

GV

**GENÉTICA
VEGETAL**

**PLANT
GENETICS**

GV 1

DOES THE NUMBER OF POPULATION SAMPLINGS AFFECT THE GENETIC DIVERSITY CAPTURED IN GERMPLASM BANK COLLECTIONS OF WILD POTATOES, *SOLANUM SP.*?

Camadro E.L., G.A. Leofanti¹, A. Poulsen Hornum¹. ¹Área de Investigación en Agronomía, Unidad Integrada Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria y Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina. elsacamadro@gmail.com

The underlying assumption in plant germplasm banks is that collections represent the genetic diversity of the sampled populations. Due to costs and logistics, natural populations are sampled only one time. To explore possible differences in the genetic diversity captured in wild diploid potatoes, *Solanum sp.* (self-incompatible, with sexual and asexual reproduction), an analysis was performed with six microsatellite markers in (a) one collection taken at random from the Argentinian national potato germplasm bank (IO) and two *ex situ* derived populations (PR-MC and PR-MBG), and (b) two working collections (Pop13 and Pop14) obtained from one natural population in two meteorological contrasting years, all from Tucumán province. The analyzed plants were (a) 25 of each collection, and (b) 27 of Pop13 and 42 of Pop14. In (a) 18 electrophoretic fragments were obtained (polymorphic: 83.3% in IO and PR-MGB; 66.7% in PR-MC), and non-significant differences ($\alpha=0.05$) were detected for the average Diversity Index (\square DI): IO= 0.65, PR-MC= 0.56, PR-MBG= 0.58. In (b) 31 fragments were obtained in Pop13 and 20 in Pop14 (100% and 55%, respectively, polymorphic), being significant ($\alpha=0.05$) the differences between their \square DI (Pop13= 0.6; Pop14= 0.1). With only one sampling event, it cannot be ascertained if the captured genetic diversity -maintained upon *ex situ* seed regeneration- represents the diversity of the sampled population. With two sampling events, the captured diversity varied with the preponderant mode of reproduction in each year. Thus, it is important to compose the collections with samples taken at a site in more than one year.

Funding: Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina

GV 2

EFFECTO DE LOS CROMOSOMAS 6 Y 11 SOBRE EL GRADO DE IRREGULARIDAD DEL FRUTO EN EL CONTEXTO GENÉTICO DE *Solanum pimpinellifolium*

Freggiaro C.¹, D.V. Vazquez^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina; ²Instituto de Investigaciones de Ciencias Agrarias de Rosario, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina. grodrig@unr.edu.ar

El grado de irregularidad externa (GI) del fruto es un carácter morfológico con impacto comercial en tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Se identificaron dos *QTLs* epistáticos ubicados en los cromosomas 6 (*ld6*) y 11 (*ld11*) que explicaron ~61% de la variabilidad para GI en la generación F_2 de un cruzamiento intervarietal. El objetivo fue validar el efecto de *ld6* y *ld11* en el contexto genético de una especie silvestre. Se seleccionaron marcadores moleculares (MM) para *ld6* (PTZ-14) y *ld11* (PTZ-112). Se evaluaron tres poblaciones derivadas de la primera retrocruza entre "Voyage" y la entrada LA1589 de *S. pimpinellifolium*: 23P1 y 23P2 (segregantes para PTZ-14, $n=9$) y 23P3 (segregante para PTZ-14 y PTZ-112, $n=45$). Se evaluó el GI con el programa Tomato Analyzer para luego estimar la heredabilidad en sentido amplio (H^2) por ANOVA. Se evaluó la segregación de los MM por χ^2 y su asociación a GI por ANOVA a uno y dos criterios de clasificación. La H^2 resultó significativa con valores de 0,44, 0,34 y 0,51 para 23P1, 23P2 y 23P3, respectivamente. Los MM mostraron una segregación mendeliana excepto PTZ-112 en 23P3. En 23P3 se encontró una asociación significativa ($p<0,05$) entre ambos MM y el GI, así como para la interacción. Los alelos cultivados en ambas regiones incrementaron la irregularidad de los frutos. El estudio validó el efecto individual y conjunto de los loci *ld6* y *ld11* en el contexto de *S. pimpinellifolium*, destacando su importancia en la determinación de la forma del fruto.

Financiamiento: Universidad Nacional de Rosario 80020230200073UR, período 2024-2027, Genética y Mejoramiento de Tomate

GV 3

CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES DE *Capsicum annum* var. *glabriusculum* (Dunal) Heiser & Pickersgill DE MÉXICO

Rodríguez Guzmán E.¹, S.P. Madero Rocha¹, V.H. Aguilar Rincón², L.J. Arellano Rodríguez¹, A. Ángeles Espino¹, R. Lépiz Ildefonso¹, L. De La Cruz Larios¹, M.I. Torres Morán¹. ¹Producción Agrícola, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, México; ²Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Genética, Colegio de Postgraduados en Ciencias Agrícolas, México. eduardo.rguzman@academicos.udg.mx

El chile piquín (*Capsicum annum* var. *glabriusculum*), ancestro de los chiles domesticados, se distribuye del sur de Estados Unidos al norte de Argentina. Los frutos se recolectan en poblaciones silvestres y se encuentra bajo fuerte presión antropogénica. El objetivo del presente estudio fue identificar y cuantificar la variabilidad morfológica en poblaciones de chile piquín procedentes de diferentes estados de la República Mexicana. Se incluyeron 20 poblaciones silvestres, se registraron 44 variables morfológicas, de las que se seleccionaron 11 para su análisis final. Los primeros tres componentes principales, explicaron el 60,99% de la variación total. El componente principal uno (CP1) explicó el 30,28% de la variación y estuvo conformado por las variables pubescencia de hoja, altura de planta y hábito de crecimiento; el CP2 explicó el 17,4% de la variación y estuvo integrado por las variables peso del fruto, forma de tallo, del fruto maduro y del ápice del fruto. El análisis de conglomerados permitió generar grupos principales definidos por pubescencia de hoja. El resto de las características como presencia de antocianinas en el nudo del tallo y hábito de crecimiento, junto con características del fruto incluyendo color y forma del fruto maduro, así como forma del fruto en la unión con el pedicelo y del ápice del fruto contribuyeron en la distinción de subgrupos. Las poblaciones del centro y sureste se caracterizaron por presentar frutos elongados y de mayor tamaño en tanto que las procedentes del occidente y norte de México, presentaron fruto redondo. La información obtenida evidencia variación morfológica en las poblaciones silvestres estudiadas.

Financiamiento: Universidad de Guadalajara/ Departamento de Producción Agrícola

GV 4

MÉTODOS DE HIBRIDACIÓN EN GIRASOL BC3 (*Helianthus annuus* L.) A TRAVÉS DE FAMILIAS

Angeles Espino A.¹, E. Rodríguez Guzmán¹, C. Ramírez Serrano¹, J.M. Padilla García¹, P.A. Plameros Suárez², L. Arellano Rodríguez¹. ¹Departamento de Producción Agrícola, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, Zapopan, Nextipac, Jalisco; México

El girasol es la segunda oleaginosa por su producción anual y el contenido y calidad de aceite en el aquenio. México importa el 95% de la demanda de oleaginosas y se requiere generar híbridos productivos. El objetivo de este trabajo fue evaluar el rendimiento de aquenio y contenido de aceite en tres métodos de hibridación a través de familias. El experimento se realizó en tres ciclos: 1) obtención de familias de autohermanos (AH), hermanos completos (HC) y medios hermanos (MH); 2) obtención de 12 híbridos de cada familia; 3) evaluación en un diseño experimental en Láctice 6 x 6 con dos repeticiones. En rendimiento de aquenio se obtuvo diferencia al 1% de probabilidad entre los métodos de hibridación, siendo superiores los de AH a los de HC y MH en 28% y 11% respectivamente, acorde con las comparaciones ortogonales. Los componentes de regresión lineal y cuadrático fueron significativos ($p < 1\%$) mostrando que la repuesta a la hibridación depende de genotipo de los progenitores y del grado de endogamia generado en cada familia de AH, HC y MH, (50%, 25% y 37,5%). El contenido de aceite en los híbridos fue en promedio 41,8% en los AH, superando en 19% y 13% a los HC y MH respectivamente. El componente de regresión lineal fue significativo, y el cuadrático, no significativo. El mayor rendimiento de aquenio y contenido de aceite fue en AH, seguido de MH y HC. El vigor híbrido fue acorde con el porcentaje de endogamia en cada familia.

Financiamiento: Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, México

GV 5

GENOME WIDE ASSOCIATION STUDIES OF HYDROTROPISM AND THEIR ASSOCIATION WITH NATURAL VARIATION IN DROUGHT TOLERANCE OF ANCHO MAIZE

Cassab López G.I.¹, J. Nieto Sotelo², M.E. Campos Torres¹, D.A. Franco Castillo¹, N.L. Trujillo Román¹, M.N. Sáenz Rodríguez¹, M. Sallas Barreto¹, L. Vázquez Marcial², J.M. Hurtado Ramírez, F. Lledías Martínez¹. ¹Departamento de Biología Molecular de Plantas, Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), México; ²Laboratorio de Fisiología Molecular, Jardín Botánico, Instituto de Biología, UNAM, México. gladys.cassab@ibt.unam.mx

Although water scarcity continues to be the single-most imperative factor controlling successful food production by agricultural practices, there are very limited studies on how roots of crop plants differentially grow in response to water potential, i.e., hydrotropism in the field. Hydrotropism helps roots to obtain water from the soil. Root hydrotropism in maize varies enormously in different hybrids, landraces and teosinte, and we have classified their root hydrotropic response in robust ($>40^\circ$ angle of curvature) and weak ($<39^\circ$ angle of curvature). The phenotyping of root hydrotropism in 30 accessions of Ancho maize, collected in the states of Morelos and Guerrero, allowed us to perform a GWAS (Genome Wide Association Studies), which is a valuable tool for comprehending the genetic basis of trait variation. Then, we examined the involvement of protein ubiquitination and protein degradation in the proteasome in root hydrotropism since several associated genes by GWAS and differentially expressed RNAs were identified with these biological processes. Our results suggest that the signal transduction pathways induced by hydrostimulation in maize are like those triggered by water stress (mainly intrinsically disordered proteins), protein folding and protein degradation. Our analysis implied that the robust hydrotropic response of maize roots was partly due to an increase in the accumulation of intrinsically disordered proteins and the activation of the ubiquitin-proteasome degradation pathway. These findings offer a novel prospect for modeling root systems in response to drought.

Funding: CONAHCYT, PRONAI Soberanía Alimentaria (316926) and DGAPA-PAPIIT UNAM: IN208322

GV 6

EVALUACIÓN DE LA HETEROCIGOSIDAD DE *LOC*/MICROSATÉLITE Y EL POTENCIAL FENOTÍPICO DE MAÍZ ZACATECAS 58

Hernandez Rodríguez M.¹, M.I. López Martínez¹, J.J. García Zavala¹, R. Lobato Ortíz¹, R.V. Pérez Ruíz². ¹Genética, Campus Montecillo, Colegio de Postgraduados, México; ²Ciencias de la Alimentación, Ciencias Biológicas y de la Salud, Universidad Autónoma Metropolitana, México. hernandez.martha2652@gmail.com

Zacatecas 58 adaptada, población de maíz derivada de un programa de selección para adaptación a Valles Altos del centro de México, tuvo cambios en el aspecto fenotípico, variables agronómicas y del rendimiento después de 24 ciclos de selección masal. El objetivo de esta investigación fue evaluar la heterocigosidad de *loci* microsatélite entre la población original y la población adaptada. La hipótesis es que el potencial fenotípico y agronómico de la población Zacatecas 58 adaptada está asociado positivamente con la heterocigosidad. Se seleccionaron 20 marcadores microsatélite que estuvieran dentro de genes. Se amplificaron mediante PCR en 20 plantas por cada población. Los alelos se visualizaron en poliacrilamida y su lectura permitió calcular parámetros de diversidad como las frecuencias alélicas, el contenido de información polimórfica, la diversidad génica y la heterocigosidad. Todos los marcadores evaluados fueron informativos en las dos poblaciones con excepción de umc1187 y umc1139 que lo fueron solamente en una de ellas. Hubo correlación negativa entre la frecuencia del alelo mayor y la diversidad ($-0,98$) así como entre la heterocigosidad ($-0,75$). No hubo cambios significativos en la diversidad génica ($0,48$) pero sí en la heterocigosidad (de $0,39$ a $0,47$). Diez de los microsatélites evaluados cambiaron su valor de heterocigosidad entre el ciclo original y el adaptado. Se concluye que se requiere una examinación más amplia para evaluar si la heterocigosidad en la población de maíz Zacatecas 58 adaptada está asociada con los cambios fenotípicos y agronómicos favorables observados después de 24 ciclos de selección masal.

Financiamiento: Dirección de Investigación del Colegio de Postgraduados, proyecto “Variación y estructura genética de razas de maíz adaptadas a Valles Altos del Centro de México”

GV 7

DIVERSIDAD GENÉTICA DE CICLOS DE SELECCIÓN DE LA POBLACIÓN DE MAÍZ ZACATECAS 58 MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITE

López Martínez M.I.¹, J.J. García Zavala¹, R. Lobato Ortiz¹, T. Corona Torres¹, R.V. Pérez Ruíz², M. Hernández Rodríguez¹. ¹Genética, Programa de Recursos Genéticos y Productividad – Genética, Colegio de Postgraduados, México; ²División de Ciencias Biológicas y de la Salud, Ciencias de la Alimentación, Universidad Autónoma Metropolitana – Unidad Lerma, México.
isabel.lopez@colpos.mx

Zacatecas 58 es una población de maíz precoz de la raza Cónico Norteño. En 1969, se inició un programa de selección masal visual estratificada con esta población en Chapingo, Estado de México alternando dos ambientes, uno de clima templado (Chapingo) y otro de clima cálido (Tepalcingo, Morelos) hasta obtener 24 ciclos de selección con base en el aspecto de planta y mazorca. El objetivo de este estudio fue determinar la variabilidad genética de 20 loci SSR en ciclos de selección de Zacatecas 58 bajo el supuesto de que la selección a largo plazo afectó su diversidad. Se extrajo el ADN de 20 plantas de seis ciclos de selección y se amplificaron los 20 marcadores mediante PCR. Los alelos se visualizaron en poliacrilamida y su lectura permitió calcular los estadísticos de diversidad y la distancia genética de Rogers. A nivel de marcadores, los valores promedio de diversidad génica (H_e), heterocigosidad (H_o), y contenido de información polimórfica fueron de 0,54, 0,44 y 0,49, respectivamente; en tanto que, a nivel de ciclos de selección, la frecuencia del alelo mayor, el número de alelos, H_e y H_o fueron de 0,64, 2,8, 0,45 y 0,44, con intervalos que oscilaron entre el C0 y el C24 en 0,59-0,60, 2,8-2,7, 0,483-0,482 y 0,39-0,47, respectivamente. El agrupamiento separó a los ciclos de acuerdo con su nivel de selección. Se concluye que la selección a largo plazo no modificó la frecuencia del alelo mayor, número de alelos y diversidad, pero sí la proporción de individuos heterocigóticos.

Financiamiento: Proyectos de investigación e incidencia orientados a fortalecer las actividades de conservación, preservación y uso sustentable de los recursos genéticos para la alimentación y agricultura.

GV 8

GENES QUE PROMUEVEN LA RESISTENCIA A LA SIEMBRA PROFUNDA EN VARIETADES NATIVAS DE MAÍZ (*Zea mays*)

Vázquez Marcial L.¹, J.E. Gutiérrez Cruz¹, C. Petrolí², G.I. Cassab Lopez³, J. Nieto Sotelo¹. ¹Instituto de Biología, Jardín Botánico, Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), México; ²Genetic Resources Program, Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT), México; ³Instituto de Biotecnología, Biología Molecular de Plantas, UNAM, México.
leopoldo.vazquez@st.ib.unam.mx

La siembra profunda de maíz es un manejo agrícola ancestral de México, que permite su cultivo en lugares áridos y semiáridos bajo condiciones de temporal. Requiere de variedades adaptadas, ya que los granos se siembran en las capas húmedas del suelo, entre los 10 y 40 cm de profundidad. Previamente encontramos que el patrón de desarrollo escotomorfogénico de la plántula afecta su resistencia a la siembra profunda. Para conocer el efecto de las prácticas agrícolas sobre el desarrollo escotomorfogénico, se recolectaron siete variedades nativas de maíz de siembra profunda y cinco variedades de siembra somera. Se realizaron ensayos de desarrollo escotomorfogénico con 30 plántulas de cada accesión, las cuales se fenotipificaron y genotipificaron individualmente; posteriormente se realizaron análisis de ancestría y de asociación a nivel de todo el genoma (GWAS). Las variedades de siembra profunda mostraron mesocotilos más largos, primeras hojas plumulares cortas, menor porcentaje de ruptura de la punta del coleóptilo y menor número raíces seminales y adventicias del nodo coleoptilar. Se encontraron SNPs fuertemente asociados a las variaciones en el tamaño o número de órganos y, en algunos casos, para más de un carácter. Los genes candidatos están implicados en la síntesis de lípidos, remodelación de la pared celular, transducción de señales, transporte de fitohormonas, transporte de iones, regulación transcripcional, división celular y respuesta a la luz.

Financiamiento: Proyecto CIMMYT-MASAGRO (a JNS), proyecto PAPIIT-UNAM IG200515 (a JNS y GIC), proyecto CONACYT-México 247732 (a JNS y GIC), proyecto CONAHCYT-México FOP07-316926 (a JNS y GIC), CONAHCYT por la beca de Doctorado 630730

GV 9

IDENTIFICACIÓN Y CARACTERIZACIÓN DEL GEN *VIVIPAROUS-1 (Vp1)* EN *Vanilla planifolia*

Pargas Marrufo L.J.¹, J.E. Campos Contreras¹, V. Salazar Rojas¹, M. Martínez García¹, A.C. Monsalvo Reyes¹. ¹Unidad de Biotecnología y Prototipos, Facultad de Estudios Superiores Iztacala, Universidad Nacional Autónoma de México, México. luisjavierpama@gmail.com

Vanilla planifolia es una orquídea endémica de México. Presenta síndrome post-polinización, que genera cambios bioquímicos y conformacionales en el fruto, lo cual podría generar abscisión del fruto, generando pérdidas sustanciales. El gen *Vp1* (de la superfamilia ARF), codifica un factor de transcripción que regula los procesos de germinación y latencia de las semillas. El objetivo de este trabajo fue caracterizar *Vp1* en *V. planifolia*, y cuantificar sus niveles de expresión y la regulación que sufre su zona de promotor. Usando bioinformática, el transcriptoma de vainilla fue alineado con la secuencia del gen *Vp1* de maíz, *Dendrobium catenatum* y *Phalaenopsis equestris*. Se descargó el genoma completo de vainilla del NCBI y se rastreó por BLASTx con la secuencia del gen de *D. catenatum*. Se realizó qPCR en pre-polinización, polinización, post-polinización y fecundación. Se utilizó AlphaFold para la visualización de la estructura terciaria de la proteína *Vp1* y se realizó la filogenia del gen, siendo similar al de gramíneas y orquídeas (7.869 pb). La filogenia de *Vp1* corresponde con la versión actual de plantas. *Vp1* tiene tres sitios asociados a la represión transcripcional (TRM1, Dof2 y C1). Los niveles de expresión mostraron similitud entre las etapas de polinización y fecundación, sobreexpresión durante la post-polinización y actividad baja en pre-polinización. *Vp1* tiene cuatro dominios conservados, siendo B3 proveniente de una superfamilia antigua de Plantae con gran versatilidad en funciones regulatorias. Se concluye que *Vp1* es importante en la regulación embrionaria, y se sobreexpresa durante las primeras etapas del desarrollo de la semilla.

GV 10

EVALUACIÓN DE LA EXPRESIÓN GÉNICA EN ÁRBOLES DE NOGAL (*Carya illinoensis*) BAJO CONDICIONES DE ESTRÉS HÍDRICO

Hernández-Villalobos I.A.¹, H.A. Gutiérrez-Jurado², M.D.R. Infante-Ramírez¹, M.D.C. González-Horta¹, Z.Y. Muñoz-Ramírez¹, M.C.E. Delgado-Gardea¹. ¹Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Chihuahua, México; ²Department of Earth Sciences and Environmental Resources, Environmental Sciences Faculty, University of Texas, El Paso, United States of America. p319049@uach.mx

La nuez pecanera es una fruta nativa de América del Norte cuya alta demanda ha impulsado el crecimiento de su producción en México y Estados Unidos en las últimas décadas. El estrés hídrico, salino y térmico son factores que impactan negativamente la producción de nueces en nogal. El presente trabajo tiene como objetivo evaluar si la disponibilidad de agua subterránea permite al árbol de nogal sobrellevar el estrés hídrico. Para ello, se analizaron dos huertas de nogal: la Huerta Ivey Farm, que cuenta con agua subterránea a menos de 3 m de profundidad, y la Huerta Arete, donde el agua se encuentra a 70 m de profundidad. Se utilizó una técnica de secuenciación masiva RNA-seq para realizar análisis transcriptómico completo, estimando la abundancia de genes. Esta herramienta es útil para identificar genes expresados diferencialmente en respuesta a estímulos ambientales, y permite observar fenómenos de empalme, modificaciones post-transcripcionales, fusión génica, identificación de variantes y cambios en la expresión génica a lo largo del tiempo. Así, permite comparar la expresión génica en muestras con diferentes condiciones biológicas. En julio de 2023, se recolectaron un total de 120 muestras compuestas de hoja, tallo y se creó una base de datos. Se estandarizó la técnica de extracción de ARN en hoja con el kit RNeasy PowerPlant de QIAGEN y 10 muestras se encuentran en proceso de secuenciación. Comprender las respuestas genéticas de los nogales frente a diferentes tipos de estrés abiótico ayudará a desarrollar e implementar estrategias de riego más eficientes, garantizando así la sostenibilidad del cultivo.