECCIÓN Y VALIDACIÓN DE REGIONES GENÓMICAS DE ORIGEN SILVESTRE QUE AUMENTAN LA VIDA POSCOSECHA DEL FRUTO EN TOMATE

Brulé F.F.S.<sup>1,2</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>, J.H. Pereira Da Costa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR –CONICET–UNR), <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino., Santa Fe, Argentina. brule@iicar-conicet.gob.ar

En una población  $F_2$  derivada del cruzamiento entre líneas casi isogénicas (NILs) con larga vida poscosecha (VP) y que portan introgresiones de la accesión silvestre LA0722 de *Solanum pimpinellifolium* L. en el contexto genético del cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* L. se buscó identificar y validar regiones genómicas asociadas a VP. Se evaluaron 85 plantas  $F_2$  del cruzamiento entre NIL034 y NIL069, 10 plantas de cada progenitor y su  $F_1$ . En seis frutos por planta (N=690) se evaluó la VP. Los valores medios entre progenitores se compararon con Wilcoxon y la heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) se estimó por ANOVA. Se compararon las secuencias de genoma completo de grupos de plantas  $F_2$  contrastantes para VP y detectaron *QTLs* con la metodología *QTL-seq*. Los *QTLs* detectados se validaron analizando la asociación entre VP y marcadores de tipo InDel para lo que se usó ANOVA a un criterio de clasificación seguido por el test de Duncan. Hubo diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) entre progenitores, excepto entre NIL034 y  $F_1$ . La  $H^2$  fue de 0,76. Se detectaron *QTLs* ( $p < 0,01$ ) en los cromosomas 1, 2, 3, 4, 5, 9, 10 y 11. Para los cromosomas 1, 4, 5 y 9 en los que se cuenta con marcadores InDel, solo los del cromosoma 4 (IND4-0954, IND4-3519 e IND4-4286) resultaron asociados a VP ( $p < 0,01$ ) permitiendo validar los *QTLs* detectados por la metodología *QTLseq*. Las plantas  $F_2$  que portan el alelo silvestre en esta región presentaron en promedio un incremento del 67% en la VP de los frutos. Se concluye que segmentos cromosómicos de origen silvestre introgresados en el cromosoma 4, aumentan la VP del fruto.

## GV 6

## IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE UN NUEVO GEN DE RESISTENCIA AL CANCRO DEL TALLO DE LA SOJA (*Diaporthe caulivora*)

Maldonado R.<sup>1</sup>, F. Cabrera<sup>1</sup>, J.S. Bianchi<sup>1</sup>, C.M. Rocha<sup>2</sup>, R. Pioli<sup>1,3</sup>, M.A. Chiesa<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), Santa Fe; <sup>2</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres, Tucumán; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe. Argentina. rodri.maldonado96@gmail.com

El estrés biótico es una de las principales causas de disminución del rendimiento y calidad de semillas del cultivo de la soja [*Glycine max* (L.) Merr]. La estrategia más efectiva y sustentable de control es el uso de genotipos con resistencia genética a diferentes patógenos. *Diaporthe caulivora* (Dc), uno de los agentes causales del cancro del tallo de la soja (CTS-Dc), es un patógeno presente en la región sojera de Argentina, con impacto fitosanitario a nivel mundial. Hasta el momento solo fue reportado el gen *Rdc1* de resistencia a Dc en el genotipo G13. A partir de un análisis de genotipos de soja conducido en el LEFIVE se observó que H32 tiene un comportamiento similar a G13 frente a Dc. Así, la hipótesis planteada es que H32 portaría un nuevo *locus* de resistencia. Para probar esta hipótesis y determinar su segregación se realizaron cruzamientos dirigidos: Williams82 (W0; *rdc/rdc*) x H32 (*Rdc-/Rdc-*) y H32 x G13 (*Rdc1/Rdc1*). Las  $F_1$  efectivas fueron autofecundadas para obtener distintas poblaciones segregantes ( $n > 180$ ). La segregación fenotípica de los individuos  $F_2$  provenientes de W0 x H32, luego de la inoculación con Dpc16 y la evaluación del desarrollo del CTS, ajustó a la esperada para un carácter de herencia monogénica con dominancia completa (3R:1S). Además, la segregación observada en individuos  $F_2$  provenientes de H32 x G13 ajustó a la esperada para dos *loci* con epistasis doble dominante (15R:1S) a 28 días post inoculación (dpi); y a 42 dpi ajustó a la segregación 13R:3S ( $p > 0,05$ ). Ambas segregaciones validan la presencia de un nuevo gen de resistencia, *Rdc2*, en H32

## GV 7

**GEN CANDIDATO DE RESISTENCIA A MAL DE RÍO CUARTO VIRUS EN *Zea mays* L.**

Kreff, E.<sup>1</sup>, M. Ruiz<sup>2</sup>, N.C. Bonamico<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Semilla Nueva, Pergamino, Buenos Aires <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina. enriquekreff@semillanueva.org

En Argentina el Mal de Río Cuarto, causado por el *Mal de Río Cuarto Virus* (MRCV), es la enfermedad viral más importante del cultivo de maíz (*Zea mays* L.). El objetivo de este estudio fue dilucidar un mecanismo de resistencia contra el MRCV, con foco en el gen *ZmGLK36*. Mediante diferentes herramientas bioinformáticas (Maize GDB, BLAST, entre otras) se realizó un análisis comparativo para evaluar la homología entre *ZmGLK36*, gen de resistencia al virus del enanismo negro rayado (RBSDV) del arroz, y *PCO644442*, gen candidato de resistencia a *Mal de Río Cuarto Virus* (MRCV) del maíz. Los resultados obtenidos indican que existe homología entre ambos genes involucrados en la resistencia a *Fijivirus* de cereales. La homología identificada entre el gen *ZmGLK36* y el gen *PCO644442* dilucida la existencia de un mecanismo de resistencia contra el MRCV. Esto aporta información valiosa para eficientizar estrategias enfocadas en incrementar la resistencia genética a ambos *Fijivirus* en germoplasma de los programas de mejoramiento genético, híbridos y líneas endocriadas de maíz.

## GV 8

**IDENTIFICACIÓN DE SSR ASOCIADOS CON LA RESISTENCIA DURABLE A ROYA DE LA HOJA EN *Triticum aestivum* L. (VAR. BUCK PONCHO)**

Vrdoljak J.<sup>1</sup>, S.O. Obregon<sup>1</sup>, C.P. Randazzo<sup>1</sup>, J.C. Salerno<sup>2</sup>, M.J. Dieguez<sup>3</sup>, M.F. Pergolesi<sup>3</sup>, L.R. Ingala<sup>3</sup>, F. Sacco<sup>3</sup>, A.R. Cuyeu<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Escuela Superior de Ciencias Exactas y Naturales Universidad de Morón (UM), Buenos Aires; <sup>2</sup>Escuela Superior de Ingeniería, Informática y Ciencias Agroalimentarias (ESIICA), UM; <sup>3</sup>Instituto de Genética (IGEAF), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham, Buenos Aires. cuyeu.alba@inta.gob.ar

*Triticum aestivum* L. (AABBDD, 2n=6x=42) es una especie de importancia mundial para la alimentación humana. En Argentina, la zona triguera se extiende desde el norte (Chaco y NOA) hasta el sur de la provincia de Buenos Aires. Una de las enfermedades de relevancia es la roya provocada por el hongo *Puccinia triticina*, la cual afecta su rendimiento y calidad causando significativas pérdidas económicas. Si bien existen variedades de trigo resistentes como Buck Poncho, las bases genéticas de este tipo de resistencia han sido poco estudiadas. El objetivo de este estudio fue identificar QTLs y diseñar marcadores microsatélites (SSR) asociados a la resistencia de la roya de la hoja. Se utilizó un mapa de ligamiento con 9546 marcadores DArTs, obtenido de una población de líneas recombinantes homocigotas resistentes (Buck Poncho x Purplestraw). Se identificaron cuatro QTLs responsables de la resistencia duradera en los cromosomas 1B (255.53 cM), 2B (253.82 cM), 3A (74 cM) y 4D (18 cM). Se inició el estudio con el diseño de 168 SSR en el QTL 3A; posteriormente, se continuará con el análisis de los QTLs restantes. La implementación de los SSR obtenidos es clave para mejorar la resistencia del trigo a la roya, ofreciendo una herramienta molecular para apoyar el mejoramiento genético.

## GV 9

## MUTANTES DEL REPRESOR DE LA RESPUESTA A AUXINA IAA16 MUESTRAN DEFECTOS EN EL DESARROLLO GAMETOFÍTICO Y EMBRIONARIO DE *Arabidopsis thaliana*

Vega M.S.<sup>1</sup>, O. Leblanc<sup>2</sup>, C. Michaud<sup>2</sup>, S.C. Pessino<sup>1</sup>, J.P.A. Ortiz<sup>1</sup>, L.A. Siena<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup> DIADE, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), Montpellier, Francia. mvega@iicar-conicet.gob.ar

Las auxinas juegan un papel esencial en muchos aspectos del desarrollo de las plantas, incluyendo el crecimiento y la reproducción. Recientemente, en *Paspalum notatum*, hemos encontrado que el nivel de expresión del gen represor de la respuesta a auxina *IAA30* presenta una correlación negativa con la expresividad de la aposporia (un componente de la apomixis gametofítica). Para analizar la función biológica de *IAA30* en el desarrollo reproductivo comenzamos la caracterización de su ortólogo *IAA16* en *Arabidopsis thaliana*. Los experimentos de RT-PCR mostraron que *IAA16* se expresa en silicuas, hojas, plántulas y raíces. Los análisis citoembriológicos de dos líneas mutantes (*iaa16*) mostraron la formación de células alargadas alrededor de la célula madre de la megáspora, la megáspora funcional y el saco embrionario. Luego de la polinización, ambas líneas mostraron defectos en los patrones de desarrollo embrionario y la aparición de embriones gemelos. El análisis de plantas F<sub>2</sub> derivadas de la cruce entre *iaa16* y pWOX2-CENH3-GFP, confirmó los patrones de asimetría detectados en los embriones. Más aún, se detectaron plántulas *iaa16* con un solo cotiledón y brotes dobles (posible poliembrionía). Observaciones de embriones *iaa16* portadores del reportero pDRN:GFP (respuesta a auxina) sugieren una distribución alterada de la señal de auxina. Los resultados de este trabajo indican que *IAA16* participa en la especificación del destino de la línea germinal femenina y la embriogénesis en *Arabidopsis*.

