

## HEREDABILIDAD DE LA RESISTENCIA A LA ROYA COMÚN (*P. melanocephala*) EN FAMILIAS FS DE CAÑA DE AZÚCAR

Simón GE<sup>1</sup>, NG Collavino<sup>2</sup>, JA Mariotti<sup>2</sup>, L Gray<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, <sup>2</sup>Laboratorio de Marcadores Moleculares, Facultad de Ciencias Naturales. Universidad Nacional de Salta.

e-mail: simongraciela@yahoo.com

Se registran antecedentes sobre el modo de herencia de la resistencia a la roya común, la que sería poligénica u oligogénica, con efectos principalmente aditivos y de interacción génica. Resulta importante identificar genotipos resistentes en los programas de mejora para su selección. Esta enfermedad causada por *Puccinia melanocephala*, es de gran impacto sobre la producción. El objetivo del trabajo es estimar la heredabilidad del carácter de resistencia utilizando la regresión de progenies sobre progenitores. Se realizó un experimento tipo BIP con base en 8 familias biparentales cada una integrada por 30 progenies FS y replicadas a campo en un diseño en bloques. La resistencia fue evaluada en tres cortes y años sucesivos, utilizando una escala internacional (0-9). Se identificaron cuatro categorías: Resistentes (0-1), Moderadamente Resistentes (2-3), Moderadamente Susceptibles (4-6) y Susceptibles (7-9). Para estimar la heredabilidad en el sentido estricto se realizó un análisis de regresión de la progenie sobre progenitor medio. La regresión estimada resultó altamente significativa, con un valor de  $b_{op} = 0,66$  y un  $R^2$  de 0,48. Esta estimación atribuida principalmente a los efectos aditivos de los genes puede resultar distorsionada por otros efectos genéticos relacionados, dada la compleja naturaleza de los híbridos de *Saccharum* spp. El valor estimado resulta útil para orientar en futuros cruzamientos las mejores combinaciones híbridas con el propósito de incrementar la frecuencia de genotipos resistentes en las progenies derivadas.

## DETECCIÓN MOLECULAR DE AGENTES CAUSALES DE ROYA EN CAÑA DE AZÚCAR Y DE GENES DE RESISTENCIA

Racedo J<sup>1</sup>, MF Perera<sup>1</sup>, R Bertani<sup>1</sup>, S Ostengo<sup>1</sup>, MI Cuenya<sup>1</sup>, A D'Hont<sup>2</sup>, B Welin<sup>1</sup>, AP Castagnaro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agropecuaria del Noroeste Argentino (ITA-NOA). Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres-CONICET, <sup>2</sup>Centre de Coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement (CIRAD). UMR AGAP, Montpellier cedex, France.  
e-mail: joracedo@gmail.com

La roya marrón (*Puccinia melanocephala*) y la roya naranja (*P. kuehni*) causan importantes pérdidas de rendimiento en caña de azúcar en el mundo. Dada la dificultad para distinguir estas enfermedades visualmente, es esencial contar con técnicas de diagnóstico específicas. El método más eficiente para controlar la enfermedad es el uso de variedades de caña de azúcar resistentes. Recientemente se ha descrito un gen mayor, *Bru1*, que confiere resistencia a un amplio espectro de razas de *P. melanocephala*, y se dispone de marcadores moleculares asociados a éste. Por estas razones, se planteó optimizar métodos de diagnóstico molecular de ambos patógenos y estudiar la utilidad de *Bru1* en germoplasma local para predecir un fenotipo resistente. Se colectaron 30 muestras de plantas con síntomas de roya y se optimizaron las condiciones de extracción de ácidos nucleicos para la amplificación del ADNr de hongos con 5 pares de cebadores. Todas las muestras sintomáticas fueron positivas para *P. melanocephala* y negativas para *P. kuehni*. En cuanto al estudio de resistencia a roya, se evaluó la presencia de *Bru1* y el fenotipo resistente/susceptible de 129 genotipos a campo. Se encontraron 49 genotipos resistentes, 8 de los cuales presentaron el gen *Bru1*. Se concluye que los protocolos optimizados constituyen herramientas de diagnóstico específicas para ambos patógenos. Por otra parte, los marcadores asociados a *Bru1* permitieron detectar al menos una fuente adicional de resistencia y posibilitarán la selección positiva de variedades resistentes bajo condiciones locales.

## MARCADORES MORFOLÓGICOS PARA LA DETECCIÓN DE DIFERENCIAS Y VARIABILIDAD GENÉTICA EN *Saccharum spp.*

Gutiérrez AV<sup>1</sup>, V Castillo<sup>1</sup>, D Rodríguez<sup>1</sup>, NG Collavino<sup>1</sup>, JA Mariotti<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal, Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta, <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.

e-mail: angela\_veronicag@hotmail.com

La caracterización morfológica en las colecciones se ha utilizado tradicionalmente con la finalidad de diferenciar accesiones y para su registro formal. Este trabajo utiliza los marcadores morfológicos para diferenciar pero también para detectar diversidad genética en híbridos *Saccharum spp.* que integran la colección del INTA. Para ello se seleccionaron 64 accesiones de interés fitotécnico. Las accesiones fueron caracterizadas en 59 marcadores morfológicos cualitativos y cuantitativos, sugeridos por UPOV, con mediciones directas o escalas objetivas. Las mediciones fueron replicadas utilizándose las medias para su análisis. En razón de que se trata de una estructura multidimensional compleja los datos fueron analizados con diferentes estrategias. Se estimaron parámetros de posición y dispersión, correlaciones y se aplicaron diferentes enfoques multivariados: árboles de similitud (UPGMA), coordenadas principales y análisis discriminante. El dendrograma permitió diferenciar la totalidad de las accesiones. Las muestras duplicas se reconocieron próximas (distancia 0,09). El análisis de coordenadas principales explicó el 64 % de la variabilidad con base en cuatro componentes principales. El análisis discriminante, identificando orígenes con un árbol de distancias mínimas, distinguió sin errores tres orígenes (US, FAM, R). En cuanto a otros orígenes (NA, TUC, Louisiana) se identificaron correctamente 40 accesiones. Las no identificadas (28,13 %) resultan confundidas, lo que seguramente se explica porque derivan de materiales cercanamente emparentados por su adaptación subtropical.

## ESTUDIOS DE LAS BASES GENÉTICAS DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN EL CULTIVAR DE TRIGO BUCK PONCHO

Darino MA, MJ Dieguez, MF Pergolesi, MV Lopez, LR Ingala, F Sacco.

Instituto de Genética "Ewald A. Favret" CICVyA-INTA CC25 (1712) Castelar, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: mdarino@cnia.inta.gov.ar

La roya de la hoja, causada por el hongo biótrofo *Puccinia triticina*, es una de las enfermedades más importantes del trigo en nuestro país. Las poblaciones del patógeno poseen gran capacidad para generar nuevas formas virulentas que se adaptan a los nuevos cultivares comerciales. Sin embargo, existen variedades conocidas como portadoras de resistencia durable, que no presentan niveles importantes de infección aún luego de alcanzar gran difusión en el cultivo como la variedad Buck Poncho. El objetivo de este trabajo consistió en la identificación y caracterización de genes de resistencia a roya en esta variedad y su validación a campo frente a infecciones naturales del patógeno. La detección de los genes de resistencia se realizó mediante infecciones artificiales en plántula y planta adulta, sobre una población F9 de líneas recombinantes homocigotas de B. Poncho X la línea susceptible Purplestraw, utilizando 13 razas del patógeno. Se utilizó la metodología de Análisis de Grupos Segregantes para localizar marcadores del tipo microsatélites asociados a los genes de resistencia y conocer su posición cromosómica. Se identificaron al menos 3 genes de resistencia, dos de expresión en plántula y uno de expresión en planta adulta. De los 2 genes en plántula, uno es el Lr10 localizado en el cromosoma 1A y el otro un nuevo gen localizado en el cromosoma 2D. El tercer gen, se localizó en el cromosoma 6A y se trataría de un nuevo gen de expresión en planta adulta. La combinación de los efectos de los tres genes de resistencia explicaría la resistencia de B. Poncho observada a campo.

## EFECTOS DEL GEN *Eps-A<sup>m</sup>1* ASOCIADO A PRECOCIDAD INTRÍNSECA EN *Triticum monococcum* INTRODUCIDO EN *T. turgidum* ssp. *durum*

Alvarez MA<sup>1,2</sup>, SM Lewis<sup>1</sup>, ML Appendino<sup>3</sup>, J Dubcovsky<sup>2,4</sup>, G Tranquilli<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA (1686) Hurlingham, Buenos Aires, Argentina, <sup>2</sup>Dept. Plant Sciences, University of California, Davis, CA 9561, USA, <sup>3</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires. (1417) -Buenos Aires- Argentina, <sup>4</sup>Howard Hughes Medical Institute, Chevy Chase, MD 20815, USA.

e-mail: gtranquilli@cnia.inta.gov.ar

El gen de precocidad intrínseca *Eps-A<sup>m</sup>1*, asociado con diferencias en el ciclo y en componentes de rendimiento, fue identificado en *Triticum monococcum* ( $2n = 2x = 14$ , genomas  $A^m A^m$ ) y mapeado en el cromosoma  $1A^m L$  por nuestro grupo de trabajo. Dado que la domesticación de *T. monococcum* es independiente de la domesticación del trigo poliploide (genoma A), nos planteamos que pueden transferirse características agronómicas deseables desde el genoma  $A^m$  a los trigos cultivados. Mediante ingeniería cromosómica, lograda por recombinación homeóloga entre los cromosomas  $1A^m$  y  $1A$ , transferimos un segmento cromosómico portador del gen *Eps-A<sup>m</sup>1* de la línea DV92 a *T. turgidum* ssp. *durum* ( $2n = 4x = 28$ , AABB). El segmento transferido abarca aproximadamente 30cM, estimado mediante caracterización con marcadores moleculares. Por retrocruzas con una línea tetraploide de trigo candeal (CBW0112) y selección asistida por marcadores moleculares, desarrollamos líneas cuasi isogénicas (BC5F3) que fueron evaluadas en ensayos conducidos bajo diferentes condiciones ambientales, para determinar efectos del gen sobre periodo a espigazón y número de espiguillas por espiga. Todos los experimentos mostraron que las líneas portadoras de *Eps-A<sup>m</sup>1* (+/+) florecieron significativamente más tarde y tuvieron mayor número de espiguillas por espiga que las líneas sin el gen (-/-). La magnitud de estos efectos es comparativamente menor al observado en *T. monococcum*. Es posible especular que en las líneas tetraploides *Eps-A<sup>m</sup>1* cuenta con un homeólogo en el genoma B, que enmascara sus efectos.

## EFECTO DE LA PRECOCIDAD SOBRE LA FLORACIÓN EN UNA POBLACIÓN SEGREGANTE DE RILs DE TRIGO PAN

Lombardo LA, MM Nisi, M Helguera. INTA Marcos Juárez. e-mail: llombardo@mjuarez.inta.gov.ar

La floración del trigo ( $2n = 6x = 42$ , AABBDD) es un evento controlado genéticamente por tres factores: requerimiento de vernalización, sensibilidad al fotoperíodo y precocidad intrínseca o *earliness per se* (*Eps*). Los genes de vernalización (*Vrn*) y fotoperíodo (*Ppd*) actúan en respuesta a estímulos ambientales (frío, horas luz por día) y los genes *Eps* se asocian con diferencias en floración del trigo una vez que los requerimientos de vernalización y fotoperíodo han sido satisfechos. En este trabajo se desarrolló una población segregante de 85 RILs estabilizada en F8 a partir del cruzamiento de Baguette 11 (tardía) y Biointa 2001 (precoz) con el objetivo de evaluar el efecto de *Eps* sobre floración. Cada individuo de la población fue caracterizado molecularmente en función de alelos segregantes para vernalización (*Vrn-A1*) y fotoperíodo (*Ppd-D1*) y fenotípicamente respecto a *Eps* (floración precoz o tardía en condiciones de fotoperíodo y vernalización satisfecha). Se realizó un ensayo a campo (tres fechas de siembra con tres repeticiones) determinándose días a espigazón. El ANOVA mostró efecto altamente significativo de *Eps* sobre floración independientemente de la fecha de siembra. De la variabilidad total observada *Eps* explicó 6,30, 7,16 y 14,06 % por fecha de siembra. No hubo interacción entre *Eps* y *Vrn-A1* y/o *Ppd-D1* en ninguna de las 3 fechas. Las plantas clasificadas como precoces espigaron 5,63, 5,29 y 6,61 días más temprano que las tardías. Estos resultados muestran un efecto consistente de *Eps* sobre espigazón, independiente de vernalización, fotoperíodo y fecha de siembra.

## EFECTIVIDAD DE LA SELECCIÓN TEMPRANA POR ALTA FERTILIDAD DE LA ESPIGA DE TRIGO PAN

Martino DL<sup>1</sup>, PE Abbate<sup>1</sup>, AC Pontaroli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP-EEA Balcarce INTA); Ruta 226 Km 73,5 (7620) Balcarce, Argentina, <sup>2</sup>CONICET.

e-mail: apontaroli@balcarce.inta.gov.ar

La selección por alta fertilidad de espiga (FE) y la obtención rápida de líneas avanzadas con alta FE podrían contribuir al mejoramiento del rendimiento y a la eficiencia de los programas de mejoramiento genético. La aplicación del método de descendencia de una sola semilla (DSS) podría contribuir al logro de este objetivo. Para generar información sobre la efectividad de la selección por alta FE en generaciones tempranas y el avance rápido de generaciones mediante DSS sin selección se analizó, en ensayos de campo, la FE de 143 plantas  $F_2$ , provenientes de un cruzamiento entre variedades contrastantes para la FE (Baguette 10 x Klein Chajá) y la FE de líneas  $F_5$  derivadas de las mismas a partir del método DSS sin selección. En madurez fisiológica se colectaron las espigas, y la FE se calculó como el cociente entre el número de granos y el peso seco de las espigas sin granos, de cada planta en el caso de la  $F_2$ , y de 15 espigas por línea en la generación  $F_5$ . El valor obtenido de heredabilidad en sentido amplio de la FE mediante la regresión progenie-progenitor fue 0,34 y el valor de la heredabilidad realizada (*i.e.* la diferencia entre la media del grupo seleccionado y la de la población en la  $F_5$ , expresada como valor relativo de la diferencia equivalente en la  $F_2$ ) estimado fue de 0,39. Estos resultados indican que la FE es un carácter de moderada heredabilidad y que la selección de plantas en generaciones tempranas por alta FE y el avance rápido de generaciones mediante DSS sin selección permite obtener rápidamente y en un espacio reducido, líneas estabilizadas con alta FE.

## CARACTERES ASOCIADOS CON LA TOLERANCIA AL VUELCO EN TRIGO PAN EN EL SUDESTE BONAERENSE

Mirabella NE<sup>1</sup>, PE Abbate<sup>1</sup>, AC Pontaroli<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP-EEA Balcarce INTA); Ruta 226 Km 73,5 (7620) Balcarce, Argentina., <sup>2</sup>CONICET.

e-mail: nemirabella@gmail.com

Frecuentemente el logro de un alto rendimiento de trigo pan se ve obstaculizado por el riesgo de vuelco. El vuelco es la pérdida de la normal posición vertical de los tallos. Para que la tolerancia al vuelco pueda ser considerada en el proceso de mejoramiento genético, sería deseable conocer qué caracteres de la planta se asocian al mismo y puedan ser evaluados fácilmente. La mayor parte de la información disponible se ha generado con cultivares extranjeros y en ambientes distintos a los del sudeste de Bs. As. El objetivo de este trabajo fue determinar la asociación entre el grado de tolerancia al vuelco y caracteres propuestos en la bibliografía, en cultivares de trigo pan evaluados a campo en el sudeste de Bs. As. Se evaluaron 16 cultivares en un ensayo comparativo de rendimiento correspondiente a la Red de Evaluación de Variedades de Trigo conducida con alta tecnología (RET-AT), de INTA Balcarce en 2010/11. El grado de tolerancia al vuelco se calculó como el promedio de los desvíos del índice de vuelco de cada cultivar en la RET-AT de cuatro ciclos agrícolas. Se evaluaron 9 variables presuntamente asociadas al vuelco. Como resultado, se encontraron diferencias significativas entre cultivares para las variables estudiadas. La variable más asociada con la tolerancia al vuelco resultó ser la altura de la planta ( $R^2= 0,50$ ;  $GL= 14$ ;  $P= 0,0023$ ). Estos resultados muestran que la altura sigue siendo el factor más importante en la tolerancia al vuelco aún en cultivares modernos con genes de enanismo incorporados

## CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y MOLECULAR DE HAPLOTIPOS DE *Ppd-A1* EN TRIGO PAN

Lombardo LA, MM Nisi, GD Fissore, M Helguera. INTA Marcos Juárez. e-mail: llombardo@mjuarez.inta.gov.ar

La respuesta a fotoperiodo juega un rol central en la espigazón del trigo pan (*Triticum aestivum* L.  $2n=42$  genomas AABBDD). *Ppd-D1* ubicado en el cromosoma 2D, es el gen principal en el control de la respuesta fotoperiódica de trigo, no obstante el locus *Ppd* se encuentra presente también en los cromosomas 2A y 2B. En este trabajo se desarrolló un marcador molecular tipo CAP de *Ppd-A1* (copia del genoma A). Con la finalidad de evaluar el efecto de haplotipos de este gen en una población biparental de 85 RILs F8 provenientes de la cruce BioINTA 2001 (B01)/Baguette 11 (B11), se realizó un ensayo con 3 fechas de siembra (fotoperiodos promedios de 11,82, 12,50 y 13,02 horas luz, respectivamente) considerando tres repeticiones por fecha y se determinó la variable días a espigazón desde emergencia por RIL. Para desarrollar el marcador CAP haplotipo-específico con el que se caracterizó la población se secuenció parcialmente *Ppd-A1* de B01 y B11 identificándose 7 SNPs de los cuales uno genera un polimorfismo de restricción. El ANOVA mostró un efecto altamente significativo de *Ppd-A1* sobre floración independiente de la fecha de siembra. Las plantas portadoras del haplotipo B01 espigaron 2,5 días más tarde que las portadoras del haplotipo B11 (90,32 vs. 87,82 días). Al particionar el análisis por fecha de siembra se observa un decaimiento en el efecto de *Ppd-A1* sobre la variable ( $p=0,02$ ,  $p=0,07$  y  $p=0,189$ ) correlacionado con el incremento en fotoperiodo. Por último se caracterizó un set de 24 variedades de trigo pan de las cuales 10 presentaron el haplotipo B11 (58 %) y 14 B01 (42 %).

## MASAS METABÓLICAS EN EXUDADOS FLOEMÁTICOS DE TRIGOS PANES ARGENTINOS CULTIVADOS BAJO DOS SUMINISTROS DE NITRÓGENO

Basile SML, MM Burrell, JA Cardozo, C Steels, F Kallenberg, JA Tognetti, H Dalla Valle, JW Rogers. Laboratorio de Biología Funcional y Biotecnología (CIC-BIOLAB AZUL) CIISAS, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional del Centro de la provincia de Buenos Aires. e-mail: marisol\_basile@yahoo.com.ar

El análisis de los metabolitos presentes en los exudados floemáticos es un indicador válido de los compuestos que estarán en los futuros granos y del efecto de la fertilización nitrogenada. Se realizó entonces, un ensayo con un DBCA donde el tratamiento de nitrógeno (N) fue la parcela principal y el cultivar (cv) la subparcela. Los exudados de 8 cv argentinos de trigo pan contrastantes en calidad panadera, se analizaron por ionización por electrospray (ESI) y espectrometría de masa por tiempo de vuelo (TOF-MS). El análisis de componentes principales (ACP) de las intensidades de las señales de las masas en CP1 vs. CP2 explicó el 56,5 % de la variación. Los cv fueron parcialmente discriminados por estos análisis, y ciertas masas fueron identificadas como altamente influyentes en las disgregaciones. Algunas masas mostraron diferencias entre cv pertenecientes a diferentes grupos de calidad. Se identificaron diferencias por ACP entre los tratamientos de N, aunque menos marcadas que las encontradas entre cv. Aún así, algunas masas mostraron notables diferencias en los valores obtenidos en el tratamiento con N en comparación con el testigo, lo que podría ser importante para explicar los efectos de la aplicación de N sobre ciertas características. Tres masas fueron significativas para la interacción cultivar-tratamiento y mostraron cambios en el ranking de cv con respecto al tratamiento de N. Se determinaron los grupos a los que se asignan estas masas; resta identificar los metabolitos involucrados entre los candidatos putativos y si las relaciones observadas son causales.

## ESTUDIO DE LA HEREDABILIDAD DEL CONTENIDO DE CLOROFILA EN PLANTAS DE TRIGO SOMETIDAS A ESTRÉS BIÓTICO

Tacaliti MS<sup>1</sup>, E Tocho<sup>2</sup>, VL Saldúa<sup>1</sup>, AM Castro<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Genética, Fac. de Cs. Agrarias, UNLP, <sup>2</sup>INFIVE CCT La Plata CONICET.  
e-mail: msilviatacaliti@yahoo.com.ar

El trigo (*Triticum aestivum* L) está expuesto a múltiples factores causantes de estrés biótico y que generan significativas pérdidas en su producción mundial. En el cromosoma 6A de trigo se ha identificado un elevado número de QTLs y genes relacionados con la tolerancia al estrés que harían disminuir esas pérdidas productivas. Uno de los parámetros en los que se basa la selección de materiales tolerantes es la persistencia de la clorofila. Por eso resulta de interés conocer la heredabilidad del contenido de clorofila en plantas sometidas a estrés. Se trabajó en una población de trigo constituida por plantas progenitoras (madre y padre), las F1 y las F2. En la generación F2 se seleccionó un 10 % de plantas superiores por presentar mayor tasa de crecimiento en estado de coleoptilo al ser asperjadas con etileno. En segunda hoja expandida fueron infestadas con pulgón ruso (*Diuraphis noxia*), mostrando un nivel alto de tolerancia. El contenido de clorofila (CC) se determinó en ese estado mediante un método no destructivo. La heredabilidad en sentido amplio del CC fue de 0,73, valor elevado que permitiría concluir que las plantas que seleccionadas fueron las que lograron inducir sus genes de resistencia con mayor eficacia. Estos resultados son de importancia con vistas a la mejora de la tolerancia al estrés en trigo.

## EFFECTOS DEL GEN GPC-B1 EN DIFERENTES AMBIENTES Y SU EXPRESIÓN DURANTE LA SENESCENCIA EN TRIGO PAN

Tabbita F<sup>1</sup>, M Kade<sup>2</sup>, SM Lewis<sup>1</sup>, AJ Barneix<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA, (1686) Hurlingham, Buenos Aires, Argentina, <sup>2</sup>Instituto de Suelos, CIRN, INTA, (1686) Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.  
e-mail: slewis@cni.inta.gov.ar

La concentración de proteínas en el grano (CPG) es uno de los caracteres que determinan el valor económico y nutricional de los cultivos destinados a panificación. El gen *Gpc-B1* para alta CPG, localizado en el cromosoma 6B proveniente de *Triticum turgidum* var. *dicoccoides*, pertenece a una familia de factores de transcripción denominada NAC involucrados en procesos de desarrollo y senescencia. El trigo pan incluye otros NAC en los cromosomas 2D, 6A, 6D y 2B. *Gpc-B1* fue introducido en dos fondos genéticos (BioINTA 3000 y ProINTA Granar) con el objetivo de cuantificar su efecto sobre la CPG y el rendimiento en distintos ambientes con y sin fertilización. Asimismo, se cuantificó su expresión (perfiles transcripcionales) durante la senescencia mediante Real Time qPCR. La incorporación de *Gpc-B1* produjo un incremento de la CPG en todos los tratamientos. No hubo interacción entre la presencia del gen y la fertilización; sí se observaron interacciones entre *Gpc-B1* y el ambiente. El rendimiento no fue afectado por la incorporación del gen. Los perfiles transcripcionales mostraron diferencias de expresión de los genes NAC entre las líneas BioINTA 3000 y ProINTA Granar (ambas con *Gpc-B1*), y entre las líneas sin el gen (líneas controles). Dentro de las líneas con fondo BioINTA 3000 (con y sin *Gpc-B1*) no hubo una marcada diferencia en la expresión de los genes NAC, mientras que en aquellas con fondo ProINTA Granar la expresión de los mismos fue significativa. La incorporación de *Gpc-B1* en los trigos argentinos permitirá una mejora de la calidad sin detrimento del rendimiento.

## CARACTERIZACIÓN DE LÍNEAS DE TRIGO QUE EXPRESAN EL TRANSGEN SARK::*ipt* BAJO ESTRÉS HÍDRICO

Beznec A<sup>1,2</sup>, P Faccio<sup>1</sup>, C Décima Oneto<sup>1</sup>, I Baroli<sup>1,2</sup>, G Soto<sup>2</sup>, E Bossio<sup>1</sup>, E Blumwald<sup>4</sup>, B Llorente<sup>3</sup>, A Díaz Paleo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, <sup>2</sup>CONICET, <sup>3</sup>Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, <sup>4</sup>Department Plant Sciences, University of California.

e-mail: ebossio@cnia.inta.gov.ar

Ha sido demostrado en tabaco y arroz que la sobre-expresión inducida del gen isopenteniltransferasa (IPT), que codifica la enzima limitante de la biosíntesis citocininas, bajo el control transcripcional del promotor del gen SARK (*Senescence Associated Receptor Kinase*) de poroto retarda la senescencia y aumenta la tolerancia al déficit hídrico. Con el objetivo de generar plantas de trigo (*Triticum aestivum* L.) tolerantes a la sequía se introdujo el cassette SARK: *ipt* en la variedad ProINTA Federal (PIF) mediante biolística. Se determinó por PCR y por Southern Blot la presencia del transgén SARK: *ipt* en las plantas regeneradas y en las progenies derivadas. Mediante auto-fecundación se obtuvieron seis líneas homocigotas independientes, las cuales fueron sometidas a déficit hídrico durante 24 días, en el intervalo que abarca desde los días previos a la aparición de hoja bandera hasta antesis inclusive. Se realizaron cinco muestreos a lo largo del tiempo en las líneas transgénicas con y sin déficit hídrico para caracterizar la expresión del transgén mediante RT-qPCR. Se relacionó la presencia del transcripto con parámetros fisiológicos y de rendimiento. Se obtuvo que el índice de cosecha fue afectado severamente (45 %) en las plantas WT con riego limitado; mientras que en una de las líneas transgénicas la reducción fue mínima (16 %). El mayor rendimiento se debería al incremento en el peso de los granos individuales, indicando los efectos positivos de IPT en el fortalecimiento de la espiga como destino de asimilados.

## EVALUACIÓN DE PLANTAS DE TRIGO CON EXPRESIÓN DEL TRANSGEN SN-1 FRENTE A *Fusarium graminearum*

Teves P<sup>1</sup>, A Beznec<sup>1,2</sup>, R Comerio<sup>3</sup>, C Vázquez-Rovere<sup>4</sup>, E Bossio<sup>1</sup>, P Faccio<sup>1</sup>, A Díaz Paleo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEAF, CICVyA, INTA, Castelar, 1712, Buenos Aires, Argentina, <sup>2</sup>CONICET, Argentina, <sup>3</sup>IMyZA, CICVyA, INTA, Castelar, 1712, Buenos Aires, Argentina, <sup>4</sup>Instituto Biotecnología, CICVyA, INTA, Castelar, 1712, Buenos Aires, Argentina.

e-mail: pfaccio@cnia.inta.gov.ar

Una de las estrategias actualmente en estudio para aumentar la resistencia de las plantas frente al ataque de hongos fitopatógenos es la expresión constitutiva de péptidos antimicrobianos. En estudios previos se obtuvieron sobre el fondo genético de la variedad ProINTA Federal (PIF) las líneas transgénicas sn178 y sn389, con expresión constitutiva del transgén *sn-1* que codifica para el péptido antimicrobiano snakin-1 proveniente de *Solanum chacoense*. Al desafiar estas líneas en ensayos *in vitro*, con el hongo *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*, se observó un aumento en la tolerancia a la infección. Entre las enfermedades fúngicas más perjudiciales para el cultivo de trigo, se encuentra la "fusariosis", causada por *Fusarium graminearum*, que coloniza los tejidos florales pudiendo causar aborto floral y disminución del desarrollo de los granos, entre otros perjuicios. En el presente trabajo, plantas de las líneas transgénicas de trigo sn178 y sn389, con expresión del transcripto de *sn-1* en hoja y espiga verificada por RT-PCR, fueron desafiadas con *F. graminearum*. Se inocularon las espiguillas centrales de espigas en antesis y se incubaron en condiciones de alta humedad relativa para promover la infección. El grado de desarrollo de la enfermedad se evaluó a los 20 días post-infección, en plantas transgénicas y controles PIF, Oasis y Sumai. Se observaron diferencias significativas entre PIF y sn178, que indicarían un aumento en la tolerancia a fusariosis debida a la expresión del transgén *sn-1*.

## TEST DE ALELISMO ENTRE GENOTIPOS INDUCTORES DE MUTACIONES DE HERENCIA MATERNA EN CEBADA

Petterson ME, VE Brizuela, AM Landau, MG Pacheco, A Martínez, AR Prina. Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA INTA Castelar. pcia. de Buenos Aires.  
e-mail: aprina@cni.inta.gov.ar

Los genotipos inestables se han postulado como herramientas útiles para ampliar la variabilidad genética, sobre todo la que se presenta en genes altamente conservados como los residentes en los plástidos. Este es el caso del genotipo mutador de cloroplastos de la cebada, que se ha descrito como regulado por un gen nuclear (Cpm/cpm), que en estado homocigota recesivo induce una gran diversidad de fenotipos mutantes de herencia materna y una gran variedad de polimorfismos en el ADN de los plástidos. En la colección de mutantes de genética inestable del IGEAF (Instituto de Genética "Ewald A. Favret") existe otra familia de similares características fenotípicas al mutador mencionado. En este trabajo se busca realizar una prueba de alelismo entre ambos. Para ello y teniendo en cuenta que en cebada la herencia de los plástidos es 100 % materna, se requiere en primera instancia desactivar la actividad mutadora mediante retrocruzas de las plantas de ambas familias, utilizándolas como padre, con plantas normales (genotipo no mutador). Se obtienen así plantas heterocigotas portadoras de plástidos normales que luego se cruzan entre sí y se autofecundan para realizar el estudio de los efectos mutadores (frecuencia de mutantes clorofílicas, quiméricas y/o sólidas) en las poblaciones segregantes. Se presentan los resultados de estos análisis que indican que la inestabilidad genética observada en ambas familias se origina en alelos mutantes que corresponden al mismo gen nuclear, cuya función, que se está intentando dilucidar, estaría relacionada con la reparación del ADN de los plástidos.

## DIVERSIDAD GENÉTICA DE GENOTIPOS DE ARROZ PARA VIGOR GERMINATIVO Y POLIMORFISMOS DE ADN ASOCIADOS

Meichtry MB, ML Bonell, AB Livore. INTA-EEA Concepción del Uruguay.  
e-mail: belenmeichtry@gmail.com

El vigor germinativo (VG) es un carácter importante en el desarrollo de variedades de arroz (*Oryza sativa* L.) con alto potencial de rendimiento. Está determinado por la capacidad del embrión, dentro de la semilla, para reanudar su actividad metabólica de manera coordinada y secuencial. Es controlado genéticamente e influenciado por la temperatura. Alto VG a bajas temperaturas, determina una alta tasa de crecimiento de la plántula, permitiéndoles un rápido y homogéneo crecimiento a campo. Mediante diferentes técnicas se han identificado regiones genómicas y/o genes candidatos asociados al carácter. Se caracterizaron fenotípicamente 23 genotipos pertenecientes a las subespecies *O. sativa* sp. *índica* y *O. sativa* sp. *japónica* por su VG a baja temperatura (16° C) utilizando 4 índices que evalúan las semillas germinadas a los 4, 7 y 14 días. Los genotipos fueron clasificados en bajo, intermedio y alto VG, teniendo como referencia testigos, utilizando ANOVA y Test de Comparación de medias DGC. Se caracterizaron molecularmente utilizando microsatélites y marcadores de polimorfismo de nucleótido simple (SNP) en el gen candidato Acetil-CoA carboxilasa. Los genotipos Puitá INTA CL, IRGA 417, El Paso 144, Cambá pertenecientes a la subespecie *índica*, y L201 perteneciente a la subespecie *japónica* tropical mostraron elevado VG. Las relaciones genéticas entre los 23 genotipos representadas en un dendograma, mostraron que los polimorfismos de ADN empleados fueron útiles para discriminar entre subespecies *índica* y *japónica*, pero no por sus diferencias en vigor germinativo



## COMPORTAMIENTO A SALINIDAD DE ARROCES DE CALIDAD ESPECIAL PROVENIENTES DE VARIACIÓN SOMACLONAL

Rachoski M<sup>1</sup>, A Gázquez<sup>1</sup>, A Rodríguez<sup>1</sup>, R Bezus<sup>2</sup>, A Vidal<sup>2</sup>, S Maiale<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>UBI IIB-INTECH, <sup>2</sup>Programa Arroz UNLP.  
e-mail: monicamra@hotmail.com

El arroz es uno de los cereales de mayor importancia económica debido a que provee alimento a más de la mitad de la población mundial. Uno de los limitantes a la producción es el estrés salino afectando el balance hídrico, la fotosíntesis y la productividad de la planta. En este trabajo se generó variación somaclonal en dos cultivares de arroz de calidad especial, Yerua y La Candelaria, con el objetivo de mejorar su comportamiento a estrés salino. Se evaluó el comportamiento por medio del análisis OJIP, el contenido de MDA y la temperatura foliar mediante fotografías térmicas en relación a sus parentales y una línea tolerante de referencia. Se observó un aumento de los niveles de MDA en las plantas salinizadas a partir del quinto día post-salinización con mayor contenido en Yerua. Al analizar las fotografías térmicas, se observó un aumento de la temperatura foliar con el tratamiento salino en ambos cultivares a 1 día y 5 días, mientras que a los de 10 días de tratamiento solo hay cambios significativos en el cultivar La Candelaria. Al representar la evolución de la temperatura foliar a través del tiempo, puede observarse un comportamiento diferencial entre los cultivares. Se observa que los parámetros de Fv/Fm y PIabs comienzan a presentar disminución a partir del día 5 post-salinización aunque solo el PIabs presenta diferencias significativas en el día 10 para ambos cultivares. Se concluye que el método de variación somaclonal es adecuado para el mejoramiento de cultivares de calidades especiales.

## SELECCIÓN GENÉTICA DE LÍNEAS MEJORADAS DE ALPISTE (*Phalaris canariensis* L.)

Cogliatti M, L Cortizo, WJ Rogers. Facultad de Agronomía, UNCPBA, (CIISAS, CIC-BIOLAB AZUL, CONICET-INBIOTEC), Av. Rep. Italia 780, (7300) Azul, provincia de Buenos Aires.  
e-mail: cmax@faa.unicen.edu.ar

El alpiste es una gramínea anual que se cultiva para la producción de granos. Si bien la Argentina tiene una larga tradición en su cultivo, es poco lo que se ha invertido en el mejoramiento genético y por lo tanto lo que se siembra comercialmente son poblaciones que exhiben agudas deficiencias agronómicas. A fin de identificar genotipos promisorios para ser registradas como cultivares comerciales en el país, en 2009 se seleccionaron 18 líneas experimentales, caracterizadas por poseer un peso de mil granos (PMG) mayor o igual a 8 g. Las líneas fueron derivadas de una población originaria de Marruecos, cedida por el USDA (accesión PI 284184), la cual había sido evaluada agronómicamente en 2004, 2005 y 2006, evidenciando una adecuada adaptación a las condiciones agroecológicas de la región Centro de la pcia. de Bs. As. y exhibiendo un alto rendimiento, asociados a un elevado PMG. En 2010 se realizó la multiplicación de las semillas, y en 2011 y 2012 se realizaron las evaluaciones agronómicas en ensayos a campo, en los cuales se incluyeron tres cultivares de referencia: el cv glabro canadiense CDC-María, el cv holandés Cantate y el cv estadounidense Aldén. Los ANOVA individuales para los dos ensayos no mostraron diferencias significativas para el rendimiento, aunque el análisis conjunto sí evidenció diferencias. Respecto al PMG y la altura de las plantas, se obtuvieron diferencias en ambos ensayos, así como en el análisis conjunto. Como resultado, fue posible identificar dos líneas promisorias, S4202 y S4203, caracterizadas por un alto PMG, buen rendimiento y baja estatura.

## HEREDABILIDAD DE CARACTERES ASOCIADOS A LA PRODUCCIÓN DE MATERIA SECA DE AGROPIRO ALARGADO

Pistorale S<sup>1,2</sup>, A Andrés<sup>2,3</sup>, M Maciel<sup>2,4</sup>, M Acuña<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján, <sup>2</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires, <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria, INTA, Pergamino, <sup>4</sup>Becaria CONICET. e-mail: susanapistorale@unnoba.edu.ar

Entre las gramíneas perennes más cultivadas en suelos con limitaciones en Argentina se destaca agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum* (Podp.) Barkworth et Dewey). Existen más de 500.000 has de pasturas en la Pampa Depresión Bonaerense que lo tienen como único o principal componente por su gran potencial como cultivo forrajero. En todo plan de mejoramiento genético es necesario el conocimiento de la variación genética heredable del material en estudio. Para los caracteres métricos, la heredabilidad es una de sus propiedades más importantes y la precisión en su estimación depende de una adecuada estimación de los componentes de varianza asociados. El objetivo del presente trabajo fue determinar la heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) de caracteres morfológicos relacionados con la producción de materia seca y seleccionar las mejores familias de medio hermanos (FMH) para ser incorporadas al programa de mejoramiento de la especie. Se evaluaron 15 FMH (45 individuos/FMH) y un cultivar comercial en un DBCA con tres repeticiones en condición de planta aislada. Los caracteres evaluados por planta fueron: número de macollos, altura y diámetro de la mata, peso seco y rebrote. Se realizó ANOVA a través del paquete estadístico SAS v9.1 y se estimaron los componentes de varianza a través de la esperanza de los cuadrados medios, mientras que la  $h^2$  se obtuvo a través de la media familiar para cada carácter. Los valores de  $h^2$  variaron de 0,00 a 0,58 indicando la posibilidad de selección de caracteres con mayor  $h^2$  y de interés como número de macollos ( $h^2 = 0,41$ ) y peso seco ( $h^2 = 0,32$ ).

## EFFECTO DE LA SALINIDAD EN EL CRECIMIENTO INICIAL DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE AGROPIRO ALARGADO

Maciel M<sup>1</sup>, A Andrés<sup>2</sup>, K Grunberg<sup>3</sup>. <sup>1</sup>CONICET-UNNOBA, <sup>2</sup>UI INTA Pergamino-UNNOBA, <sup>3</sup>IFRGV-CIAP INTA Cordoba. e-mail: mmaciel@pergamino.inta.gov.ar

Agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum* (Podp.) Barkworth et Dewey) es una especie forrajera de gran adaptación a suelos afectados por salinidad en la Depresión del Salado, Argentina. La salinidad afecta el crecimiento de las plantas, en particular durante el estadio de implantación del cultivo. El objetivo del estudio fue evaluar el efecto de la salinidad en 12 familias de medios hermanos (FMH) creciendo en condiciones de salinidad en hidroponía. Se aplicaron 3 tratamientos (TRAT) de ClNa: C= 0mM; S1= 150mM, S2= 300mM, en un DBCA con 3 repeticiones. A los 59 dds se evaluaron 5 caracteres de crecimiento inicial: altura (ALT) (cm), número de macollos (NM), peso fresco aéreo (PFA) (g) y radicular (PFR) (g) y peso fresco total (PFT) (g). Se aplicó ANOVA a 2 criterios de clasificación mediante SAS v9.1. Se estimaron los componentes de varianza y la  $h^2$  en base a la media familiar para cada carácter y cada tratamiento. Los resultados indicaron diferencias significativas ( $p < 0,05$ ). Se evidenció una importante reducción del crecimiento a medida que aumentó la concentración salina. Los valores de  $h^2$  variaron según el carácter considerado y fueron similares en los distintos TRAT para todos los caracteres (ALT: C= 0,44, S1= 0,44, S2= 0,40; NM: C= 0,21, S1= 0,35, S2= 0,26; PFA: C= 0,26, S1= 0,27, S2= 0,00; PFR: C= 0,00, S1= 0,11, S2= 0,00; PFT: C= 0,21, S1= 0,25, S2= 0,00) indicando la existencia de un importante componente genético aditivo para utilizar en selección.

## CARACTERIZACIÓN INICIAL DE POBLACIONES NATURALIZADAS DE *Festuca arundinacea* SCHREB.

Vega J, H di Santo, E Castillo, A Ferreira, E Grassi, V Ferreira. Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto. e-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

*Festuca* alta es una especie perenne, de crecimiento otoño-invierno-primaveral, de aceptable producción de forraje en suelos con limitaciones edáficas y tolerante a sequía. El objetivo fue caracterizar la situación inicial post-ransplante de poblaciones naturalizadas en la zona central subhúmeda-semiárida de Argentina a través de características morfofisiológicas. Para ello, se utilizaron 11 poblaciones recolectadas en el Centro Sur de Córdoba y Este de San Luis y tres testigos (T1-T3). El ensayo se realizó en macetas con diseño completamente aleatorizado y 32 plantas de cada población (unidades experimentales). Los caracteres observados fueron: aspecto fenotípico, biomasa aérea otoñal, N° de panojas y producción de semilla. Los valores obtenidos se analizaron mediante ANAVA, prueba DGC para diferenciación de medias y análisis de conglomerados. Los valores medios fueron: biomasa/planta =  $2,99 \pm 1,44$  g; panojas/planta =  $718 \pm 4,54$  y semilla/planta =  $0,87 \pm 0,75$  g. Se encontraron diferencias altamente significativas para los cuatro caracteres. Los testigos T1 y T2 fueron los de mayor biomasa, la población 3018DP superó significativamente a las restantes y todos los materiales superaron al T3. Siete poblaciones presentaron mayor número de panojas y producción de semilla que los testigos. El análisis de conglomerados (correlación cofenética = 0,923) diferenció los materiales en cuatro grupos. Dos estuvieron conformados por testigos T1+T2 y T3, mientras que las poblaciones se dividieron en otros dos grupos, coincidentes con alto y bajo número de panojas y producción de semilla.

## SELECCIÓN DE LÍNEAS AVANZADAS DE TRITICALE FORRAJERO

di Santo H, G Carena, E Grassi, A Ferreira, E Castillo, V Ferreira. Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto. e-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

El Triticale es un híbrido interespecífico que se emplea en la Argentina como recurso forrajero invernal para la producción de pasto y grano. Con el objetivo de seleccionar materiales aptos para uso forrajero, en la UN de Río Cuarto se realizaron ensayos comparativos de líneas avanzadas de triticale durante 2010, 2011 y 2012. Se probaron 47 líneas propias e introducidas por cooperación con el CIMMYT, mediante Diseño Aumentado con 5 testigos para ajustar los valores en cada bloque. La parcela experimental consistió en 7 surcos de 5 m a 0,20 m entre líneas. Los caracteres evaluados fueron: cantidad de materia seca (MS) en tres cortes (1C, 2C y 3C), MS acumulada en los tres cortes (S3C), MS acumulada hasta hoja bandera (HB) y peso de grano (PG). Con los valores ajustados obtenidos se confeccionó un índice de posición para cada caracter y se analizaron mediante análisis de componentes principales. Los valores medios obtenidos fueron de  $277,2 \pm 98,3$  g/m<sup>2</sup>, para 1C,  $182,3 \pm 39,9$  g/m<sup>2</sup> para 2C,  $170,6 \pm 48,9$  g/m<sup>2</sup> para 3C,  $6301 \pm 120,0$  g/m<sup>2</sup> para S3C,  $810,2 \pm 413,7$  g/m<sup>2</sup> para HB y  $206,6 \pm 120,4$  g/m<sup>2</sup> para PG. El análisis de componentes principales presentó una correlación cofenética de 0,802. Todos los caracteres excepto HB se asociaron positivamente con el componente principal 1. Los ensayos permitieron seleccionar 19 líneas superiores: 3 provenientes de cruza propias y las restantes de origen CIMMYT. Las líneas elegidas se incluirán en ensayos comparativos de rendimiento con el fin de validar su comportamiento productivo y estabilidad en diferentes ambientes.

## SELECCIÓN DE LÍNEAS AVANZADAS PARA PASTO Y GRANO DE TRITICALE Y TRICEPIRO

Castillo E, N Adamo, E Grassi, H di Santo, A Ferreira, V Ferreira.  
Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.  
e-mail: ecastillo@ayv.unrc.edu.ar

Triticales y tricepiros son cultivos sintéticos que diversifican la oferta de forraje fresco o diferido y grano de buena calidad. El objetivo fue evaluar la aptitud forrajera de 50 materiales: 3 reselecciones del tricepiro Don René-INTA y 46 líneas de triticale (11 obtenidas a partir de cruza propias y 36 introducidas del CIMMYT). Se utilizó un Diseño Aumentado (16 líneas y 5 testigos por bloque: 4 triticales forrajeros y el tricepiro Don René), durante 2010, 2011 y 2012. Se determinó: producción de materia seca en 3 cortes, en la suma de los cortes y acumulada hasta hoja bandera, y producción de grano. Se aplicaron análisis de varianza y de componentes principales. Los valores de las líneas se ordenaron de mayor a menor para cada carácter definiendo como base 100 al promedio de cada una. Los valores de los seis caracteres se promediaron para definir las líneas selectas. La acumulación media de forraje seco a hoja bandera fue de  $802,7 \pm 51,2$  g/m<sup>2</sup> (RV: 198,9- 2.224,3 g/m<sup>2</sup>) y el rendimiento en grano promedio resultó de  $204,9 \pm 58,7$  g/m<sup>2</sup> (RV: 4,8- 483,3 g/m<sup>2</sup>). Se seleccionaron once líneas como las más promisorias (un tricepiro y diez triticales). Dos triticales de los obtenidos en la UNRC obtuvieron la mayor materia seca acumulada junto con los testigos Yagán y Tizné, mientras que seis líneas de triticale (cinco del CIMMYT y uno de la UNRC) se destacaron como graníferas acompañadas por los testigos Don René-INTA y Eronga-CIMMYT. Las once líneas selectas se incluirán en ensayos comparativos para validar el comportamiento productivo y la estabilidad en diferentes ambientes.

## CARACTERIZACIÓN MORFOFISIOLÓGICA DE ESPECIES DEL GÉNERO *Thinopyrum* Y POBLACIONES DE *Festuca arundinacea*

Del Cantare F, H di Santo, A Ferreira, E Castillo, E Grassi, V Ferreira.  
Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.  
e-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

La región centro-sur de Córdoba se caracteriza por escasas precipitaciones y temperaturas rigurosas durante el invierno que dificultan la implantación y vida útil de cultivos forrajeros. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar a 6 especies del género *Thinopyrum* y 3 poblaciones de *Festuca arundinacea*. La evaluación se realizó en la UN Río Cuarto, utilizando 20 individuos por material. Se evaluaron 7 caracteres morfofisiológicos, dos de producción de biomasa y 5 reproductivos. Los datos obtenidos se analizaron mediante ANAVA, prueba de Duncan para diferencia de medias y análisis de conglomerados utilizando el programa estadístico InfoStat. Los valores medios para los caracteres productivos fueron: 10,62 g de biomasa/planta (RV= 1,35-18,37 g) y 0,41 g de semilla/planta (RV= 0-114 g). Se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los materiales para la mayoría de los caracteres. Las poblaciones de festuca presentaron similitudes entre ellas, con buen comportamiento frente a caracteres como vigor, biomasa, producción de semilla e índice de cosecha. Por su parte, dentro del género *Thinopyrum* se destacó *T. elongatum* con elevada producción de materia seca por planta y alto vigor, mientras que *T. ponticum* (población "Tur") tuvo nula producción de semilla y escaso vigor y junta a *T. bessarabicum* presentaron escasa producción de materia seca. El análisis de conglomerados (correlación cofenética= 0,928) diferenció claramente las especies y poblaciones. *T. elongatum* y las festucas resultaron las más apropiadas para incluir en un programa de mejora.

## CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE *Melilotus albus* DESR EN CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE SEMILLA

Varea I<sup>1</sup>, A Affinito<sup>1</sup>, L Elustondo<sup>1</sup>, BS Rosso<sup>2</sup>, A Andrés<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Escuela de Ciencias Agrarias Naturales y Ambientales, UNNOBA, <sup>2</sup>EEA-INTA Pergamino.

e-mail: ivanavarea@unnoba.edu.ar

*Melilotus albus* Desr es una leguminosa forrajera que se adapta a diversas regiones agroecológicas de la Argentina y esta naturalizada desde Santa Cruz hasta Misiones. El objetivo fue estudiar la variabilidad en caracteres de producción de semilla de 14 poblaciones del Banco de Germoplasma del INTA Pergamino, provenientes de Buenos Aires, Entre Ríos, Córdoba, La Pampa, Río Negro y Santiago del Estero. Cada población, de 45 genotipos, fue evaluada en planta aislada utilizando un DBCA con 3 repeticiones. Se registró altura de planta a la cosecha (APC) (cm), peso seco de ramas y tallos (PSRT) (g), peso total de semillas (PTS) (g) y peso de mil semillas (PM) (g). Los datos fueron analizados por SAS. Se estimaron las correlaciones fenotípicas y el grado de determinación genética (GDG). Los resultados indicaron diferencias altamente significativas ( $p < 0,001$ ) entre las poblaciones. Se obtuvieron valores de GDG intermedios (APC= 0,44; PSRT= 0,37; PTS= 0,36; PM= 0,45). Las correlaciones entre caracteres fueron altamente significativas y positivas entre APC y PSRT ( $r = 0,64$ ;  $p < 0,001$ ), entre APC y PTS ( $r = 0,48$ ;  $p < 0,001$ ), entre PSRT y PTS ( $r = 0,74$ ;  $p < 0,001$ ). Los resultados obtenidos indican una amplia variación entre y dentro de poblaciones para los caracteres de producción de semillas, debiéndose realizar evaluaciones más detalladas para su posterior incorporación en programas de selección y mejoramiento de la especie.

## VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA PRODUCCIÓN INVERNAL DE FORRAJE Y CAPACIDAD DE REBROTE EN *Melilotus albus*

Zabala JM, L Musso, JA Giavedoni. Fac. de Cs. Agrarias (UNL). e-mail: jnzabala@fca.unl.edu.ar

*Melilotus albus* es una especie forrajera anual de ciclo otoño-inverno-primaveral y tolerante a salinidad. El objetivo de este trabajo fue evaluar la heredabilidad de caracteres agronómicos y determinar la asociación entre ellos. Se evaluaron en Esperanza (Santa Fe) 15 plantas de 24 familias de medios hermanos generadas a partir de una población de floración tardía en un DCA. Se evaluó el crecimiento invernal a través de las variables altura de planta (AP), número (NH) y peso de hojas (PVH), tallo (PVTA) y total (PVTO), evaluadas en un corte a fines de agosto. Luego se evaluó el rebrote a través del número (NRB) y longitud de ramificaciones basales (LRB) a los 30 días del corte. Las heredabilidades encontradas fueron en orden de magnitud: AP (0,48), PVTA (0,35), NH (0,31), PVTO (0,28), LRB (0,25), PVH (0,23) y NRB (0,15). Las correlaciones genéticas fueron altas y positivas entre caracteres relacionados con el crecimiento invernal (PVH, PVTA y PVTO) y las variables NH y AP y negativa entre las variables relacionadas al crecimiento invernal y el NRB. Se realizó la evaluación agronómica por dos años en un ambiente salino y no salino de una selección de las 8 familias con mayor producción invernal y la original. Esto confirmó los resultados encontrados en el ensayo inicial y permitió diseñar la consecución del programa de mejoramiento. Los resultados indican la factibilidad de la selección para una mayor producción invernal. A futuro se estudiará el origen de la correlación genética negativa entre producción invernal y capacidad de rebrote.

## CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE *Melilotus albus* DESR. EN CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE FORRAJE

Cattoni MP<sup>1</sup>, BS Rosso<sup>1</sup>, MD Beliera<sup>2</sup>, A Andrés<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria, INTA, Pergamino, <sup>2</sup>Becaria UNNOBA.  
e-mail: mcattoni@pergamino.inta.gov.ar

*Melilotus albus* Desr es una leguminosa forrajera que se adapta a diversas regiones agroecológicas de la Argentina. El objetivo del estudio consistió en estimar la variabilidad presente en 11 poblaciones provenientes del Banco de Germoplasma del INTA Pergamino. Cada población integrada por 15 genotipos fue dispuesta en condición de planta aislada utilizando un diseño en bloques completos al azar con tres repeticiones. En cada genotipo se evaluó el peso de la materia seca (PMS), la altura de planta al corte (AP), la relación hoja/tallo (H/T) y la digestibilidad verdadera *in vitro* de la materia seca del tallo (DVIVMST). Los datos fueron analizados mediante el procedimiento GLM de SAS. Se estimaron las correlaciones y el grado de determinación genética (GDG) de las variables evaluadas. Los resultados indicaron diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) entre las poblaciones para PMS y AP pero no para H/T y DVIVMST. Los valores de GDG estimados fueron de 0,34 y 0,47 para PMS y AP respectivamente. Las correlaciones entre caracteres fueron significativas ( $p < 0,05$ ) y positiva entre AP y PMS (0,70) y significativa ( $p < 0,05$ ) y negativa entre AP y H/T (0,60). Las poblaciones presentaron una variabilidad intermedia para AP y PMS debiendo realizarse, en un futuro, una evaluación más amplia en cuanto a caracteres agronómicos y variables de calidad de forraje para su posterior incorporación en programas de selección y mejoramiento de la especie.

## SISTEMA DE POLINIZACIÓN, FERTILIDAD E HIBRIDACIÓN EN *Acroceras macrum* STAPF

Schedler M<sup>1</sup>, SC Ferrari Usandizaga<sup>2</sup>, EA Brugnoli<sup>2</sup>, AL Zilli<sup>2</sup>, AI Weiss<sup>1</sup>, CA Acuña<sup>2</sup>, EJ Martínez<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.  
e-mail: kkinara@hotmail.com

*Acroceras macrum* es una gramínea africana de importancia forrajera para suelos bajos del NEA. El objetivo del trabajo fue determinar el sistema de polinización, la fertilidad y la obtención de híbridos intraespecíficos de *A. macrum*. Se utilizaron 22 genotipos tetraploides (4x) y 5 hexaploides (6x). El sistema de polinización se determinó mediante la producción de semillas en autopolinización y polinización abierta. La fertilidad se estimó en base a la viabilidad del polen y la producción de semillas. La obtención de híbridos involucró cruzamientos controlados realizados en invernáculo y a campo. La viabilidad del polen mostró un rango de variación de 8,9 a 69,5 %, con una media de 45,1 % para los 4x, y 27,4 % para los 6x. La producción de semillas en autopolinización varió entre 0 y 18 %, con una media de 5,0 % para los 4x y 0 % para los 6x. En polinización abierta, la variación fue de 3,7 a 69 %, con una media de 34,5 % para los 4x y 1,5 % para los 6x. Se realizaron 15 combinaciones en invernáculo y 22 a campo. La producción de semilla bajo invernáculo mostró un rango de variación de 0 a 32 %; mientras que a campo fue de 0 a 39 %. Las combinaciones que involucraron progenitores femeninos 6x no produjeron semilla. Hubo correlación positiva entre viabilidad del polen del progenitor masculino 4x y producción de semillas. Los resultados obtenidos indican que *A. macrum* es una especie alógama, con fertilidad variable en función del nivel de ploidía y el genotipo considerado.

## DIVERSIDAD GENÉTICA EN *Acroceras macrum* STAPP

Ferrari Usandizaga SC<sup>1</sup>, M Schedler<sup>2</sup>, EA Brugnoli<sup>1</sup>, AL Zilli<sup>1</sup>, EJ Martínez<sup>1</sup>, CA Acuña<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IBONE (CONICET-UNNE), <sup>2</sup>EEA INTA-Corrientes.  
e-mail: efeseis@yahoo.com.ar

*Acroceras macrum* es una gramínea perenne de origen africano que crece en regiones cálidas y suelos anegados. Su metabolismo fotosintético de tipo C<sub>3</sub> le proporciona características nutricionales superiores a las del pastizal natural, sin embargo su adopción es baja porque no es posible implantarla mediante semilla fértil. El objetivo del trabajo fue determinar la diversidad genética de una colección de *A. macrum*. Se trata de líneas experimentales introducidas de Sudáfrica, en la década del 80 y 90, por parte del INTA y algunos productores de Corrientes. Se analizaron en total 27 genotipos, de los cuáles 22 resultaron ser tetraploides ( $2n=4x=36$ ) y 5 hexaploides ( $2n=6x=54$ ). Se usó como control un genotipo de *P. simplex*. Se utilizaron marcadores basados en microsátelites (ISSR) para obtener los perfiles genéticos. El agrupamiento se realizó por el método de encadenamiento promedio y la distancia genética a partir del índice de disimilitud de Jaccard. Se evaluaron 10 primeros ISSR y se detectaron 210 loci en los genotipos 4x y 119 loci en los 6x. La distancia genética entre todos los genotipos de *A. macrum* mostró un rango de variación entre 0,5 y 0,9. Los genotipos 4x se agruparon separados de los 6x. La distancia genética entre los genotipos 4x mostró un rango de variación entre 0,5 y 0,9; mientras que entre los genotipos 6x fue entre 0,5 y 0,8. Los resultados demostraron una amplia diversidad genética en ambos niveles de ploidía. Esta colección servirá de base para iniciar un programa de mejoramiento genético para la especie.

## VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y FENOLÓGICA EN *Acroceras macrum* STAPP

Weiss AI<sup>1,2</sup>, SC Ferrari Usandizaga<sup>2</sup>, EA Brugnoli<sup>1</sup>, M Shedler<sup>1,2</sup>, EJ Martínez<sup>1</sup>, CA Acuña<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias UNNE, <sup>2</sup>EEA-INTA Corrientes.  
e-mail: alejandraweiss1@hotmail.com

La diversidad genética contenida en el germoplasma de *Acroceras macrum* introducido en Argentina se desconoce. El objetivo del trabajo fue estimar la variabilidad de caracteres morfológicos y fenológicos en una colección de *A. macrum*. Se utilizaron 26 genotipos previamente caracterizados cromosómicamente y molecularmente. Se evaluaron 15 variables correspondientes a planta entera, tallos, hojas, inflorescencias y extensión del periodo vegetativo. Las variables más informativas han sido la altura de planta, crecimiento inicial, longitud de entrenudos y duración del periodo vegetativo. La altura mostró un rango de variación entre 18,5–64,5 cm; mientras que el ancho de la base de cada planta varió entre 0,74–119 m. Ambas variables definieron el hábito de crecimiento, distinguiendo portes erectos, semierectos y rastreros. La longitud de los entrenudos varió entre 3,8–7,4 cm, con una media de 5,7 cm, y el más alto coeficiente de variación entre las variables en estudio (35,6 %). El periodo vegetativo tuvo un rango de 33–90 días mientras que la máxima floración se dio entre 45–93 días, esto evidencia una diferencia significativa ( $p<0,0001$ ), donde aquellos que presentaron menores periodos vegetativos fueron los primeros en manifestar su máxima floración. Las distancias Euclidianas mostraron un rango de variación entre 1,6–8,2. El análisis de varianza multivariado demostró que todos los genotipos presentan diferencias significativas para las variables en estudio ( $F=6,02$ ;  $p<0,0001$ ). La variabilidad encontrada es adecuada para iniciar un programa de mejoramiento genético en la especie.

## RETRASO DE LA SENESCENCIA FOLIAR EN ALFALFA TRANSGÉNICA FRENTE A SEQUÍA

Löwenstein E, VM Beltrán, MC Gómez, EM Pagano. Instituto de Genética "Ewald A. Favret" CICVyA, INTA.  
e-mail: epagano@cnia.inta.gov.ar

En el Instituto de Genética del INTA se obtuvieron eventos de alfalfa que contienen el transgen SARK-ipt, cuyo promotor es inducible y frente a la senescencia natural o ante condiciones de estrés permite la expresión de la secuencia codificante isopentenil transferasa (ipt), enzima clave en la síntesis de citoquininas. Plantas transgénicas que mostraron un retraso significativo en la senescencia foliar en ensayos *in vitro*, fueron evaluadas frente a condiciones de estrés hídrico en un ensayo de aproximadamente 8 meses con 3 periodos de sequía. El riego luego de la última etapa, se aplicó en forma restringida durante 60 días. Durante los periodos de sequía se realizaron semanalmente observaciones de los cambios de color, turgencia y desecamiento de las plantas mediante escalas numéricas, evaluándose al final de cada uno materia seca y rebrote. Luego del tercer periodo de sequía se estudió el estado fenotípico de las plantas y del sistema radicular. Los resultados obtenidos permiten indicar que la introducción de la construcción genética SARK-ipt no produjo cambios significativos en los caracteres morfométricos evaluados, sin embargo los eventos transgénicos mostraron una amplia variabilidad en la senescencia foliar y desarrollo radicular luego de ser sometidos a periodos sucesivos de estrés hídrico. Al menos 4 eventos transgénicos mostraron un alto retraso de la senescencia en condiciones de severa sequía en comparación a los controles no transgénicos, indicando un comportamiento de tolerancia frente a condiciones de estrés hídrico.

## ANÁLISIS MULTIVARIADO PARA LA EVALUACIÓN DE RAIGRÁS ANUAL DIPLOIDE EN CONDICIONES SALINO-SÓDICAS

Palacios N<sup>1</sup>, J Lavandera<sup>2</sup>, N Fioravanti<sup>2</sup>, M Acuña<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la pcia. de Buenos Aires, <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.  
e-mail: macunia@pergamino.inta.gov.ar

La salinidad del suelo es un problema creciente en todo el mundo. La actividad ganadera ha sido relegada hacia suelos con numerosas restricciones tales como la salino-sódica. El raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam.) diploide es una de las forrajeras templadas más utilizadas en Argentina, posee alto valor nutritivo y se emplea en diversos sistemas ganaderos. Existen numerosos estudios que demuestran la posibilidad de realizar mejoramiento genético de la especie para este tipo de ambientes. El objetivo del trabajo fue evaluar 4 poblaciones (pob) pertenecientes al Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino y 2 materiales semi-híbridos. El ensayo se realizó en el campo experimental de la EEA INTA Pergamino (33° 56' O y 60° 43' S), en un DBCA con tres repeticiones, las variables medidas fueron: vigor de planta en tres momentos (V1: 11/09, V2: 05/11, V3: 19/11), peso seco de planta (PSP) al momento de la cosecha (planta entera sin espiga y raíz), peso de semillas (PSEM) y peso de mil semillas (PMIL). Los análisis realizados fueron componentes principales y análisis de agrupamiento a través del método Ward, ambos mediante el paquete estadístico SAS 9.1v. Los resultados obtenidos fueron consistentes para ambos análisis, las variables PSEM y PMIL explicaron el 90 % de la variabilidad, destacándose la pob RS09, que presentó el mayor PSEM y PSP, seguida por pob RS10. Estas poblaciones se consideran materiales promisorios de ser incluidos en el programa de mejoramiento genético de la especie.



## COMPONENTES DEL RENDIMIENTO EN LÍNEAS DE TRITICALE GRANÍFERO

Artero F<sup>1</sup>, H di Santo<sup>1</sup>, A Ferreira<sup>1</sup>, E Castillo<sup>1</sup>, E Grassi<sup>1</sup>, V Ferreira<sup>1</sup>, H Paccapelo<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto, <sup>2</sup>Facultad de Agronomía, UN La Pampa.  
e-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El objetivo de este trabajo fue la evaluación de 55 líneas homocigotas seleccionadas por su adaptación a la región subhúmeda pampeana, ciclo de vida, tolerante a estrés invernal y rendimiento en grano. Las líneas provenían de 210 introducciones originales del ITYN-CIMMYT. La siembra se efectuó el 21/6/12 en diseño en bloques completos al azar con 3 repeticiones y 3 testigos. Se analizó el rendimiento y sus componentes: N° de espigas/m<sup>2</sup>, N° de granos/espiga y peso de 1000 granos. El rendimiento fue  $201,8 \pm 79,4$  g/m<sup>2</sup> y los promedios de los componentes fueron:  $198,4 \pm 61,0$  espigas/m<sup>2</sup>,  $291 \pm 8,7$  granos/espiga y  $36,0 \pm 6,2$  g/1000 granos. Los genotipos difirieron significativamente en los componentes del rendimiento. El análisis de sendero reveló correlación alta y significativa del rendimiento con N° de granos/espiga ( $r=0,45$ ) y N° de espigas/m<sup>2</sup> ( $r=0,63$ ). A los efectos de identificar diferentes estrategias en la conformación del rendimiento, se formaron 3 subgrupos en base a las 18 mejores líneas para cada carácter: (a) de alto N° de espigas/m<sup>2</sup>, (b) de alto N° de granos/espiga y (c) de alto peso de grano. La correlación entre rendimiento y N° de espigas/m<sup>2</sup> aumentó en todos los subgrupos, mientras que la correlación entre rendimiento y N° de granos/espiga aumentó en los subgrupos (a) y (c) pero disminuyó en el subgrupo (b). Los caracteres contribuyeron en forma diferente al rendimiento, incluso con variación entre genotipos, lo cual sugiere un control genético independiente. Esto alienta la búsqueda de líneas con diferentes estrategias para conformar el rendimiento.

## IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS SUPERIORES EN LÍNEAS AVANZADAS DE TRITICALE (X *Triticosecale* WITTMACK)

Felgueras S<sup>1</sup>, F Pantuso<sup>2</sup>, D Bianchi<sup>1,2</sup>, E Sarlinga<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidad del Salvador, Escuela de Agronomía, <sup>2</sup>Universidad de Luján, Dpto. Tecnología.  
e-mail: pantuso@unlu.edu.ar

El triticale (*X Triticosecale Wittmark*) es un alopoliploide que procede del cruzamiento de trigo y centeno, es utilizado como verdeo invernal, destacándose además por su producción de grano, desarrollándose principalmente en las regiones semiáridas en sistemas de producción mixtos. El objetivo del presente trabajo fue identificar genotipos superiores en líneas avanzadas de triticale, comparándolas con materiales comerciales, en cuanto a la producción de grano. El ensayo fue conducido en el campo experimental de la Universidad Nacional de Lujan durante el año 2011, se evaluaron 15 materiales, de los cuales 5 fueron triticales comerciales, 5 trigos comerciales y 5 líneas avanzadas de triticale (Tr) provenientes del CIMMYT. La siembra se realizó el 13 de junio de 2011. El diseño experimental utilizado fue en bloques completos aleatorizados con 3 repeticiones, en parcelas de 3 surcos a 0,20 m por 5 m de largo. Se fertilizó con fosfato diamónico en macollaje equivalente a 150 Kg/ha. Para el control de malezas se utilizó 2,4D (48,5 g/100 cm<sup>3</sup>) en dosis de 1 lt/ha PF en post emergencia entre 5 hojas y previo al inicio de encañado. La cosecha se realizó el 13 de diciembre de 2011 en forma manual, para su posterior trilla. Los datos se analizaron mediante ANOVA y test DMS al 5 % de probabilidad. Los resultados obtenidos muestran que la línea avanzada Tr30 tuvo el mejor rendimiento en grano, superando de manera estadísticamente significativa a varios de los materiales comerciales utilizados como testigos.

## EL ORIGEN DE LOS CITOTIPOS POLIPLÓIDES DEL COMPLEJO *Paspalum stellatum* (POACEAE)

Bonasora MC<sup>1</sup>, E Monteverde<sup>3</sup>, AI Honfi<sup>2</sup>, PR Speranza<sup>3</sup> y GH Rua<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Cátedra de Botánica Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Argentina. <sup>2</sup>Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, Universidad Nacional de Misiones, Argentina. <sup>3</sup>Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República de Uruguay.  
 e-mail: bonasora@agro.uba.ar

El género *Paspalum* comprende ca. 350 especies mayormente americanas. Con pocas excepciones, presentan un número básico  $x = 10$ . *Paspalum stellatum* Humb. & Bonpl. ex Flügge se distribuye desde México y el Caribe hasta el nordeste de Argentina. Comprende citotipos diploides con  $2n = 20$  cromosomas y una inusual serie de citotipos poliploides con  $2n = 32, 44$  y  $52$ . *Paspalum stellatum* es afín a *P. eucomum* Nees ex Trin. y *P. malmeanum* Ekman, la primera del centro y sur de Brasil, con  $2n = 30$ ; la segunda del centro-oeste de Brasil y este de Bolivia. Las poblaciones de *Paspalum malmeanum* del Oriente Boliviano presentan  $2n = 20$ , mientras que las del cerrado brasileño tienen  $2n = 12$ . Hemos propuesto hipotéticamente que los distintos citotipos poliploides de *Paspalum stellatum* serían resultantes de la hibridación interespecífica entre esta especie y *P. malmeanum*. A los fines de establecer si hubo un único origen de cada uno de los citotipos poliploides que conforman el complejo se realizó un análisis con marcadores moleculares ISSRs. Se analizaron materiales de distintas procedencias de 7 citotipos, se extrajo ADN y se amplificaron secuencias con 3 marcadores ISSRs. Se realizó un análisis de coordenadas principales (PcoA) utilizando la distancia genética de Jaccard. Los resultados mostraron que existe una alta variabilidad dentro de cada citotipo, y una mayor afinidad entre materiales provenientes de la misma región geográfica, independientemente de su nivel de ploidía. Este resultado es consistente con la hipótesis de orígenes múltiples de los citotipos alopoliploides.

## PROGENIE DE UN CRUZAMIENTO SEXUAL X APOMÍCTICO ENTRE DOS ESPECIES DEL GRUPO PLICATULA DE *Paspalum*

Novo PE, F Espinoza, CL Quarin. Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina.  
 e-mail: pnovo@agr.unne.edu.ar

El grupo Plicatula abarca cerca de 30 especies morfológicamente afines a *P. plicatulum*. La mayoría son tetraploides ( $4x$ ) y apomícticas aunque algunas contienen también citotipos diploides sexuales. No existen plantas  $4x$  sexuales en poblaciones silvestres de estas especies. En el IBONE existe un genotipo autotetraploide sexual ( $4xS$ ) de *P. plicatulum* generado experimentalmente. Los objetivos fueron: 1) conocer la meiosis y el sistema reproductivo de *P. oteroi*, especie  $4x$ , estolonífera y adaptada al anegamiento en la región del Pantanal, Brasil. 2) Determinar su relación genómica con *P. plicatulum* y la factibilidad de transferir genes entre ambas especies. Usamos la planta  $4xS$  como madre y la cruzamos con *P. oteroi*. Se analizó la meiosis, el sistema reproductivo y la fertilidad de los híbridos. El apareamiento cromosómico en la meiosis de *P. oteroi* indica que es autotetraploide, mientras que el de los híbridos sugiere que existe cierto grado de homología entre los genomas de los padres. La relación de contenido de ADN entre los núcleos del embrión y los del endospermo revelan que *P. oteroi* es apomíctico y que este carácter segregó en la descendencia ya que 8 de los híbridos analizados resultaron sexuales y 3 apomícticos. La fertilidad (% de espiguillas con cariopse) es muy variable aunque en algunos híbridos supera el 50 %. La fertilidad manifestada por algunos híbridos y la segregación del carácter reproductivo (apomixis) sugieren que es posible transferir genes y utilizar el carácter apomixis en el mejoramiento genético de estas interesantes forrajeras silvestres.

## OBTENCIÓN DE UNA POBLACIÓN TETRAPLOIDE SEXUAL SINTÉTICA DE *Paspalum notatum*

Zilli AL<sup>1</sup>, EF Rios<sup>4</sup>, CA Acuña<sup>1,3</sup>, CL Quarín<sup>1,2</sup>, EJ Martínez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>IBONE-CONICET, <sup>2</sup>Cátedra de Genética y Fitotecnia; FCA-UNNE, <sup>3</sup>Cátedra de Forrajicultura; FCA-UNNE, <sup>4</sup>University of Florida.  
e-mail: alexzilli@gmail.com

*Paspalum notatum* Flüggé es una gramínea perenne nativa del continente americano, utilizada como forrajera y césped. Posee citotipos diploides de reproducción sexual y poliploides apomícticos. El mejoramiento de la especie requiere contar con individuos sexuales y apomícticos con igual nivel de ploidía. En la naturaleza existe una amplia diversidad de 4x apomícticos; sin embargo, no se han encontrado 4x sexuales. Existen unos pocos 4x sexuales, obtenidos experimentalmente, los cuales poseen una estrecha variabilidad genética. El objetivo de este trabajo fue generar una población 4x sexual sintética de *P. notatum*, con la finalidad de ampliar la base genética del germoplasma 4x sexual. Se realizaron 10 combinaciones (familias) entre tres genotipos 4x sexuales y diez ecotipos 4x apomícticos. Se obtuvieron en total 473 híbridos, los cuales fueron clasificados por su modo de reproducción, mediante el uso de un marcador molecular específico de la apomixis y observación de sacos embrionarios maduros. La población sintética se formó por el intercrucamiento de los híbridos F<sub>1</sub> sexuales de las 10 familias. Se seleccionaron 3 híbridos sexuales por familia, teniendo en cuenta la variación fenotípica, los cuales fueron intercrucados en forma controlada. La producción de semillas (cariopsis) de cada híbrido sexual intercrucado fue muy variable, oscilando entre 5 % y 81 %, con una media de 50,3 % (CV 0,37). Las semillas logradas serán utilizadas para obtener una población tetraploide sexual sintética, la cual será evaluada con marcadores moleculares para determinar su variabilidad genética.

## IDENTIFICACIÓN TEMPRANA DE HÍBRIDOS TETRAPLOIDES APOMÍCTICOS DE *Paspalum simplex* MORONG

Brugnoli EA, EJ Martínez, CA Acuña. Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.  
e-mail: abrugnoli@agr.unne.edu.ar

La apomixis es un modo de clonación natural a través de semillas. La obtención de híbridos heteróticos apomícticos es de gran interés. En *Paspalum simplex*, se obtuvieron experimentalmente plantas tetraploides sexuales que posibilitaron la hibridación con ecotipos tetraploides apomícticos. Hasta el momento, la identificación de híbridos apomícticos se realizaba por estudios citoembriológicos y citometría de flujo en plantas adultas. El objetivo de este trabajo fue obtener una metodología de detección temprana (plántula) de híbridos tetraploides apomícticos de *P. simplex*. Se realizaron cruzamientos controlados entre genotipos 4x sexuales y ecotipos 4x apomícticos. Se lograron 8 familias diferentes y 30 híbridos por familia, en estado de plántula, fueron clasificados reproductivamente, por medio de un marcador molecular específico de la apomixis en *P. simplex* (SCAR). Para corroborar la técnica evaluada, una muestra de semillas fue analizada por citometría de flujo. La frecuencia de híbridos apomícticos detectada con el SCAR varió en las distintas familias entre 0,1 y 0,6. La clasificación por citometría de flujo coincidió en un 97 %, detectando niveles de expresión variable de la apomixis entre los híbridos (2,5 a 100 %). Es posible que esta pequeña diferencia entre las técnicas se deba a la baja expresión de la apomixis en algunos híbridos. El SCAR específico de la apomixis resultó ser eficaz para la identificación temprana de híbridos apomícticos de *P. simplex*. Sin embargo, para conocer el nivel de expresión de la apomixis es necesario recurrir a otras técnicas.

## POBLACIONES NATIVAS DE MAÍZ COMO FUENTE DE VARIABILIDAD GENÉTICA

Llanes MS<sup>1</sup>, RA Defacio<sup>1,2</sup>, R Perovich<sup>1</sup>, ME Ferrer<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires. Monteagudo 2772, Pergamino, Bs As., <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Pergamino. Ruta 32 Km 4,5, Pergamino, Bs As. e-mail: sole\_llanes\_55@hotmail.com

Las fluctuaciones climáticas y las variaciones en las demandas de los mercados plantean la necesidad de generar nuevas variedades de los cultivos que permitan que los mismos se adapten a estas condiciones. En Argentina el Banco Activo de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino (BAP) conserva poblaciones nativas de maíz ofreciendo la oportunidad de disponer de las mismas para incluir en Programas de Mejoramiento Genético. En este trabajo se evalúa el comportamiento a campo de 52 poblaciones nativas de maíz de endosperma dentado y semidentado de las provincias de Corrientes y Entre Ríos conservadas en el BAP, para evaluar la variabilidad genética de las mismas. Se incluyeron como testigos 4 variedades sintéticas mejoradas. La evaluación se llevó a cabo en dos localidades, Pergamino y Ferré, con dos repeticiones en cada una. La unidad experimental consistió en 2 surcos de 5 metros cada uno separados entre sí por 0,7 metros; a una densidad de 5 plantas por metros, usando un diseño en bloque completamente aleatorizado. Se evaluaron 23 variables cuantitativas de interés agronómico. Con estos datos se realizó un Análisis de Componentes Principales. Las variables asociadas al desarrollo vegetativo se correlacionan con el Componente 1 mientras que las asociadas al desarrollo reproductivo lo hicieron con el Componente 2. Se evidenció un comportamiento diferencial de todas las poblaciones entre ambientes. Además, los testigos se distinguen por presentar mayor rendimiento y sus componentes mientras que las poblaciones nativas se caracterizan por presentar mayor desarrollo vegetativo.

## EVALUACIÓN DE CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS DE POBLACIONES LOCALES DE MAÍZ REVENTADOR

Perovich RA<sup>1</sup>, RA Defacio<sup>1,2</sup>, MS Llanes<sup>1</sup>, ME Ferrer<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires. Monteagudo 2772, Pergamino, Bs As., <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Pergamino. Ruta 32 Km 4, 5, Pergamino, Bs As. e-mail: mferrer@pergamino.inta.gov.ar

El maíz pisingallo (*Zea mays* L) es de importancia mundial por su uso en el consumo humano. Por este motivo toma importancia su estudio para incorporarlo a los programas de mejoramiento genético. Se evaluaron 40 poblaciones locales de maíces reventadores conservados en el Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino. Los mismos corresponden a las razas Pisingallo y Perlita, originarios de las provincias de Córdoba, Buenos Aires, Misiones y Corrientes. Además se utilizaron tres testigos (Híbrido INTA, Porá INTA y Picasú INTA). El ensayo se realizó en la EEA Pergamino, mediante un Diseño en Bloque Completamente Aleatorizado con dos repeticiones. La unidad experimental consistió en dos surcos de 5 m cada uno, a una distancia de 0,7 m entre ellos. Se evaluaron 12 características morfológicas y agronómicas; mediante un análisis multivariado de Componentes Principales. Las poblaciones se agruparon por sus similitudes morfo-agronómicas y origen geográfico. Las entradas provenientes del centro del país exhibieron un comportamiento intermedio para las características evaluadas, presentando menor desarrollo vegetativo que las restantes. En las poblaciones originarias de Corrientes el porcentaje de vuelco fue elevado, razón por la cual no serían seleccionadas. A pesar que el periodo de siembra a floración y la altura de planta fueron elevados, los materiales de Misiones serían incorporados al programa de mejoramiento genético por haber presentado bajo porcentaje de vuelco. Cabe destacar que la selección definitiva se completará cuando se realicen las evaluaciones de calidad de grano.

## IDENTIFICACIÓN DE HÍBRIDOS DE MAÍZ ESTABLES Y DE ALTO RENDIMIENTO EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES

Suárez MA<sup>1</sup>, JC Suárez<sup>2</sup>, JL Bodega<sup>1</sup>, JE Lúquez<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad Cs. Agrarias, UNMdP, <sup>2</sup>Facultad Agronomía, UNNOBA.  
e-mail: maeduarda@telpin.com.ar

En el proceso de evaluación de cultivares, la presencia y la magnitud de la interacción genotipo x ambiente (IGA) reducen la correlación entre el genotipo y el fenotipo. El objetivo de este trabajo fue identificar híbridos de maíz estables y de buen rendimiento en ensayos multiambientales utilizando 2 métodos: el de Shukla y el de Rendimientos Relativos (RR). Se usaron 2 series de datos: 1) 9x25678: 9 híbridos evaluados en 25 ambientes en las temporadas agrícolas 2005/06, 2006/07 y 2007/08, y 2) 13x1789: 13 híbridos y 17 ambientes en 2007/08 y 2008/09. Los híbridos AX744MG, AX882CLMG, AX842TDMAX, DK670MG y AW190MG de la primera serie resultaron estables y de alto rendimiento por su poca contribución a la IGA según Shukla. Superaron la media de rendimiento a través de los ambientes y exhibieron los menores desvíos (s) según RR. En tanto, 9 de los 25 ambientes de evaluación, en los que el año 2006 siempre estuvo incluido, contribuyeron poco a la IGA. En la segunda serie, los híbridos 472MG, 8316MG y 417MGRR resultaron estables y de alto rendimiento, mientras 5 fueron inestables y de alto rendimiento. El método RR arrojó los mismos resultados. En tanto, sólo 2 ambientes contribuyeron poco a la IGA, mientras que todos los del año 2009, de gran déficit hídrico, fueron inestables y de bajos rendimientos. Los métodos utilizados coincidieron en identificar híbridos estables y de buen rendimiento en ensayos multiambientales, pero fue determinante en ello la variación impredecible causada por las condiciones climáticas del año de evaluación.

## APTITUD COMBINATORIA PARA EL RENDIMIENTO Y LA CALIDAD FORRAJERA DE LÍNEAS DE MAÍZ EN BASE A BLUP

Velazco JG<sup>1</sup>, JM Roig<sup>2</sup>, L Ferrand<sup>3</sup>, P Rimieri<sup>1</sup>. <sup>1</sup>EEA Pergamino, INTA, <sup>2</sup>Dow AgroSciences, <sup>3</sup>Maestría en Genética Vegetal, UNR-INTA.  
e-mail: jvelazco@pergamino.inta.gov.ar

El rendimiento de forraje y su valor nutricional son importantes características a mejorar en el maíz para silaje de planta entera. Los cruzamientos dialélicos brindan información sobre parámetros genéticos esenciales para definir estrategias en los programas de mejoramiento. Nuestro objetivo fue evaluar los patrones de aptitud combinatoria y predecir los efectos genotípicos de líneas de maíz y sus híbridos para características sileras. Se evaluaron los cruzamientos dialélicos (Modelo II y Método 4 de Griffing) entre 10 líneas agrupadas en graníferas, doble propósito y sileras en dos localidades. Los caracteres considerados fueron: rendimiento de planta entera (RPE), contenido de almidón (%A) y digestibilidad de la fracción vegetativa (DFV). Se usó un modelo mixto basado en REML para estimar los componentes de varianzas y obtener los BLUP de los efectos de ACG y ACE. Este modelo permitió manejar la presencia de cruzamientos faltantes y de heterogeneidad de los errores entre ambientes. Los efectos genéticos no aditivos fueron más importantes para %A y RPE, siendo este carácter el menos heredable. Contrariamente, la DFV estuvo principalmente determinada por los efectos aditivos y presentó la mayor heredabilidad en sentido estricto. La predicción de los valores reproductivos por BLUP permitió detectar líneas promisorias para aumentar la DFV y, en menor medida, el %A en la población de mejoramiento. El desempeño de las líneas parentales en cruza se podrá combinar con la información de su desempeño *per se* mediante un índice de selección para aumentar la ganancia genética.

## EVALUACIÓN DE GENOTIPOS DE MAÍZ EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES MEDIANTE UNA CONFIGURACIÓN CONSENSO

Fissore M, NC Bonamico, MA Ibañez, MA Di Renzo. UNRC. Córdoba  
e-mail: nbonamico@ayv.unrc.edu.ar

La podredumbre del tallo y raíz (PTR) es por su difusión, incidencia y severidad una de las enfermedades más importantes del maíz en Argentina. El análisis de procrustes generalizado (APG) permite encontrar una estructura consenso en ensayos multiambientales en los que se utilizan diferentes materiales genéticos en distintos ambientes para evaluar la PTR. El objetivo del presente trabajo fue evaluar genotipos híbridos de maíz en distintos ambientes según su comportamiento frente a la PTR y su rendimiento. Para ello se sembraron 12 híbridos comerciales de maíz de diferentes semilleros en tres ensayos, realizados en la provincia de Córdoba y en la provincia de San Luis, en un diseño en bloques completos al azar, con tres repeticiones. El comportamiento de los híbridos se estudió mediante seis caracteres relacionados a la PTR y al rendimiento. Los caracteres fueron analizados mediante un análisis de componentes principales (ACP) por ambiente y posteriormente los componentes que más explicaron la variación, se utilizaron en un análisis de APG. El APG mostró un moderado consenso entre el ordenamiento de los híbridos en cada uno de los ambientes, por lo tanto podemos decir que el comportamiento frente a la PTR de los genotipos en los tres ambientes es similar, pero no totalmente coincidente. Esto indicaría la existencia de una importante interacción genotipo-ambiente, lo cual se corresponde con las discrepancias observadas entre los ambientes en los ordenamientos obtenidos mediante los ACP individuales.

## APTITUD FORRAJERA DE HÍBRIDOS DE MAÍZ

Rossi EA, NC Bonamico, ME Ortiz, R Falco, MA Di Renzo. UNRC, Córdoba  
e-mail: mdirengo@ayv.unrc.edu.ar

El silaje tiene actualmente un papel clave como recurso forrajero en los sistemas de producción de leche. Dado que el maíz es uno de los cultivos más conveniente para la confección de reservas forrajeras, resulta necesario disponer de información local acerca del comportamiento y productividad de los híbridos utilizados en cada región. El objetivo del presente trabajo fue comparar la aptitud forrajera de distintos genotipos híbridos de maíz evaluados en la zona de Río Cuarto. Para ello, durante la campaña agrícola 2012/2013 se sembró en un diseño en bloques completos al azar, un conjunto de veintiocho híbridos pertenecientes a diferentes criaderos comerciales. Los caracteres medidos a campo fueron los días a floración, el intervalo entre la floración masculina y femenina, la altura de inserción de espiga (m), la altura de planta (m), el número de hojas y el peso de la materia verde (Kg/ha) al momento de confeccionar la reserva forrajera. Los caracteres medidos en laboratorio fueron la materia seca (Kg/ha), el contenido de proteína (%), el contenido de fibra detergente ácida (%) y la energía metabólica (Mcal/kg). Los datos obtenidos se analizaron mediante un análisis de la varianza multivariado (MANOVA) y de un análisis de la varianza univariado (ANOVA). Ambas metodologías utilizadas permitieron encontrar diferencias estadísticamente significativas entre híbridos. En general, los resultados obtenidos, indican que los distintos genotipos de maíz evaluados presentan diferente aptitud forrajera.

## ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES INCOMPLETOS

Ibañez MA<sup>1</sup>, MA Di Renzo<sup>1</sup>, MG Balzarini<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Mejoramiento Genético, Fac. de Agronomía y Vet., Universidad Nacional de Río Cuarto,

<sup>2</sup>CONICET, Estadística y Biometría, Fac. Cs. Agrop., Universidad Nacional de Córdoba.

e-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

La selección de cultivares requiere la evaluación de diferentes genotipos en ensayos multiambientales (EMA). Las bases de datos de los EMA suelen ser grandes e incompletas. El descarte de cultivares puede producir sesgos en las estimaciones de componentes de varianza y los parámetros asociados. En este trabajo se estima y compara la magnitud relativa de las componentes de varianza de los efectos de genotipo (G), ambiente (E) e interacción genotipo×ambiente (GE) de híbridos de maíz, desde bases provenientes de la unión de varios EMA con distintos niveles de incompletitud. Se utilizaron datos de rendimiento de grano de los EMA de dos subredes de la Red Nacional de Cultivares de Maíz del INTA y de tres campañas agrícolas. Sobre cada base se ajustó un modelo lineal mixto con efectos de G, E e interacción GE aleatorios. Con este modelo se estimó la contribución porcentual de la varianza de G, de E y de la interacción GE, respecto de la variación total. Estos componentes y su relación se estimaron en un nivel de datos faltantes reales (45 %) y en otras bases de datos derivadas de estas (25 y 0 %) utilizando un patrón de eliminación de datos no completamente aleatorio, simulando lo que sucede en la selección de cultivares en ensayos comparativos multiambientales. Las componentes de varianza fueron estimadas por el método de máxima verosimilitud restringida. Los resultados sugieren que la práctica de eliminar datos para trabajar con bases de datos completas, conduce a subestimaciones de las varianzas genotípicas y sobreestima la contribución relativa de la componente de interacción.

## CARACTERIZACIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE MAÍZ CON RETRASO EN LA SENESCENCIA

Décima Oneto C<sup>1</sup>, A Beznec<sup>1,2</sup>, I Baroli<sup>1</sup>, P Faccio<sup>1</sup>, E Bossio<sup>1</sup>, E Blumwald<sup>3</sup>, D Lewi<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IGEAF, INTA Castelar, <sup>2</sup>CONICET, <sup>3</sup>University of California (Davis), USA.

e-mail: dlewi@cni.inta.gov.ar

El interés por producir un retardo en la senescencia celular se centra en aumentar la tolerancia al estrés abiótico, en especies vegetales de importancia agronómica. En trabajos previos se ha demostrado que la senescencia puede ser retrasada en plantas transgénicas que expresen la enzima isopenteniltransferasa (ipt) de *Agrobacterium tumefaciens*. Este trabajo tiene como objetivo estudiar la expresión del gen IPT bajo la regulación del promotor SARK (receptor proteína-kinasa asociado a senescencia) en plantas transgénicas de maíz y su relación con el incremento de la tolerancia a estrés hídrico. Durante la evaluación en sequía, el rendimiento de las plantas transgénicas disminuyó un 36,70 % (controles 97 %), la concentración de clorofila total un 23 % (controles 47,5 %) y la asimilación de CO<sub>2</sub> un 25,13 % (controles 80,14 %). Asimismo, la conductancia estomática disminuyó un 55 % durante la primer semana de sequía y un 78 % durante la segunda semana de sequía (controles 84,88 % y 92,41 % respectivamente). Durante el tiempo de recuperación bajo riego normal, las plantas transgénicas tuvieron una restauración en los parámetros de fotosíntesis del 95 % con respecto a los controles. Estos resultados sugieren que la expresión del transgén IPT bajo el promotor SARK actúa positivamente en el retraso de la senescencia bajo las condiciones de estrés hídrico aplicadas.

## PULVERIZACIÓN CON LIBERTY® AUMENTA DRÁSTICAMENTE LA EFICIENCIA DE SELECCIÓN DE CÉLULAS TRANSGÉNICAS

Allocati JP<sup>1,2</sup>, V Pulido<sup>1</sup>, F Milla<sup>1</sup>, O Terenti<sup>1,2</sup>, H Pedranzani<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, <sup>2</sup>Universidad Nacional de San Luis.

e-mail: jallocati@hotmail.com

En el presente trabajo se desarrolló un esquema novedoso y reproducible de transformación genética de callos de maíz HiII (*Zea mays* L.) utilizando biobalística. Para el bombardeo se utilizó el cañón Biolistic PDS-1000/He<sup>TM</sup>. El material se bombardeó con el plásmido pACH25, que contiene el gen de la beta-glucuronidasa (*uidA*) y el gen marcador seleccionable *bar* (fosfotricina acetiltransferasa), que brinda resistencia a PPT (Glufosinato de Amonio - Liberty®). Ambos genes se encuentran bajo el control del promotor *Ubi* y terminador *NOS*. El esquema de selección consistió en incrementar gradualmente la concentración a 3, 6 y 9 mg/L de PPT en el medio subcultivando cada 10 días y luego 3 mg/L PPT por 20 días. El principal hallazgo de este trabajo residió en disminuir drásticamente la frecuencia de aparición de escapes (plántulas no transgénicas que sobreviven al esquema de selección) utilizando el herbicida comercial Liberty® e incluyendo dentro del esquema, la aplicación de un spray de solución acuosa estéril (4,5 mg/L) de herbicida sobre la superficie de los callos a los 20-25 días post-bombardeo. De esta forma se aseguró una distribución uniforme del herbicida por todo el callo; disminuyendo la ocurrencia de escapes a una frecuencia menor al 1%. El método aquí presentado provee de una alternativa económica, simple y eficiente de disminuir los escapes, ahorrándole al investigador recursos y tiempo. Además posee el potencial de poder ser utilizado para otros sistemas de transformación y extrapolarse a la transformación genética de distintas especies vegetales.

## EVALUACIÓN DE LA ESTABILIDAD DEL RENDIMIENTO DE GRANO DE CULTIVARES DE COLZA

Lùquez JE<sup>1</sup>, M Pereyra Iraola<sup>1</sup>, L Iriarte<sup>2</sup>, J Castillo<sup>3</sup>, M Mondino<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Cs. Agrarias UNMdP, <sup>2</sup>Facultad de Cs. Agrarias UNMdP,

<sup>3</sup>Chacra Experimental Barrow, <sup>4</sup>EEA INTA La Consulta, <sup>5</sup>EEA INTA

Santiago del Estero.

e-mail: jluquez@balcarce.inta.gov.ar

En Argentina se siembran 90000 has de colza. Por cosecharse antes que el trigo, es posible sembrar soja de segunda antes. Es considerada una oleaginosa alternativa. Se cultivan cultivares primaverales e invernales. El objetivo de este trabajo es determinar la estabilidad del rendimiento de grano de 5 cultivares de soja primaverales difundidos en el país a través de parámetros que estiman la variación no predecible que producen las condiciones climáticas del año de ensayo dentro de la variación total. Se utilizaron los datos de rendimiento de grano pertenecientes a la Red Nacional de Cultivares de Colza de los cultivares Filial, Filial Precoz, Jura, Gladiator y Legacy en las localidades Paraná, Barrow, La Consulta y Santiago del Estero durante los años 2006, 2007 y 2008, que constituyeron una matriz de datos 5x4x3. La estabilidad se definió en función de la magnitud de los cuadrados medios de año dentro de localidades del análisis de varianza para cada cultivar (A) L, la variación no predecible. La respuesta de los cultivares a la variación predecible se estimó con un análisis de regresión, donde la pendiente de cada cultivar fue el indicador para recomendarlos a cada localidad y la variable independiente fue un índice ambiental. El cultivar Jura presentó el mayor promedio de rendimiento a través de los ambientes, 2392 kg/ha, el menor valor de (A) L, 384.688, lo que lo hace el más estable y adecuado a enfrentar la variación no predecible, y un valor de  $b = 1,0584$ , que significa adaptabilidad general. Para confirmar los resultados, es necesario utilizar matrices de datos mayores.



## ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD DE PATRONES FENOLÓGICOS DE GENOTIPOS DE SOJA CON LONGITUDES DE CICLO SIMILARES

Bernardi CN, CE Ghione, M Murgio, NM Magnago, L Sequin, JR Gilli. INTA Marcos Juárez.

e-mail: cbernardi@mjuarez.inta.gov.ar

En soja la duración del período reproductivo es crítica porque determina el rendimiento. Los cultivares de ciclo largo, a diferencia de los de ciclo corto, tienen una mayor duración del ciclo, lo que no necesariamente determina un alto rendimiento. El objetivo de este trabajo fue determinar si genotipos con la misma longitud de ciclo difieren en la duración de estados fenológicos. Se utilizaron 56 genotipos de soja (cultivares comerciales e introducciones) pertenecientes a diferentes grupos de madurez. Las plantas fueron sembradas el 3 de noviembre de 2011. Se determinaron los estadios fenológicos: R1, R3, R5, R6 y R8, según la escala de Fehr y Caviness, para identificar la duración de los periodos: emergencia (E)-R1, R1-R5, R3-R6 y longitud de ciclo. Utilizando un análisis de conglomerados, los genotipos se agruparon según duración de ciclo en 6 grupos. Luego se realizó un análisis de varianza para cada variable por grupo. Tres agrupamientos mostraron diferencias significativas ( $p < 0,005$ ) sólo en R1-R5. Un grupo no mostró diferencias significativas ( $p > 0,005$ ) en la duración de este periodo; sin embargo, los genotipos difirieron en la longitud de E-R1, R3-R6 ( $p < 0,005$ ). Por último, dos grupos presentaron diferencias significativas ( $p < 0,005$ ) en la duración de E-R1, R1-R5 y R3-R6, dentro de estos grupos se detectaron genotipos con un periodo E-R1 corto y R3-R6 largo, e individuos con comportamiento opuesto. Se concluyó que entre genotipos de similar longitud de ciclo existe variabilidad en la ocurrencia de estadios fenológicos.

## MAPEO POR ASOCIACIÓN DEL LOCUS *Rpp1* DE SOJA

Ghione CE, NM Magnago, CN Bernardi, JR Gilli. EEA INTA Marcos Juárez.

e-mail: cghione@mjuarez.inta.gov.ar

La roya es considerada una de las enfermedades de soja más destructivas y *Rpp1* es uno de los loci de resistencia en soja a dicha enfermedad. La soja es una especie donde potencialmente se podría aplicar el análisis por asociación para el descubrimiento de QTL y para mapeo fino como una alternativa al análisis de ligamiento tradicional. El mapeo por asociación utiliza la variación en una población para descubrir asociaciones significativas entre el carácter y el marcador molecular y ofrece tres ventajas: incremento de la resolución de mapeo, reducción del tiempo de investigación y aumento en el número de alelos. Analizamos un set de genotipos con SSR para determinar la estructura de la población y SNP para analizar por regiones candidatas el locus *Rpp1*. La matriz de estructura de la población se obtuvo mediante el software STRUCTURE y se seleccionó el mejor agrupamiento basándose en el estadístico ad hoc  $\Delta K$ . El mapeo por asociación mediante genes candidatos se realizó utilizando el software TASSEL ( $p < 0,05$ ). Mediante el análisis del  $\Delta K$  se observaron picos para  $k = 2$ ,  $k = 3$  y  $k = 7$  y las matrices Q a esos niveles fueron utilizadas para realizar el análisis de asociación. El mapeo por asociación identificó un SNP asociado con *Rpp1* ( $p = 0,04$   $k = 2$ ,  $p = 0,015$   $k = 3$  y  $p = 0,014$   $k = 7$ ). Este marcador es el mismo que anteriormente se encontró asociado al mismo locus en una población biparental. La relevancia de nuestro trabajo reside en el hecho de que la población es adecuada para el mapeo por asociación y que ambas poblaciones se validan mutuamente.

## VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LOS IONES CLORUROS EN CULTIVARES DE SOJA

Irigoyen MF, MA Briguglio, GA Eyherabide, JE Lúquez. Facultad de Cs. Agrarias, UNMdP.  
e-mail: florencia\_iri\_77@hotmail.com

En Argentina, donde el 25 % de las tierras agrícolas incluyen suelos afectados por la salinidad, 19 millones de has se cultivan con soja. El desarrollo de cultivares tolerantes podría expandir el área de siembra. La soja es sensible a los iones cloruros. Con el objeto de seleccionar cultivares tolerantes se realizaron 3 experimentos. Del primero, donde se evaluaron 34 cultivares con 50 mM de NaCl, en 5 repeticiones, se seleccionaron 13 “tolerantes” para longitud de hipocótilo y radícula (entre ellos, NA3731, NA3520 y A3302) y se incluyeron en un segundo experimento de germinación junto a otros, con una concentración de 100mM NaCl. Se utilizó un diseño en bloques con 3 repeticiones y se determinó además, el peso fresco. El análisis de varianza mostró a los cultivares del primer experimento NA3731 y A3302 como tolerantes a la salinidad según largo de radícula, al igual que a DM4250 del segundo experimento. Algunos cultivares comunes a ambos experimentos se incluyeron en un tercero, donde 5 semillas de 7 cultivares se sembraron en recipientes plásticos con arena y nutrientes en invernáculo, con 2 repeticiones. Se dispusieron en un diseño en parcelas divididas y se expusieron a 0 y 50 mM NaCl en el estadio V2 y V3. Se determinaron el contenido de cloruros y el grado de acorchamiento de la hoja. Los cultivares DM4250 y NA3520 fueron los más tolerantes. El próximo paso será determinar la existencia de un alelo dominante (Ncl) o QTLs responsables de la exclusión de cloruros en germoplasma de soja de diferentes orígenes, para utilizarlos como padres en programas de mejoramiento.

## IDENTIFICACIÓN DE QTLs ASOCIADOS A NODULACIÓN EN SOJA (*Glycine max* L. MERR)

Salvucci RD<sup>1</sup>, MB Aulicino<sup>2</sup>, E Altieri<sup>3</sup>, C Sala<sup>3</sup>, PA Balatti<sup>1,4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE)-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, <sup>2</sup>Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, <sup>3</sup>Departamento de Biotecnología, Nidera Semillas SA, <sup>4</sup>Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata.  
e-mail: pbalatti@gmail.com

La simbiosis entre soja y rizobios resulta en la fijación nitrógeno, que es una de las herramientas que contribuyen a mantener el nivel de N del suelo, conduciendo a la sustentabilidad de los sistemas de producción. El objetivo de este trabajo fue localizar QTLs asociados a capacidad de nodulación en soja, tales como número (NN) y peso seco (PSN) de nódulos y peso seco aéreo (PSA). A partir del cruzamiento de los cultivares NA5485RG x A7053RG (alta x baja nodulación) se obtuvo una población de mapeo  $F_{2,3}$ . La evaluación genotípica se hizo sobre la  $F_2$  y la fenotípica sobre familias  $F_3$ , utilizando un DCA con repeticiones. 36 de 234 marcadores de SSR fueron polimórficos. Se construyó un mapa de ligamiento usando un  $LOD_{máx} = 3$ . Se encontraron 5 grupos de ligamiento, 3 construidos con 2 marcas y 2 con 3 marcas. El mapeo por marca simple (MS) confirmó la existencia de 4 QTLs de NN asociados a los marcadores Satt353, Satt414, Satt271, Sat\_294. 3 QTLs de PSN asociados a Satt560, Satt414 y Satt434. 5 QTLs de PSA asociados a Satt152, Satt271, BE021153, Satt009 y Sat462. El mapeo por intervalo confirmó algunos de los QTLs encontrados por MS. Nuestros resultados fueron consistentes con lo citado por otros autores. Si bien se demostraron efectos de dominancia significativos, también se detectaron efectos aditivos importantes. Estos resultados son promisorios, ya que la identificación de estos QTLs permitiría agilizar la obtención de cultivares con alta capacidad de nodulación y fijación de nitrógeno asegurando un rápido avance en el proceso de selección

## DIVERSIDAD GENÉTICA DEL AGENTE CAUSAL DE LA ROYA ASIÁTICA DE LA SOJA EN PAÍSES DEL MERCOSUR

Rocha CML<sup>1</sup>, G Vellicce<sup>1</sup>, MG García<sup>1</sup>, EM Pardo<sup>1</sup>, A De Lucía<sup>2</sup>, J Gilli<sup>3</sup>, C Ghione<sup>3</sup>, N Bogado<sup>4</sup>, V Bonnacerrere<sup>5</sup>, F Marcelino<sup>6</sup>, LD Ploper<sup>1</sup>, AP Castagnaro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA: Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-Estación Experimental Agroindustrial "Obispo Colombes"), William Cross 3150 (T4101AXC), Las Talitas, Tucumán, Argentina, <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Cerro Azul, <sup>3</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Marcos Juárez, <sup>4</sup>Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria, Capitán Miranda, Paraguay, <sup>5</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias, Uruguay, <sup>6</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuaria, Londrina, Brasil.  
e-mail: carlirochaz6@hotmail.com

La roya asiática de la soja causada por *Phakopsora pachyrhizi* es una de las enfermedades más destructivas del cultivo. El objetivo del presente trabajo fue utilizar AFLP para evaluar directamente la diversidad genética y la estructura poblacional del patógeno en una amplia región geográfica que involucra a Brasil, Paraguay, Argentina y Uruguay. A partir de 23 muestras recolectadas en campos en producción se amplificaron 3.014 alelos con 33 pares de cebadores AFLP. De los 1.550 loci, 1.545 fueron polimórficos (99,68 %). La variación fue mayor dentro de un país (87,64 %) que entre países (12,36 %), del mismo modo que hubo mayor variabilidad en un mismo año (82,25 %) que entre dos años consecutivos (17,75 %). Los valores de  $F_{ST}$  0,12 y 0,18 obtenidos para la variación entre países y entre años, respectivamente, indicarían un moderado grado de divergencia, pero claramente la diversidad patogénica es mayor entre años que entre regiones geográficas. Esto se pone de manifiesto también si se analiza el dendograma basado en el coeficiente de similitud genética de Jaccard, que muestra dos grupos separados por año de recolección (2008-09) con sub grupos según el país. Estos resultados indicarían que si bien habría una cierta estructuración genética del patógeno por región geográfica, todos los años estarían ingresando nuevos genotipos patogénicos que contribuyen a aumentar la gran diversidad genética encontrada afectando la estructuración de la población, la cual estaría modulada en cada región por el manejo agronómico, determinado fundamentalmente por los cultivares de soja utilizados.

## ESTABILIDAD COMPOSICIONAL DEL ACEITE A CAMBIOS EN TEMPERATURA EN MUTANTES ALTO OLEICO DE GIRASOL

Alberio C<sup>1</sup>, NG Izquierdo<sup>1</sup>, T Galella<sup>2</sup>, R Reid<sup>2</sup>, A Zambelli<sup>2</sup>, S Zuil<sup>3</sup>, L Aguirrezábal<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Fisiología Vegetal, FCA, UNMdP-CONICET, <sup>2</sup>Centro de Investigación en Biotecnología. Advanta Semillas SAIC-Nutrisun Business Unit, <sup>3</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria INTA Reconquista.  
e-mail: constanza.alberio@gmail.com

En girasol la temperatura afecta principalmente la relación oleico/linoleico del aceite. Esto se produce tanto en líneas tradicionales como en mutantes alto oleico, los cuales portan la mutación Pervenets. Por ello, es importante encontrar nuevas mutaciones capaces de mantener estable esta relación frente a cambios en la temperatura. El objetivo fue comparar la estabilidad de una nueva mutación alto oleico (AO-NM) con la mutación Pervenets y un genotipo tradicional. Para obtener un amplio rango de temperaturas mínimas nocturnas (TMN) se realizaron ensayos en cámaras de crecimiento (13-21° C) y a campo en diferentes localidades y fechas de siembra (12-18° C). Las plantas se cosecharon en madurez y se determinó la composición ácida. Se relacionó el porcentaje de oleico con la TMN en el periodo 100-300° C ddf ( $T_b = 6° C$ ). El porcentaje de oleico varió entre 15,7 y 50,5 %, entre 87,8 y 92,6 % y entre 91,6 y 92,4 % para los genotipos tradicional, Pervenets y AO-NM, respectivamente. El mismo se mantuvo estable en el genotipo AO-NM en el rango de temperaturas estudiado ( $\Delta T = 8° C$ ). En los genotipos Pervenets y tradicional, el porcentaje de oleico se relacionó con la TMN ( $p < 0,01$ ,  $R^2 = 0,74$ , pendiente =  $0,41 \% °C^{-1}$ ;  $p < 0,05$ ,  $R^2 = 0,69$ , pendiente =  $4,3 \% °C^{-1}$ , respectivamente). Las concentraciones de ácido oleico de AO-MN y Pervenets fueron semejantes. La nueva mutación caracterizada permitiría desarrollar híbridos con alta concentración de oleico y estables a la temperatura, que podrían sembrarse en distintas zonas y fechas de siembra sin variar la calidad de aceite.

## DESCOMPOSICIÓN DE LA RESISTENCIA A LA PODREDUMBRE BLANCA DEL CAPÍTULO EN HÍBRIDOS DE GIRASOL

Delgado S<sup>1,3</sup>, G Cendoya<sup>1,3</sup>, F Castaño<sup>1,3</sup>, F Quiróz<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias-UNMdP, <sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria-INTA, <sup>3</sup>Unidad Integrada Balcarce.

e-mail: fcastanio@balcarce.inta.gov.ar

En girasol, los híbridos con resistencias parciales (RP) acumuladas a la Podredumbre Blanca del Capítulo (PBC) tienen mayor protección ante la enfermedad respecto de aquéllos que no las posean. El objetivo es detectar más de una RP estudiada en una serie de cultivares. En Balcarce y durante cuatro años, se evaluaron 37 cultivares propuestos por 18 criaderos para la región girasolera sur de la Argentina. Luego de inocular con ascosporas de *Sclerotinia sclerotiorum*, se valoraron los componentes de la RP: Incidencia, Periodo de Incubación Relativo y Severidad Máxima de la PBC así como el Crecimiento Diario de la Lesión Relativo. Se realizó un Análisis de Componentes Principales con la respuesta promedio de los cultivares, a través de los años, a partir de la matriz de datos estandarizados, utilizando el software R. Los ejes principales (PC) 1, 2 y 3, contribuyeron a la variancia fenotípica total en 57,2 %, 31,8 % y 6,6 %, respectivamente. El PC1 se interpretó como la resistencia de los cultivares a la penetración del hongo en el capítulo. Mientras que PC3 y PC2, explican la resistencia de los tejidos parenquimáticos al crecimiento micelial en las etapas iniciales y finales de exteriorización de la PBC, respectivamente. En el plano 1-2, 34 cultivares fueron informativos, aunque sólo 9 mostraron dos RP beneficiosas; en el plano 1-3 hubo 24 y 8 cultivares y en el 2-3 hubo 14 y 4 cultivares, respectivamente. La metodología empleada permitió describir y descomponer la variabilidad de la resistencia a la PBC en el girasol evaluado y detectar híbridos con RP simultáneas y favorables.

## ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL PARA ESTUDIOS DE MAPEO POR ASOCIACIÓN EN GIRASOL

Filippi CV<sup>1,2</sup>, JG Rivas<sup>1</sup>, RA Heinz<sup>1,2</sup>, HE Hopp<sup>1</sup>, MV Moreno<sup>3</sup>, D Cordes<sup>3</sup>, D Álvarez<sup>3</sup>, NB Paniego<sup>1,2</sup>, VV Lia<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, Centro Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVyA), INTA, Argentina. <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-CONICET, <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria Manfredi, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. e-mail: cfilippi@enia.inta.gov.ar

El mapeo por asociación es una estrategia alternativa al mapeo biparental de QTL, ya que hace uso de los eventos de recombinación históricos y de la diversidad nucleotídica presentes en líneas y poblaciones naturales para encontrar variantes alélicas causales de caracteres complejos. El presente trabajo tiene por objeto (a) examinar la estructura poblacional y la diversidad genética presentes en la Población de Mapeo por Asociación (PMA) del programa de mejoramiento de girasol de INTA mediante el uso de marcadores SSR; y (b) comparar dichos resultados con los obtenidos usando marcadores funcionales de tipo SNP. Con este fin, 141 líneas endocriadas de girasol pertenecientes al Banco Activo de Germoplasma de INTA Manfredi fueron genotipificadas con 42 SSR y un panel de 384 SNPs. La caracterización de la PMA evidenció una gran diversidad molecular entre las líneas seleccionadas. La heterocigosis esperada y la diversidad génica fueron mayores para los loci SSR que para los SNPs. Las estimas de distancia génica calculadas usando los dos sistemas mostraron correlación significativa. La caracterización de la estructura poblacional y diversidad genética presentes en la PMA constituye una herramienta fundamental para el futuro desarrollo de estudios de asociación para caracteres complejos en girasol.

## CANTIDAD DE ADN EN ESPECIES NATIVAS DEL GÉNERO *Passiflora* ESTIMADA POR CITOMETRÍA DE FLUJO

Bugallo V<sup>1</sup>, MA Coviella<sup>2</sup>, MJ Pannunzio<sup>2</sup>, S Cardone<sup>1</sup>, G Facciuto<sup>2</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, <sup>2</sup>Instituto de Floricultura, INTA.  
e-mail: bugallo@agro.uba.ar

El tamaño genómico es un caracter biológico que afecta diversas características que influyen en el comportamiento ecológico y fisiológico de las plantas como también la capacidad de hibridación interespecífica. El objetivo de este trabajo fue determinar el contenido de ADN nuclear en especies nativas del género *Passiflora*, en el marco de un programa de mejoramiento para obtener variedades ornamentales tolerantes a bajas temperaturas. Se analizaron 29 genotipos pertenecientes a 12 especies nativas de 3 subgéneros. Se utilizó un citómetro de flujo CyFlow (Partec) con yoduro de propidio como fluorocromo y *Hordeum vulgare* cv. 'New Golden' (10,4 pg.) como estándar interno. Los datos se analizaron por medio de un ANOVA. Entre los citotipos diploides, *Passiflora urnaeifolia* exhibió la menor cantidad de ADN (1,08 pg.), mientras que *P. alata*, la mayor (5,03 pg.). El valor C calculado separó especies de los subgéneros *Decaloba* y *Dysosmia* respecto de las del subgénero *Passiflora*. Esto indicaría el aumento del valor C en una de las ramas de la filogenia de este género, constituyendo un dato útil en la selección de genotipos para hibridación.

## DIVERSIDAD GENÉTICA EN CLONES DE BANANA (*Musa acuminata*) DE DIFERENTE COMPOSICIÓN GENÓMICA

Ermini JL<sup>1,4</sup>, G Tenaglia<sup>2,4</sup>, GR Pratta<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Licenciado en Genética, <sup>2</sup>Director Científico CEDEVA, Misión Tacaaglé, Provincia de Formosa, Argentina, <sup>3</sup>Investigador CONICET, <sup>4</sup>Catedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias UNR, CC14, S2125ZAA Zavalla, Provincia de Santa Fé, Argentina.  
e-mail: ermini@hotmail.com

La banana es un cultivo de gran importancia económica en la provincia de Formosa. El objetivo fue estimar la diversidad genética en 52 clones recolectados en campos de agricultores formoseños, incluyendo materiales autotriploides y alotriploides y tomando como testigos cuatro variedades autotriploides usadas en la mayoría de los países productores. Se realizó una caracterización fenotípica evaluando variables productivas de interés agronómico y una caracterización molecular por la técnica de AFLP con 3 combinaciones de cebadores previamente seleccionadas por mostrar un mayor polimorfismo entre los testigos. Se calculó el porcentaje de polimorfismo (PP) en el nivel molecular y se aplicaron tres análisis jerárquicos de agrupamiento (AJ) para los clones y los testigos: uno según los caracteres fenotípicos con las distancias euclídeas, otro según los perfiles de AFLP con las distancias de Jaccard (en estos casos se usó el método de "Average Linkage") y el último según ambos conjuntos de datos con la distancia de Gower y el método de Ward. El PP promedio fue del 77 %. El AJ resultó en agrupamientos diferentes para datos fenotípicos, moleculares y ambos conjuntos, conservándose en todos los casos una asociación entre los testigos por un lado y los clones alotriploides por el otro, que en general difirieron en todos los agrupamientos de aquéllos autotriploides. La consistencia en estas asociaciones demuestra una correspondencia entre datos fenotípicos y moleculares y brinda información útil para la conservación de recursos fitogenéticos y su uso en el mejoramiento del cultivo.

## CARACTERIZACIÓN DE SELECCIONES CLONALES DE KIWI DEL SUDESTE BONAERENSE

Briguglio M, V Ispizúa, C Godoy, O Marcellán. Unidad Integrada Balcarce (Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata - EEA Balcarce, INTA).

e-mail: mabriguglio@hotmail.com

La industria y comercialización del kiwi a nivel mundial esta basada en el cv. Hayward de la especie *Actinidia deliciosa*, debido a las características de su fruto como tamaño, firmeza, sabor y sobre todo su excepcional capacidad de conservación. Se han realizado selecciones clonales de este cultivar, destacándose el clon 8 proveniente de Italia, que se caracteriza por una baja proporción de frutos defectuosos. En el sudeste bonaerense, zona agroecológica óptima para este cultivo, se encuentran algunos clones putativos (C, CC, H y 8 proveniente de Chile) cuya superioridad respecto del clon 8 de Italia no ha sido demostrada. El objetivo de este trabajo fue determinar si dichos clones putativos son genéticamente diferentes del clon 8 italiano. Para ello se extrajeron muestras de ADN de los 5 clones de Hayward y se amplificaron con nueve oligonucleótidos RAPDs previamente evaluados y seleccionados por su alto nivel de polimorfismo (Briguglio *et al.*, 2012). Los patrones de bandas, visualizados en geles de agarosa teñidos con Sybr Safe, se analizaron con el programa estadístico InfoStat, obteniéndose el gráfico de Coordenadas Principales (ACoorP). Los clones 8 de Chile y C presentaron mayor similitud y se separaron de los tres clones restantes ubicados en diferentes cuadrantes en el ACoorP. Los resultados obtenidos permiten concluir que las selecciones clonales son genéticamente diferentes del clon 8 de Italia y entre sí.

## VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN KIWI

Rébola F, O Marcellán, C Godoy, J Lúquez. Unidad Integrada Balcarce. e-mail: florenciarebola@hotmail.com

En el sudeste bonaerense el agua es de origen subterráneo y presenta elevados contenidos de bicarbonato de sodio. El kiwi (*Actinidia deliciosa*) es una planta sensible a la salinidad. Tratándose de una especie perenne con alta demanda hídrica, el riesgo de sodificación del suelo es elevado. Se propone generar portainjertos clonales tolerantes a la salinidad. El objetivo del presente trabajo fue evaluar y seleccionar genotipos con dicha característica. Se evaluaron dos poblaciones resultantes del cruzamiento entre el cv. Hayward por Chieftain (HxC) y Hayward por SummerFaenza (HxS) y dos tratamientos (0 y 30 mM ClNa), en un diseño en combinación factorial con tres repeticiones en el tiempo. Las semillas se desinfectaron y trataron con ácido giberélico para promover la germinación y se colocaron en rollos de papel embebidos en solución a 22° C. Se determinaron el porcentaje de germinación y la velocidad de germinación usando el índice de Maguire (1962). A las tres semanas de iniciada la germinación se midieron la longitud de radícula e hipocótilo. El tratamiento con ClNa afectó significativamente el porcentaje de germinación, la longitud de radícula e hipocótilo ( $p < 0,01$ ) aunque no tuvo efectos sobre la velocidad de germinación ( $p > 0,05$ ). La población HxS sometida a estrés salino experimentó un mayor efecto detrimental que HxC en la longitud de radícula (56 % *vs.* 47 %) e hipocótilo (65 % *vs.* 33 %).

## VIABILIDAD DEL POLEN DE KIWI (*Actinidia deliciosa*) Y SU CONSERVACIÓN A BAJAS TEMPERATURAS

De Brito A, C Godoy, O Marcellán. Unidad Integrada Facultad de Ciencias Agrarias (UNMdP)- EEA Balcarce (INTA).  
e-mail: omarcellan@balcarce.inta.gov.ar

El kiwi es una especie nativa del sudeste asiático, que se cultiva en muchas partes del mundo, incluyendo nuestro país. Es dioica, las plantas femeninas poseen ovarios con alrededor de 1400 óvulos. El peso del fruto está estrechamente relacionado con el número de semillas, por lo que la producción polínica debe ser abundante y de alta viabilidad para lograr frutos de valor comercial. El objetivo de este trabajo fue estimar la viabilidad del polen fresco de tres polinizadores (M52, M56 y Chieftain) difundidos en el SE bonaerense y determinar el periodo de tiempo durante el cual el polen conserva su viabilidad. Se evaluaron tres estimadores de la viabilidad: tinción (T), usando una modificación del colorante de Alexander; germinación *in vitro* (GIV), probando diferentes medios y condiciones de incubación, y producción de semilla (PS) a través de polinización dirigida. Se evaluaron periodos de almacenamiento de 1 y 4 semanas a 4° C, y de 1 y 12 meses a -20° C. Las estimaciones de la viabilidad del polen fresco fueron superiores al 90 % tanto por T como por GIV usando el sistema de gota colgante con medio de Mortenson. La PS también fue alta obteniéndose frutos de 125 g en promedio con más de 1000 semillas. La viabilidad del polen se mantuvo en el tiempo. Así, a los fines de la polinización artificial, se podrá utilizar polen conservado a 4° C durante pocos días, si ocurre un desfase en la floración de las plantas femeninas y masculinas, o 6 meses a -20° C, si se exporta en contra-estación, o 12 meses si se necesita en la floración del año siguiente.

## RECOMBINACIÓN GENÉTICA EN GENERACIONES SEGREGANTES DE UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Cabodevila VG<sup>1</sup>, P Cacchiarelli<sup>2</sup>, GR Pratta<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Becaria CONICET, Cátedra de Genética FCA, UNR, <sup>2</sup>Tesista Lic. Genética, Cátedra de Genética FCA UNR, <sup>3</sup>Investigador Adjunto CONICET, Cátedra de Genética FCA UNR.  
e-mail: victoria.cabodevila@unr.edu.ar

Los marcadores moleculares AFLP permiten la caracterización de genotipos. Se analizaron 117 genotipos pertenecientes a las generaciones segregantes F2 y retrocruzas de un híbrido de segundo ciclo de tomate. Se utilizaron 3 combinaciones de cebadores previamente seleccionadas por generar elevados número de bandas y porcentaje de polimorfismo entre los materiales uniformes de primer y segundo ciclo. Se realizó un análisis de conglomerado con la distancia de Jaccard y el método de encadenamiento promedio. De 77 bandas, el 100 % fueron polimórficas. El coeficiente de correlación cofenética fue de 0,82. A una distancia de 0,41 se separaron en un primer grupo los genotipos uniformes de primer y segundo ciclo (*Solanum lycopersicum* cv. Caimanta, *Solanum pimpinellifolium* LA722 y su F1; ToUNR1, ToUNR18 y su F1, respectivamente) y la mayoría de los genotipos de las generaciones segregantes, y en otro grupo el resto de los individuos F2 y retrocruzas. Al analizar el primer grupo, se observaron los parentales de primer y segundo ciclo en extremos opuestos y ambas F1 entre ellos. A 0,40 agruparon por un lado los parentales de primer ciclo junto a las F1 y por otro lado los genotipos uniformes de segundo ciclo, indicando mayor similitud de las F1 entre sí y con los materiales de primer ciclo. A 0,30 se detectó un grupo que contiene a la F1 de primer ciclo con genotipos segregantes, y en otro grupo a la F1 de segundo ciclo con otros genotipos segregantes y los parentales de primer ciclo. Se concluye que ocurrió una amplia recombinación genética en las generaciones segregantes analizadas.

## IDENTIFICACIÓN MOLECULAR DE TIPOS DE CITOPLASMA DE CEBOLLA PARA LA PRODUCCIÓN DE HÍBRIDOS

Colombo N<sup>1</sup>, CR Galmarini<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CNIA, INTA Castelar, <sup>2</sup>EEA LA Consulta INTA-CONICET.  
e-mail: ncolombo@cnia.inta.gov.ar

La producción de semilla híbrida de cebolla es económicamente viable a partir de la incorporación de sistemas de androesterilidad génico-citoplásmica. En el programa de mejoramiento de cebolla del INTA se emplea actualmente el citoplasma androestéril S en el cual la fertilidad masculina es restaurada por la acción de un gen dominante *Ms/ms*. La disponibilidad de marcadores moleculares basados en la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) permite obtener una identificación rápida y confiable de los citoplasmas de plantas individuales para optimizar la obtención de líneas mantenedoras. El objetivo de este trabajo es identificar los tipos de citoplasma de cultivares del programa de mejoramiento de cebolla del INTA mediante un marcador molecular de PCR previamente optimizado. Se recolectaron muestras de hojas de plantas individuales de los cultivares Angaco INTA, Valcatorce INTA Navideña INTA, Alfredo INTA, Cobriza INTA, Refinta20 y Antártica INTA y de la línea androestéril control (Val6-LCA) y su línea mantenedora (Val6-LCM). Se amplificó por PCR la región intergénica de los genes *trnT-trnL* del ADN cloroplástico. Se obtuvieron los tamaños esperados para los amplicones correspondientes a los citoplasmas normal y androestéril. Se verificaron a campo los resultados de laboratorio. Se estimó la frecuencia de citoplasma S en cada uno de los cultivares evaluados. Se concluye que el marcador molecular empleado permite aumentar la eficiencia en la obtención de líneas mantenedoras en la producción de híbridos de cebolla.

## EFECTOS RECÍPROCOS PARA CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE TOMATE

Cambiaso V<sup>1,3</sup>, DR Cingolani<sup>1,2</sup>, JH Pereira da Costa<sup>1,3</sup>, GR Rodríguez<sup>1,3</sup>, GR Pratta<sup>1,3</sup>, LA Picardi<sup>1,4</sup>, R Zorzoli<sup>1,4</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, <sup>2</sup>Beca CIN, <sup>3</sup>CONICET, <sup>4</sup>CIUNR.  
e-mail: rzorzoli@unr.edu.ar

El fruto es un ovario desarrollado por lo que aquellos caracteres que definen la calidad del fruto en el tomate podrían estar afectados según la dirección en que se realicen los cruzamientos. Con el fin de analizar los efectos recíprocos en híbridos entre el cv. Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum* y la accesión LA722 (P) de la especie silvestre *S. pimpinellifolium* se obtuvieron las F1 recíprocas (CxP y PxC, siendo la letra inicial el genotipo materno). Los progenitores se utilizaron como testigos. Los caracteres evaluados en 650 frutos fueron: altura, diámetro, forma (altura/diámetro), peso, firmeza, vida en estantería, N° de lóculos, contenido de sólidos solubles, acidez titulable y los índices L (luminosidad) y a/b de color. Se verificó la normalidad de los datos con la prueba de Shapiro-Wilk. Los valores medios de los caracteres en las F1 recíprocas se compararon por la t de Student cuando hubo normalidad mientras que en los otros casos se utilizó la prueba de Kruskal Wallis (H). Se encontraron diferencias altamente significativas ( $p < 0,0001$ ) para diámetro ( $t = -4,65$ ), altura ( $t = -5,75$ ), vida en estantería ( $t = -6,83$ ), índice L ( $t = 5,75$ ), acidez titulable ( $t = 4,56$ ) y peso ( $H = 21,41$ ). No hubo diferencias significativas para los otros caracteres ( $p \geq 0,05$ ). En todos los caracteres se observó un efecto de dominancia hacia el progenitor silvestre. Se concluye que existen efectos recíprocos para caracteres de tamaño (altura, diámetro y peso), la forma, la luminosidad y la vida en estantería de los de frutos.



## VARIACIÓN INTER E INTRA FAMILIAR PARA CALIDAD DE FRUTO EN RETROCRUZAS TEMPRANAS DE TOMATE

Luciani MD<sup>1,2</sup>, JH Pereira da Costa<sup>1,2</sup>, GR Rodríguez<sup>1,2</sup>, LA Picardi<sup>1,3</sup>, R Zorzoli<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, <sup>2</sup>CONICET, <sup>3</sup>CIUNR.  
e-mail: grodrig@unr.edu.ar

El objetivo del trabajo fue estimar la variabilidad genética para caracteres de calidad de fruto entre y dentro de familias derivadas de un cruzamiento interespecífico de tomate. Se estudiaron nueve familias BC<sub>2</sub>S<sub>1</sub> generadas por autofecundación de plantas de la segunda retrocruza (BC<sub>2</sub>) del cruzamiento entre el cv. Caimanta de *Solanum lycopersicum* (padre recurrente) y la entrada LA722 de *S. pimpinellifolium*. Cada familia se originó a partir de plantas BC<sub>2</sub> en las que el genoma de Caimanta varió entre 74 y 93 %. Se evaluaron entre 20 y 30 plantas por familia para color (porcentaje de reflectancia (L) y el cociente a/b), firmeza (Fi) y vida poscosecha (Vp) de los frutos. Para comparar los valores medios y la variación de los caracteres entre y dentro de familias se utilizó un ANOVA anidado. Se encontraron diferencias altamente significativas entre familias (F>9,28) y dentro de cada una de las familias (F>5,65) para todos los caracteres. En cada una de las familias se estimaron los porcentajes de variación genética para cada uno de los caracteres por ANOVA. Dentro de cada familia, para el parámetro L de color la proporción de variación fenotípica atribuible a variación genética varió entre 0,24 para la familia de menor valor y 0,95 para la de mayor valor mientras que para el índice a/b fue entre 0,27 y 0,97. Para Fi estuvo comprendida entre 0,23 y 0,62 y para Vp entre 0,17 y 0,47. Estos resultados sugieren la existencia de una significativa variabilidad genética entre familias BC<sub>2</sub>S<sub>1</sub> y también dentro de ellas para poder seleccionar por estos caracteres de calidad de fruto.

## CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE GENOTIPOS DE PAPA POR SU COMPORTAMIENTO FRENTE A ESTRÉS HÍDRICO

Tagliotti ME<sup>1</sup>, MC Bedogni<sup>1</sup>, J Ortego<sup>2</sup>, S Capezio<sup>1</sup>, MA Huarte<sup>1</sup>. <sup>1</sup>EEA-INTA Balcarce, <sup>2</sup>EEA-INTA Mendoza.  
e-mail: tagliottimartin@hotmail.com

En Argentina se cultivan alrededor de 80.000 has de papa. Las variedades utilizadas son sensibles al estrés hídrico por lo que se utiliza riego suplementario para obtener un rendimiento rentable. El objetivo de este trabajo fue caracterizar germoplasma de papa por su tolerancia a sequía a campo. Se realizaron dos ensayos, uno en Balcarce (ambiente subhúmedo) y otro en Luján de Cuyo (ambiente semiárido) utilizando 204 genotipos de papa. En ambos ensayos se empleó un diseño aumentado con ocho repeticiones para los controles. A la cosecha, se evaluó el número de tallos, tamaño, número, peso y aspecto de tubérculos, materia seca (MS) y aptitud para freír. En Luján de Cuyo el 25 % de los genotipos no tuberizaron, aunque no se vio afectada la emergencia de los mismos. Los tubérculos fueron de menor tamaño, con mayor porcentaje de deformidades y rindieron un 70 % menos (kg/tallos) con respecto a Balcarce. Los valores de MS en ambas localidades mostraron una distribución normal, con valores promedios entre 19 a 22 %. La MS fue mayor en condiciones de sequía y la aptitud para freír no fue afectada. Se evidenció variabilidad genética en el germoplasma utilizado en respuesta a la sequía, detectándose genotipos candidatos para ser incorporados en un plan de mejoramiento genético.

## CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE PAPA EN RESPUESTA A LA INFECCIÓN CON *Phytophthora infestans*

Deperi SI<sup>1,2</sup>, MC Bedogni<sup>1</sup>, S Capezio<sup>1</sup>, ME Tagliotti<sup>1,3</sup>, MA Huarte<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada Balcarce (EEA INTA Balcarce y FCA-UNMdP), Ruta 226 km 73,5 (7620) Balcarce, Argentina, <sup>2</sup>CONICET, Argentina, <sup>3</sup>Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica. e-mail: sofideperi@hotmail.com

El tizón tardío es una enfermedad causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary. Se encuentra en la mayoría de las zonas de producción de papa del mundo. La búsqueda de variabilidad genética para el comportamiento frente al tizón tardío permitirá generar una población de estudio para análisis de mapeo por asociación. El objetivo de este trabajo fue caracterizar germoplasma de papa de origen muy diverso por su comportamiento frente a *P. infestans*. Se realizaron dos ensayos a campo en dos localidades, con 201 genotipos en Balcarce (Bs. As.), con inoculación artificial y 99 genotipos en Tafi del Valle (Tucumán), con infección natural. En ambos se empleó un diseño aumentado con ocho repeticiones en Balcarce y cinco repeticiones en Tafi del Valle para ocho testigos. Se registró semanalmente % de infección sobre el follaje. Se calculó para cada genotipo, área bajo la curva de progreso de la enfermedad (AUDPC) y AUDPC relativa. De acuerdo a esta última, se clasificaron como Resistentes (R) (0-25 % de enfermedad), Moderadamente resistentes (MR) (25-50 %), Moderadamente susceptibles (MS) (50-75 %) y Susceptibles (S) (75- 100%). Para los genotipos que compartían ambas localidades, en Balcarce 26,37 % resultó R, 39,3 % MR, 29,35 % MR y 4, 97% S. En Tafi del Valle se observó un 27,3 % de genotipos R, el mismo valor para MR, un 20,2 % para MS y un 26,26 % para S. De acuerdo a estos resultados en Balcarce el 65- 67 % y en Tafi del Valle el 54,6 % de los individuos se clasificaron en las categorías R y MR. Se evidenció variabilidad genética en la respuesta a la infección en ambas localidades.

## VARIABILIDAD EN LA SECUENCIA DEL GEN P5CS EN POROTOS ANDINOS Y MESOAMERICANOS

Salim E<sup>1</sup>, A Fekete<sup>2</sup>, M Galván<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Cs. Exactas, Químicas y Naturales, UNaM, <sup>2</sup>INTA EEA Salta, <sup>3</sup>CONICET. e-mail: genamiel@hotmail.com

La expresión del gen *P5CS* en poroto (*Phaseolus vulgaris* L.) es inducida significativamente por la salinidad y la sequía. El gen *P5CS* codifica para la enzima  $\Delta^1$ -pirrolina-5-carboxilato sintetasa (*P5CS*) que está involucrada en la síntesis de prolina a partir de glutamato. En el presente trabajo se analizó la variabilidad existente en parte de la secuencia del gen *P5CS* en 15 variedades y líneas de poroto común evaluadas por su tolerancia a estrés hídrico. La extracción de ADN se realizó a partir de plántulas empleando un protocolo de CTAB modificado. Con el ADN extraído se realizó la amplificación parcial del gen *P5CS* mediante PCR utilizando los primers P1 y P2. Los fragmentos amplificados se separaron por electroforesis en geles de agarosa 1,5 % teñidos con GelRed<sup>TM</sup>. Se realizó la purificación de los productos de PCR para su posterior secuenciación. Los fragmentos secuenciados se analizaron utilizando el programa BioEdit y se compararon con secuencias disponibles en la base de datos del *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). A partir del análisis de las secuencias se agrupó a los aislamientos en andinos y mesoamericanos identificando las variaciones (SNPs, Indels) presentes en las mismas. El conocimiento de la variabilidad presente en esta secuencia es de gran utilidad en la evaluación de los pools génicos del germoplasma de poroto y como base para futuros estudios de expresión génica.

## RETENCIÓN DE GENOMAS DE ESPECIES SILVESTRES DEL GÉNERO *Arachis* EN UN HÍBRIDO Y SU ANFIPLOIDE DERIVADO

Torres L<sup>1</sup>, Costero B<sup>1</sup>, Teich I<sup>2</sup>, Taborda RJ<sup>1</sup>, Soave SJ<sup>3</sup>, Faustinelli PC<sup>3,5</sup>, Buteler MI<sup>3</sup>, Cisneros M<sup>1</sup>, Franceschini L<sup>1</sup>, Gonzales V<sup>4</sup>, Menduni F<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Fac. de Ciencias Agropecuarias, UNC, <sup>2</sup>CONICET- Estadística y Biometría, Fac. de Ciencias Agropecuarias, UNC, <sup>3</sup>Criadero El Carmen, General Cabrera, Córdoba, <sup>4</sup>Fac. de Agronomía y Veterinaria- UNRC, <sup>5</sup>Universidad Católica de Córdoba.  
e-mail: ltorres@agro.unc.edu.ar

La provincia de Córdoba concentra el 90 % de la producción argentina de maní (*Arachis hypogaea* L.). Muchos cultivares son susceptibles a enfermedades e insectos que afectan el rendimiento del cultivo. Las especies silvestres del género poseen genes de resistencia, cuya transferencia al maní cultivado con fines de mejoramiento, se dificulta debido a los diferentes niveles de ploidía e incompatibilidad genómica. Los marcadores de tipo SSR y EST-SSR permiten identificar los genomas propuestos para las especies del género. El objetivo del trabajo fue analizar mediante marcadores SSR y EST-SSR, el genoma de seis especies silvestres de maní y su retención en el híbrido [(*A. correntina* x *A. cardenasii*) x *A. batizocoi*]<sup>4x</sup> y el anfiploide derivado. Se analizaron ocho loci SSR y EST-SSR y los productos de PCR se visualizaron en geles de acrilamida/bisacrilamida 15 % mediante tinción con bromuro de etidio. Se calcularon las frecuencias alélicas y con ellas se realizó un dendrograma y un Análisis de Componentes Principales. La combinación de *primers* permitió identificar en el híbrido los tres genomas parentales, no así en el anfiploide derivado. El número promedio de alelos fue de 14,7 y la heterocigosidad de Nei de 0,95. De los marcadores analizados, EM31 y IPAHM109 presentaron mayor y menor polimorfismo, respectivamente. Se observaron tres grupos según su similitud genética: el híbrido y el anfiploide derivado conforman un grupo junto a *A. correntina* y *A. cardenasii*; otro grupo conformado por *A. batizocoi*, *A. ipaënsis* y *A. magna* y el tercer grupo corresponde a *A. monticola*.

## EVALUACIÓN DE LA INTERACCIÓN DISTANCIA VARIEDAD EN CVS DE DURAZNERO EN EL VALLE DE LERMA, SALTA.

Toncovich ME, AC González, H Castro Torres, J Gómez, GE Payo. <sup>1</sup>INTA EEA Salta.  
e-mail: mtoncovich@correo.inta.gov.ar

Las condiciones climáticas del Valle de Lerma son aptas para el cultivo de duraznero y permite probar cultivares provenientes de otras zonas para diversificar la producción. El objetivo de este trabajo fue evaluar 4 cvs de duraznero a dos distancias de plantación (1,5 y 3 m) con un sistema de manejo cultural integrado y de conducción ypsilon transversal durante los dos últimos años del ensayo. En el análisis estadístico de diámetro de tallo y rendimiento (kg/planta) para el año 2011 no hubo interacción de los factores evaluados. June Gold presentó el mayor diámetro (37,41 cm) difiriendo significativamente del menor Marawhilla con 29,18 cm y a la distancia de 3 m se observó el mayor diámetro de tallo (36,52). Alexandra presentó el mayor rendimiento con 18 kg/pl, mientras que Start Litte rindió 3,44 kg/pl. En el año 2012 no hubo interacción de los factores en diámetro de tallo, pero si en rendimiento. June Gold alcanzó el mayor diámetro (40,40 cm) y Marawilla fue el menor (30,21 cm). Las variedades Alexandra y June Gold, ubicadas a 3 m de distancia rindieron 28,42 y 25,98 kg/pl respectivamente, difiriendo significativamente de Marawhilla a 3 m (8,32 kg/pl), Marawhilla a 1,5 (8,2 kg/pl), Start Litte a 3m (419 kg/pl) y Start Litte a 1,5 (2,88 kg/ha). Estos cuatro cultivares son los que mejor se adaptaron a las condiciones ambientales y de conducción del ensayo durante ocho años. Queda pendiente el análisis longitudinal para una evaluación completa con la incorporación de variables fenológicas y climáticas.

## IDENTIFICACIÓN DE MUESTRAS DE TRONCOS DE SAUCE AMERICANO MEDIANTE POLIMORFISMOS DE ADN

Nosedá P<sup>1</sup>, R Garay R<sup>2,3</sup>, V De la Calle<sup>2</sup>, JC Salerno<sup>2</sup>, D Lewi<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Papel Prensa S.A., <sup>2</sup>Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Castelar, 1712-CC 25, Buenos Aires, Argentina, <sup>3</sup>EEA Delta, Centro Regional BASUR, INTA.  
e-mail: dlewi@cnia.inta.gov.ar

Para la elaboración de papel para diario se utilizan como materia prima pastas obtenidas de Sauces y Álamos. Cuanto mayor proporción de Sauce Americano (SA) se utilice en la pasta, mayor calidad y menor el costo de producción. A raíz de esto se desarrolló un sistema de identificación de SA partiendo de muestras de troncos, adaptando el método de extracción de ADN a partir de cambium. Como material de partida se utilizaron 150 mg de tejido obtenido por raspaje con bisturí de la cara interna de la corteza. No se observaron diferencias en la calidad del ADN extraído entre el Kit Plant DNeasy de Qiagen y el Protocolo modificado (utiliza solo los buffers de Extracción de ADN y de Precipitación de Polisacáridos del kit, continuando con 2 centrifugaciones, extracción con Cloroformo: Isoamílico y precipitación con Isopropanol). Los pellets de ADN se resuspendieron en 40 ml de Buffer TE. Los ADNs fueron cuantificados por espectrofotometría y se amplificó el microsatélite SB24 por PCR y los productos fueron analizados por PAGE. El 90 % de las muestras amplificaron en un primer intento. Las que no amplificaron fueron cuantificadas nuevamente en gel de agarosa y fueron re-amplificadas con un 85 % de éxito. Se estudiaron 840 muestras de troncos provenientes de 84 cargamentos de supuestos SA. Del total de las muestras el 87 % resultó ser SA, el 11 % no SA y el 2 % no pudo ser determinado. A su vez, el 22 % de los cargamentos contenía al menos un perfil distinto al de SA.