

SITUACIÓN DE LOS DESARROLLOS DE EVENTOS TRANSGÉNICOS EN INSTITUCIONES NACIONALES

Lewi DM¹, F Ventura², C Rubinstein³, C Vicién⁴, G Levitus⁵, V Pedroarias⁶, I Kasulin⁷, P Godoy⁸. ¹Instituto de Genética E.A Favret, CICVyA, INTA. ²Coordinación Nacional de Vinculación tecnológica, INTA. ³ILSI Argentina. ⁴Facultad de Agronomía, UBA. ⁵Argenbio. ⁶Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA. ⁷Secretaría de Ambiente de la Nación. ⁸Dirección de Biotecnología, MAGyP. e-mail: lewi.daliamarcela@inta.gob.ar

Es de público conocimiento que todos los eventos transgénicos que se han aprobado desde el año 1996 hasta la fecha en nuestro país fueron desarrollados por el sector privado. Asimismo, se conoce que el sistema científico y tecnológico nacional cuenta con grupos de trabajo muy prestigiosos y que algunos de ellos abordan el desarrollo de eventos transgénicos en diferentes especies y con distintas finalidades, desde hace por lo menos dos décadas. Para lograr la aprobación de un evento se debe cumplir con la normativa referente a la seguridad ambiental (CONABIA), la inocuidad alimentaria (SENASA) y la evaluación de la Dirección de Mercados, del MAGYP. El objetivo de este trabajo es conocer cuál es la dificultad por la cual aún no han podido desregularse los eventos nacionales para que puedan llegar a los productores. Países como Brasil ya cuentan con dos eventos desarrollados en Embrapa, lo que nos alienta a pensar que es posible lograr este objetivo. En INTA se ha realizado un relevamiento de las capacidades necesarias a nivel del sistema de Ciencia y Tecnología Nacional que evidencia la existencia de vacancias específicas para la realización de ensayos con el fin de armar una “hoja de ruta” para los desarrolladores que quieran emprender el camino hacia la desregulación de sus eventos. De todos modos, aún deben resolverse cuestiones de financiamiento, ya que actualmente no existen recursos designados específicamente para el desarrollo de estas actividades.

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS EN ENSAYOS MULTIAMBIENTALES CON DATOS FALTANTES

Ibañez MA¹, FM Aguade², MA Di Renzo¹, MG Balzarini². ¹Mejoramiento Genético, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto. ²CONICET, Estadística y Biometría, Facultad Cs. Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba. e-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

La selección de genotipos en ensayos multiambientales (MET) genera bases de datos incompletas. El impacto de la falta de datos sobre parámetros genéticos se estudió mediante modelos lineales mixtos, en relación a predicciones lineales del efecto de genotipos (BLUP), varianzas de estabilidad de cada genotipo (SV_g) y correlación genética entre ambientes (r_g). Se usaron bases de datos reales y simuladas de MET de maíz con distintas dimensiones de tablas respecto al número de ambientes y niveles crecientes de datos faltantes (10–60%, a intervalos de 10%, tanto al azar como no al azar) por eliminación de genotipos (G) en algunos ambientes (E). En las bases de datos simuladas, el aumento de la falta de datos produjo la disminución en la r_g , la cual se incrementó cuando el número de E y la relación entre la varianza genética y de interacción fue menor. Además, se observó el aumento de la inestabilidad genotípica. Los BLUP de G fueron menos afectados que las varianzas. Se observó que, el 80% de los G identificados como superiores en las tablas completas, seguían siendo reconocidos como tales con un 20% de datos faltantes. En la base de datos reales, no se observaron impactos significativos sobre las estimaciones de r_g y SV_g , las que fueron robustas hasta con un 40% de datos faltantes. En bases simuladas de MET de trigo se evaluó el impacto de iguales niveles de datos faltantes con tablas de dos dimensiones respecto al número de E y diferentes valores de varianza de G, E e interacción, los resultados fueron consistentes a los observados en las bases de datos de maíz.

HIBRIDACIÓN ESPONTÁNEA CULTIVO-SILVESTRE Y SU IMPACTO SOBRE LA BIODIVERSIDAD AGRÍCOLA

Poverene M¹, T Vymyslicky², JP Renzi³, V Holubec⁴, M Cantamutto¹. ¹Departamento de Agronomía, UNSUR, CERZOS-CCT Bahía Blanca. ²Res. Inst. Fodder Crops, Troubsko. ³EAA INTA H. Ascasubi. ⁴Crop Res. Inst. Praga. e-mail: poverene@criba.edu.ar

Mediante un convenio bilateral Argentina-República Checa se identificaron situaciones de flujo génico en ambos países que representan una oportunidad o una amenaza para la agricultura. En la República Checa se hallaron *taxa* vinculados a la mostaza blanca (*Sinapis* sp.), remolacha (*Beta vulgaris*), amapola (*Papaver* sp.), girasol (*Helianthus annuus*), lechuga (*Lactuca sativa*). En campo experimental se encontraron individuos fuera de tipo en las accesiones de *Aegilops* posiblemente generados a partir del cruzamiento espontáneo entre el ancestro silvestre y alguna de las especies domesticadas de trigo (*T. durum*, *T. aestivum* u otros). Se observaron poblaciones naturales de numerosas especies del género *Vicia*, que resultan de interés para la agricultura. En Argentina se identificaron condiciones de riesgo de flujo génico en *taxa* vinculados al girasol (*H. annuus*), colza (*Brassica napus*), sorgo (*Sorghum bicolor*). *Vicia* sp. se encontró desarrollando poblaciones naturales y en condiciones de cultivo. También se observaron poblaciones invasoras de *Pinus* y un pariente silvestre del trigo, del género *Elymus*. Los materiales introgresados hallados en la misión de investigación se cultivaron en campo experimental para documentar la presunta hibridación. También se analizó la existencia de rasgos de interés agrícola, como paso previo al depósito en bancos de germoplasma. Se seleccionaron unas 40 accesiones de *Vicia* en República Checa que serán evaluadas en Argentina. Se espera encontrar rasgos de interés agronómico (producción, estacionalidad, sanidad, tolerancia a estreses).

RENDIMIENTO Y CALIDAD DE TRIGO CANDEAL (*Triticum turgidum* ssp. DURUM) EN EL SUR BONAERENSE

Larsen AO¹, CA Jensen¹, ML Seghezzi¹. Chacra Experimental Integrada Barrow (CEI Barrow, Convenio MAA-INTA), Tres Arroyos, Prov. de Bs. As. e-mail: larsen.adelina@inta.gov.ar

El trigo candeal (*Triticum turgidum* ssp. durum) es la materia prima para la industria de pastas secas. Es importante integrar la información agronómica y de calidad obtenida de los ensayos multiambientales. Los objetivos de este trabajo fueron estimar el grado de asociación entre %Proteína y %Gluten, valores b* de Sémola y b* Fideo y asociar rendimiento (Rto, kg/ha) y parámetros de calidad (P.H., P.M.G., %RENDL, b*SL, %GLUTEN, GI y N.E.FAR) mediante análisis de componentes principales (ACP) según ambiente y variedad. Se analizaron los resultados de 2 años de ensayos en 6 ambientes (Bce, Mir, LaD, Bw, Cab y Bve) con 8 genotipos actuales (BIFAC, BTOP, BESM, BICAR, BPLA, ACA1801F, ACA1901F y BGRA). Los resultados mostraron relaciones altas y positivas entre %Gluten y %Proteína ($r=0,93^{**}$; $R^2=0,86^{**}$) y entre b*Fideo y b*Sémola ($r=0,72^{**}$; $R^2=0,52^{**}$). El ACP por Ambientes arrojó una correlación entre Rto y GI ($r=0,85^*$) y entre éstos y %GLUTEN ($r=-0,83^*$; $r=-0,77^*$ respectivamente). Existe alta correlación entre Cab y Bve y la variable %GLUTEN. Mir, LaD y Bw poseen el mayor Rto y LaD y Bw se asocian con GI y P.M.G.. No fue posible asociar b*SL con ningún ambiente. El ACP por Variedades halló correlaciones entre GI y Rto ($r=-0,71^*$); P.H. y P.M.G. ($r=0,69^*$); b*SL y %RENDL ($r=-0,90^{**}$) y GI y N.E.FAR ($r=0,76^*$). Las variedades BTOP y BICAR mostraron buen Rto y b*SL; ACA1801F y ACA1901F se destacan por %RENDL, P.H. y P.M.G.. BIFAC, BPLA y BGRA se asocian con altos GI y N.E.FAR. BESM se asocia negativamente con GI, lo cual señala que es un cultivar con tendencia a dar masas más débiles.

GMV 5

DESARROLLO DE UN MAPA GENÉTICO DE LA VARIEDAD DE TRIGO BUCK PONCHO

Darino MA¹, ME Perez Collado¹, MJ Dieguez¹, MF Pergolesi¹, LR Ingala¹, L Rochi¹, F Sacco¹.¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA-INTA, CC25 (1712) Castelar, Buenos Aires, Argentina.
email: dieguez.maria@inta.gob.ar

Buck Poncho es una variedad de trigo desarrollada en la Argentina en el año 1986 que actualmente es utilizada en los programas de mejoramiento no solo por exhibir resistencia durable a roya de la hoja del trigo sino también por sus características agronómicas, como calidad de grano y rendimiento. La construcción de un mapa genético de marcadores moleculares permite identificar marcadores no solo ligados a los genes de resistencia sino también a caracteres de interés agronómicos. Una población F9 de 96 líneas recombinantes homocigotas (RILs) del cruzamiento entre Buck Poncho X la variedad Purplestraw, susceptible a roya y de menor calidad de grano y rendimiento, fue evaluada en condiciones de invernáculo con 8 aislamientos del patógeno. Se identificaron 3 genes con efectos mayores, dos en estadio de plántula y uno de planta adulta. Evaluaciones a campo con infecciones naturales realizadas sobre la población de RILs durante tres años fueron analizadas mediante análisis de varianza seguido por contrastes ortogonales, indicaron que los tres genes de resistencia explican parte de la resistencia observada en Buck Poncho y que la interacción con genes con efectos pequeños en la resistencia y con efectos residuales de resistencia de genes mayores no detectados por las poblaciones patógenas actuales serían los responsables de la resistencia observada en Buck Poncho. Se evaluaron 52 marcadores moleculares sobre la población de RILs lográndose posicionar al menos un marcador por cromosoma e identificar marcadores ligados a los tres genes de resistencia.

GMV 6

TRANSFERENCIA DE RESISTENCIA A FUSARIOSIS A VARIEDADES SUSCEPTIBLES DE TRIGO CANDEAL

Soresi DS¹, D Zappacosta², I Irigoyen², A Carrera².¹CERZOS-CONICET, CCT-Bahía Blanca, Bahía Blanca. ²Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca.
e-mail: acarreira@criba.edu.ar

La fusariosis de la espiga de trigo (FET), causada por *Fusarium graminearum*, disminuye el rendimiento y genera granos contaminados con micotoxinas. Existe escasa variabilidad genética para resistencia en trigo candeal *T. turgidum* L. var. *durum*. Se dispone del material LDN(Dic-3A), que porta el QTL de resistencia *Qfhs.ndsu-3AS* de *T. dicoccoides*, ligado al microsatélite *Xgwm2*. El objetivo fue evaluar la estabilidad de este QTL en líneas avanzadas obtenidas de cruzamientos de LDN(Dic-3A) con Buck Esmeralda y Buck Candisur. Se obtuvieron progenies F3 que se analizaron mediante el marcador *Xgwm2* permitiendo la selección de individuos homocigotas para el alelo de resistencia. La resistencia a FET se evaluó en individuos F4 y en las variedades, mediante el porcentaje de espiguillas sintomáticas por espiga inoculada (severidad) a los 7, 14 y 21 días post-inoculación (dpi). En ambos cruzamientos, los genotipos no difirieron en severidad a los 7 y 14 dpi. A los 21 dpi, el parental susceptible incrementó significativamente el valor de severidad en comparación con el parental resistente LDN(Dic-3A) y los F4 homocigotas. Este comportamiento refleja la diferente capacidad de los genotipos para impedir el avance de la enfermedad (resistencia Tipo II). Los resultados demuestran la factibilidad de transferencia del QTL de resistencia, la efectividad de la selección basada en el análisis molecular facilitando el trabajo de mejora y la estabilidad de la expresión de la resistencia en fondo genético cultivado. Se continúa con selección molecular y fenotípica incluyendo evaluación agronómica.

DETECCIÓN DE FUENTES DE RESISTENCIA A *Fusarium graminearum* SCHWABE. EN TRIGO (*Triticum aestivum* L.)

Gieco LC¹, AA Dittrich¹, MM Nisi², M Helguera³. ¹INTA-EEA Paraná. ²INTA-EEA Marcos Juárez. e-mail: gieco.lucrecia@inta.gob.ar

El incremento estable en la productividad de un cultivo está asociado al mejoramiento genético del potencial de rendimiento. Entre los factores bióticos que pueden afectar el potencial, las enfermedades fúngicas provocan las mayores pérdidas en rendimiento. La fusariosis de la espiga (FE), causada por *Fusarium graminearum* Schwabe., está ampliamente difundida y es altamente destructiva del trigo (*Triticum aestivum* L.), afectando rendimiento, calidad e inocuidad del grano. La estrategia de control de FE más sustentable desde el punto de vista ambiental es el control genético. Existen escasas fuentes de resistencia, la mayoría provenientes del cultivar Sumai 3. Con el objetivo de determinar la base genética de la resistencia a FE del cv Pampeano, se generó una población de 133 RILs F8 con el cruzamiento de Pampeano ® y BioINTA 1005 (S), bajo la hipótesis de que el cv Pampeano posee factores novedosos de resistencia genética a FE que no derivan de Sumai 3. Para elaborar el mapa genético se genotiparon los progenitores con 428 SSR, encontrándose 144 marcadores polimórficos. Se está desarrollando el genotipado de las RILs para la posterior construcción del mapa de ligamiento. Para fenotipar las RILs se realizó un ensayo de inoculación puntal de la espiga en invernáculo. Se utilizó un DBCA con 3 repeticiones. Se registraron los porcentajes de severidad (%sev) 21 días pos inoculación. Los %sev permitieron discriminar entre RILs, por su resistencia a la dispersión del patógeno en la espiga. Este ensayo se repetirá dos veces más para la futura detección de QTLs.

RESISTENCIA A FUSARIOSIS DE LA ESPIGA EN POBLACIÓN DE RILs DERIVADAS DE TRIGO ARGENTINO

Staltari S¹, JM Costa², MB Aulicino¹, MM Astiz Gassó¹, HJ Barca¹, MC Molina^{1,3}. ¹Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, UNLP. ²University of Maryland, USA. ³CONICET. e-mail: sstaltari77@gmail.com

La fusariosis de la espiga de trigo (FET) es una enfermedad difundida globalmente que provoca pérdidas y contaminaciones con micotoxinas en granos y derivados. El empleo de variedades resistentes es la estrategia de control más adecuada. Existen limitadas fuentes de resistencia entre las que sobresalen las de origen asiático. Es fundamental la identificación de nuevos QTL para incorporar en materiales comerciales. El genotipo argentino AR5 posee resistencia a FET de origen diferente a la asiática. El objetivo del trabajo fue identificar y caracterizar la resistencia a FET en una población de 138 RILs derivadas del cruzamiento AR5 x SONALIKA. Mediante un DCA, se evaluó la resistencia a campo y en cámara inoculando una espiguilla central de la espiga. Las variables analizadas fueron severidad, incidencia, índice ISK, % granos dañados y contenido de DON. Con ANOVA se estimaron parámetros genéticos y con análisis de componentes principales (ACP) la importancia de las variables que discriminan las RILs. La población expresó distribución amplia y continua para todas las medidas de resistencia y el DON fue la variable de mayor heredabilidad. El ACP agrupó RILs con resistencias de diversa naturaleza y detectó qué variables poseen mayor peso en la clasificación. Las comparaciones de Dunnett's permitieron detectar RILs diferenciadas significativamente tanto del padre resistente como del susceptible. Estos resultados avalan divergencia genética entre progenitores y amplia variabilidad genética en las RILs, aspectos esenciales para la localización de QTL mediante análisis molecular.

SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE TRIGO CON RESISTENCIA DURABLE A ROYA DE LA HOJA UTILIZANDO EL GEN LR 34

Acosta MG¹, A Dittrich¹, L Gioco¹, HJ Milisich¹. ¹Laboratorio de Biotecnología, Genética y Mejoramiento Vegetal, INTA-EEA Paraná, Ruta 11 km 12.5, Oro Verde, Entre Ríos, Argentina.
e-mail: acosta.maria@inta.gob.ar

El gen Lr34 confiere resistencia durable a roya de la hoja hace más de 50 años. La dificultad de seleccionar visualmente materiales portadores del Lr34, de bajo efecto fenotípico, ha impulsado la búsqueda de marcadores moleculares (MM) que posibiliten mayor eficiencia en esta tarea. Con este fin se desarrollaron MM diagnósticos y funcionales. Los primeros (csLV) se encuentran estrechamente ligados al gen, aunque revelaron ciertas limitaciones en su especificidad debido a eventos de recombinación de baja frecuencia. Los MM funcionales (MMFs) derivan de sitios polimórficos de genes que están asociados con variaciones fenotípicas y son desarrollados a partir del gen funcional. El objetivo del trabajo fue evaluar genotipos con un progenitor csLV positivo y uno csLV negativo, utilizando los MMFs. Para ello se ensayaron 352 genotipos, de los cuales 64 fueron previamente caracterizados como csLV positivos y 288 csLV negativos. Se emplearon oligonucleótidos específicos para amplificar el MMF ccssr5 y fueron seleccionados los genotipos portadores de la banda asociada a la presencia del gen. El 28% de los genotipos csLV positivos fueron ccssr5 negativos. Dentro de los genotipos csLV negativos, el 3% fueron ccssr5 positivos. Esta metodología permitió caracterizar con un marcador gen-específico la presencia del gen Lr34 en el germoplasma evaluado. Los resultados obtenidos demostraron que el empleo de los MMFs constituye una herramienta para una evaluación más precisa de una gran cantidad de genotipos y la selección de aquellos que posean el gen Lr34 con alto grado de exactitud.

COMPARACIÓN DE DOS METODOLOGÍAS PARA MEDIR COLOR EN GENOTIPOS DE TRIGO

Misler V¹, S Ureta¹, R Miranda², N Salomón¹, C Delrieux³.

¹Departamento de Agronomía, UNS. ²Asociación Cooperativas Argentinas. ³Departamento Ing. Eléctrica y Computadoras. UNS.
e-mail: nsalomon@criba.edu.ar

El color es uno de los 84 descriptores utilizados para diferenciar genotipos en la etapa final de un programa de mejoramiento. Lamentablemente su juzgamiento es subjetivo y muy afectado por condiciones físicas. Este trabajo muestra resultados en el análisis del color en el estado de macollaje de dos campañas, a través de 26 y 32 cultivares comerciales respectivamente de trigo sembrados en la RET. El color de referencia fue tomado con un espectrofotómetro de mesa, y las muestras a campo con una cámara digital convencional. Se trabajó en el espacio cromático YIQ que aísla la luminancia (Y) de la cromaticidad (IQ) y se utilizó esta última en el análisis. En ambas campañas se calculó el error medio entre los métodos usados, y se realizó un análisis de covarianza del error entre variables. En la campaña 2011 las tomas fueron realizadas sin tener en cuenta un blanco de referencia de buena calidad que permitiese una adecuada corrección de la temperatura cromática, por lo que hay un error sistemático hacia la zona del Q negativo (las fotografías se ven levemente viradas al magenta), lo cuál es consistente con las fotografías obtenidas con cielo nublado (alta temperatura cromática). Por el contrario en la campaña 2012 se realizaron los recaudos metodológicos, y la lectura de color con espectrofotómetro no tuvo diferencias significativas con la imagen tomada con cámara digital. Se demuestra de esta manera que existe correlación entre la medición de color controlada en gabinete y la obtenible en campo y sin instrumental sofisticado, lo cual posibilita una evaluación más objetiva y rigurosa.

EL GEN DREB-A1 Y SU RELACIÓN CON LA RESPUESTA A BAJAS TEMPERATURAS EN LINEAS DE TRIGO CANDEAL

Díaz ML¹, J Basualdo², SJ Cuppari², I Miguel¹, AD Carrera³. ¹Universidad Nacional del Sur-Dpto. Biol. Bioqca y Farm., ²CERZOS (CONICET), ³Universidad Nacional del Sur-CERZOS (CONICET).
e-mail: mldiaz@criba.edu.ar

El estrés por frío induce cambios fisiológicos a través de variaciones en los perfiles de expresión de genes funcionales y reguladores. A este último grupo pertenece el factor de transcripción DREB1 (*Dehydration Responsive Element Binding*). El objetivo de este trabajo en relación al gen *DREB-A1* comprendió, i) la caracterización molecular en 12 materiales de trigo candeal y ii) el análisis de expresión en tres genotipos con distinta tolerancia a frío. En las secuencias amplificadas se identificaron los tres dominios característicos de la familia AP2/ERF: señal de localización nuclear, dominio de unión al EREBP/AP2, región rica en Ser/Thr. Se detectaron dos polimorfismos dentro del dominio EREBP/AP2. Estos no se relacionaron con la tolerancia a frío ni con el hábito de crecimiento. En el análisis de expresión mediante qPCR, los tres genotipos analizados mostraron una disminución de la expresión cuando fueron sometidos a 10° C en comparación con la temperatura inicial de 22° C (Ti); sin embargo a 4° C, todos presentaron un aumento de la expresión respecto del tratamiento a 10° C en todos los tiempos analizados (1, 2, 4 y 8 hs), siendo el genotipo invernal el que mostró el mayor incremento, alcanzando cuatro veces el nivel basal, a las 4 hs. Se concluye que la temperatura de 10° C no es inductora de la expresión de *DREB-1A* y que a 4° C la expresión se incrementa durante las cuatro horas iniciales, lo que concuerda con el perfil temporal de un gen superior en la vía de respuesta a bajas temperaturas.

INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN TRIGO PARA FIDEOS: RELACIÓN ENTRE RENDIMIENTO Y PROTEÍNA DEL GRANO

Miravalles MT¹, M. Seghezzi², E Molfese², V Echenique^{1,3}. ¹Dpto. Agronomía, UNS. ²Chacra Experimental de Barrow. ³CERZOS-CONICET.
e-mail: echeniq@criba.edu.ar

El presente estudio exploró la relación entre el rendimiento (RG) y el porcentaje de proteína del grano (%PROT) en diez ambientes de cultivo del sur bonaerense, que se sembraron con cinco genotipos de trigo para fideos siguiendo un diseño en bloques al azar con cuatro repeticiones. Debido a las interacciones GxA que afectaron a ambos caracteres, las correlaciones entre %PROT y RG variaron significativamente entre ambientes tanto en magnitud como en signo, oscilando entre positivas y altamente significativas ($r=0,76^{**}$) y negativas y significativas ($r=-0,75^{*}$). Dichos coeficientes no estuvieron asociados con los niveles medios de rendimiento ($r=-0,35^{ns}$) ni de %PROT ($r=0,02^{ns}$), corroborando que los efectos de dilución, que son la principal causa de la asociación negativa entre %PROT y RG, pueden estar presentes en condiciones muy diferentes. Un análisis de regresión múltiple, determinó que la notable variación observada en los coeficientes de correlación encuadró dentro de un modelo general de respuesta de tipo polinomial, donde la temperatura media de la primera quincena de diciembre, coincidente con la última etapa del llenado, respondió por un 91% de la variación en los valores de r entre %PROT y RG ($b_x = -3,62$; $b_x^2 = 0,10$; $R^2 Aj. = 0,88$, $F = 35,47$ $P < 0,001$, $N = 10$). Según dicho modelo el punto de inflexión de la curva se ubicó en 18,1° C ($\pm 0,2$), concordando con el umbral de temperatura por encima del cual se ha considerado que cualquier reducción en la duración del período de llenado de granos no puede ser compensada con un aumento en la tasa de acumulación de almidón.

ASOCIACIÓN DE GENES CANDIDATOS PARA CARACTERES DE INTERÉS AGRONÓMICO EN TRIGO HEXAPLOIDE

Basile SM^{1,4}, WJ Rogers^{1,4}, LS Vanzetti^{2,4}, H Dalla Valle¹, L Cortizo¹, MC Peverelli¹, JA Tognetti³, M Helguera². ¹Lab. Biología Funcional y Biotecnología (CICPBA-BIOLAB AZUL) CIISAS, Facultad de Agronomía-UNCPBA, Av. Rep. Italia 780, C.C. 47. CONICET-INBIOTEC. ²INTA-Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez, Ruta 12 s/n (2580), Marcos Juárez, Córdoba. ³Lab. Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias-UNMDP, Ruta 226 Km 73,5, Balcarce y Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia. de Bs As. ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
e-mail: marisol_basile@yahoo.com.ar

El objetivo del trabajo fue mapear por asociación QTLs relacionados con componentes de adaptación, rendimiento y calidad, utilizando un *set* de genes de función conocida a fin de poder proponer genes candidatos para dichos QTLs. En 2013 se realizó un ensayo a campo en Azul con un DBCA de 2 bloques, donde se evaluaron fenotípicamente 102 cv argentinos de trigo pan provenientes de una población de mapeo por asociación desarrollada en INTA Marcos Juárez. Los datos fenotípicos se vincularon con datos genotípicos utilizando el programa Tassel versión 3.0.168. Se analizaron en esta primera etapa 20 genes candidatos (*Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1*, *Lr34*, *Lr24*, *Lr10*, *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, *Ppd-D1*, *Ppd-B1*, *Rht-B1*, *Rht-D1*, *PinA-D1*, *Glu-A3*, *Wx-A1*, *Wx-B1*, *Vp1-B3*, *Ppo-D1* y *Ppo-A1*) en un modelo lineal mixto. Se encontraron 11 loci con efectos en 24 de los 35 caracteres medidos, de los cuáles al menos cinco loci podrían tener efecto directo en las variables fenotípicas evaluadas: *Ppd-D1* (2DS) con efecto significativo en días a espigazón y a antesis, % de proteína en grano e índice de cosecha; *Ppd-B1* (2BS) en Peso Fresco (PF) de los vástagos, altura de espigas, Peso Seco (PS) de granos entre otros; *Rht-D1* (4DS) en altura de vástagos, biomasa total, número de granos (NG) totales, peso total de granos; *Rht-B1* (4BS) en NG estimados en el resto del metro y *Vrn-A1* (5AL) en días a antesis, a espigazón y a madurez y PF del resto de los granos. Solo *Ppd-D1* mostró efectos sobre caracteres de floración y solo *Rht-D1* sobre altura, pese a la variación alélica presente en los dos genes de fotoperíodo y de enanismo.

VARIACIONES FENOTÍPICAS ENTRE ALELOS DEL QTL EPS AM1 EN TRIGO DIPLOIDE

Coria JP¹, G Tranquilli², ML Appendino¹. ¹Cátedra de Genética, FAUBA. ²Instituto de Recursos Genéticos, CIRN-INTA.
e-mail: juanpaiv@hotmail.com

En trigo la variabilidad fenotípica en la duración del ciclo del cultivo provocada por el carácter precocidad intrínseca ó *earliness per se* (EPS), se manifiesta más claramente cuando los requerimientos fotoperiódicos y de vernalización han sido satisfechos o son inexistentes. Se ha detectado para este carácter un Qtl, Eps-Am1, localizado en el cromosoma 1 del trigo diploide *Triticum monococcum* (1Am). Se utilizaron líneas cuasi-isogénicas (NILs) primaverales derivadas del cruzamiento entre la especie cultivada *T. monococcum* ssp. *monococcum* (DV92, primaverales y tardía para EPS: alelo Eps-Am1l) y la silvestre *T. monococcum* ssp. *aegilopides* (G3116, invernal, precoz para EPS: alelo Eps-Am1e). Los experimentos fueron llevados a cabo con la finalidad de caracterizar diferencias fenotípicas entre los alelos en: número de hojas, duración del período vegetativo, tasa de aparición de hojas (filocrono) y de primordios foliares (plastocrono). Para ello se trabajó en cámara de cría cultivando las plantas individualmente, bajo fotoperíodo de 16 horas y 22° C con baja intensidad luminosa. El análisis se realizó comparativamente con un grupo de líneas (RILS) ya caracterizadas previamente excepto para filocrono. Los resultados constataron las diferencias en número de hojas y duración del período vegetativo. Por otra parte el filocrono y plastocrono entre líneas no mostró diferencias estadísticamente significativas, sugiriendo cambios en la duración de los períodos y mantenimiento de la tasa de emisión de primordios.

GENES DE ENANISMO *Rht B1* Y *D1* COMO DETERMINANTES DE LA ALTURA DE CULTIVARES DE TRIGO PAN ACTUALES

Abbate PE¹, NE Mirabella^{1,2}, IA Ramirez¹, AC Pontaroli^{1,3}. ¹Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMDP y EEA-INTA Balcarce), CC 276, Balcarce (B7620ZAA), Bs. As., Argentina. ²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires, Argentina. ³CONICET. e-mail: abbate.pablo@gmail.com

La reducción de la altura de los cultivares comerciales de trigo que se dio en Argentina a partir de los 80 permitió aumentar el rendimiento a través de: 1) una mayor tolerancia al vuelco y 2) una mayor proporción de la biomasa del cultivo destinada a la generación de granos. La reducción se logró por medio de la introgresión de los alelos de enanismo *Rht B1b* y *D1b*. Entre los cultivares actuales existe una considerable variación en altura, cabe preguntarse si los alelos de los genes *Rht B1* y *D1* permiten explicar esas variaciones. Los datos provienen de 5 campañas de ensayos de la Red de evaluación de cultivares de trigo conducida con alta tecnología en INTA Balcarce. La cantidad de cvs. estudiados fue 31-46/año. El análisis se realizó para cvs. de ciclo largo (CL) y corto (CC) separadamente. Para cada cultivar se calculó el residuo de su altura (RH) respecto del promedio de los cvs. del experimento; luego se promediaron los RH agrupando los cvs. en las 4 combinaciones alélicas posibles entre ambos genes. La altura promedio de los CL fue 91 cm con rango de variación de 29%, los respectivos valores para los CC fueron 90 cm y 21%. Entre los CL hubo diferencias ($P < 0,05$) en RH entre los grupos alélicos, sin embargo el grupo que promedió menor altura no fue *B1bD1b* (doble enano) sino *B1aD1b* (4 cm menor que el promedio); el de mayor altura fue *B1bD1a* (5 cm mayor). En los CC no hubo diferencias entre grupos. En conclusión, los alelos de los genes *Rht B1* y *D1* no dieron una explicación satisfactoria de las diferencias de altura de los cultivares actualmente en difusión en Balcarce.

DETERMINACIÓN DEL EFECTO DE LOS GENES *PPD-B1* Y *PPD-D1* SOBRE LA FERTILIDAD DE LA ESPIGA EN TRIGO PAN

Redi IW¹, IA Ramirez^{1,2}, PE Abbate¹, AC Pontaroli^{1,3}. ¹Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce INTA-FCA, UNMDP), CC 276 (7620) Balcarce, Argentina. ²Monsanto's Beachell-Borlaug International Fellowship Program. ³CONICET. e-mail: nachomdq90@hotmail.com

Uno de los principales componentes del número de granos por m² (NGm²) en trigo es la fertilidad de la espiga (FE, i.e. NG/peso seco de la espiga sin granos). Este carácter se ha propuesto como criterio de selección en el mejoramiento, dadas su gran estabilidad, mediana heredabilidad y facilidad de medición. Se ha observado que el fotoperíodo durante etapas previas a la floración afecta el número de primordios florales fértiles (NPF), y se ha sugerido aumentar la sensibilidad al fotoperíodo para incrementar el NPF, lo que podría modificar la FE y el NGm². Sin embargo, los datos disponibles provienen de pocos genotipos y se centran en el efecto de los genes *Ppd-B1* y *Ppd-D1* sobre el NPF y no sobre la FE. Por ende sería deseable conocer si determinada combinación alélica para dichos genes conlleva un aumento en la FE. El objetivo fue establecer la relación entre la FE y los genes *Ppd-B1* y *Ppd-D1*. Para ello se sembraron 100 líneas endocriadas en tres fechas de siembra en un diseño de parcelas divididas con dos repeticiones. La FE se determinó en 15 espigas en madurez y la información genotípica se obtuvo de la bibliografía. Los datos se analizaron mediante ANOVA con la fecha de espigazón como covariable. Como resultado, se detectó efecto significativo de ambos genes y de su interacción sobre la FE. En promedio, las líneas con alelos de insensibilidad al fotoperíodo mostraron una FE 10% mayor que la de las restantes. Esto sugiere que, además de intervenir en la determinación del momento de espigazón, los genes *Ppd-B1* y *Ppd-D1* ejercen un efecto directo sobre la FE.

EFECTO DE GENES DE ENANISMO SOBRE LA FERTILIDAD DE LA ESPIGA EN TRIGO PAN

Alonso MP^{1,2,4}, JS Panelo¹, PE Abbate¹, AC Pontaroli^{1,3}. ¹Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce INTA-FCA, UNMdP), CC 276 (7620) Balcarce, Argentina. ²Comisión de Investigaciones Científicas de la Prov. de Buenos Aires (CIC). ³CONICET. ⁴Afiliación actual: CONICET. e-mail: jspanelo@gmail.com

Uno de los principales componentes del número de granos en el cultivo de trigo es la fertilidad de la espiga (FE; cociente entre el número de granos y el peso de la espiga sin granos). Se ha observado que este carácter tiene mediana a alta heredabilidad, pero se desconoce qué genes lo controlan. En la década de 1960 se produjo un incremento sustancial en el rendimiento de trigo gracias a la introgresión de genes de enanismo, que aumentaron la partición a espiga y la tolerancia al vuelco por una reducción de la altura de la planta. Existen evidencias de que estos genes están involucrados en la determinación del número de granos, por lo que es posible hipotetizar que al menos alguno de ellos está asociado con la FE. En una población biparental de 150 RILs F_7 derivada del cruzamiento entre variedades contrastantes para la FE (Baguette 10 x Klein Chajá) se analizaron siete marcadores microsatélites ligados a genes de enanismo y dos variantes alélicas de cada uno de dos genes de enanismo adicionales. El gen *Rht-D1* y dos microsatélites (asociados a *Rht4* y a *Rht9*) fueron polimórficos entre los padres y exhibieron segregación 1:1 en la población. En el análisis de comparación de medias de FE entre los grupos generados por las variantes alélicas, realizado con datos de FE obtenidos en ensayos de campo en 3 años en Balcarce, Argentina. Se detectó un efecto significativo del gen *Rht-D1* sobre el carácter ($p=0,007$); así, el grupo portador del alelo *b* presentó, en promedio, FE 4% superior a la del grupo portador del alelo *a*. Esto sugiere que el gen *Rht-D1* podría estar asociado a la FE.

IDENTIFICACIÓN DE CULTIVARES DE COLZA Y CEBADA SUPERIORES Y ESTABLES PARA CARACTERES AGRONÓMICOS

Camezzana JM¹, L García¹, JC Suárez², J Lúquez¹. ¹Unidad Integrada Balcarce. ²Consultor Privado. Pergamino, Buenos Aires. e-mail: luquez.julia@inta.gob.ar

La colza y la cebada en Argentina son convenientes para anteceder a la soja de segunda. Esto hace necesario conocer el comportamiento y la estabilidad de los cultivares para rendimiento y otros caracteres agronómicos en ensayos multiambientales. Para identificar los cultivares superiores y estables, se analizaron datos de rendimiento de colza, y de rendimiento, contenido de proteína (CP) y calidad de cebada con los métodos de Shukla y Rendimiento Relativo. En colza se utilizaron dos grupos de datos: 1) 9x10 78: 9 cultivares, 10 ambientes, ciclos agrícolas 2007 y 2008, y 2) 4x 22 9101112. En cebada se utilizó un grupo de datos para rendimiento: 9x26 1112, uno para CP: 9x24 1112 y uno para calidad: 9x28 1112. No hubo interacción cultivar x ambiente para CP. El cultivar MP1012 fue identificado por ambos métodos como de alto rendimiento, con contenidos adecuados de proteína y calidad para maltería y estable para los tres caracteres. Veinte ambientes contribuyeron a este resultado para calidad y 11 para rendimiento. En colza, los cultivares Foremost del primer grupo de datos y Bioaureo 2386, del segundo, fueron identificados como estables y de alto rendimiento por los dos métodos. Puede apreciarse que el comportamiento de los cultivares de colza y cebada y su estabilidad para caracteres agronómicos no son mutuamente excluyentes y deben considerarse juntos en los genotipos a usarse como progenitores en los programas de mejoramiento genético..

INUSUAL SEGREGACIÓN DE TRANSGENES EN PLANTAS DE TRIGO

Voutat R¹, B Garibotto¹, A Beznec^{1,2}, C Decima Oneto¹, P Faccio^{1,3}, D Lewi¹, E Bossio^{1,3}. ¹IGEAF-INTA. ²CONICET. ³FCEQyN, Universidad de Morón.
e-mail: aebossio@gmail.com

La obtención de plantas transgénicas de trigo mediante biolística conlleva usualmente un elevado número de inserciones de los transgenes en hemicigosis, redundando en la obtención de poblaciones constantemente segregantes para el transgén. En el Laboratorio de Transformación Genética Vegetal del IGEAF se obtuvieron eventos de trigo transformados con un vector que permite la expresión de una horquilla que promueve el silenciamiento de los genes involucrados en la biosíntesis de glutatión. Inesperadamente, la descendencia T_1 resultante de la autofecundación de las plantas T_0 obtenidas en los ensayos de transformación mencionados no exhibieron segregación para el transgén, ya que se encontraron solo plantas transgénicas, a pesar de que solo una o dos inserciones fueron registradas en los tres genotipos estudiados. Esta observación se evaluó molecularmente a lo largo de tres generaciones de autofecundación, verificando en todos los casos la ausencia de segregación. Con el objetivo de obtener individuos segregantes y poder determinar el estado de cigosis del transgén en las plantas T_0 (obtenidas en los ensayos de transformación) se realizaron cruzamientos de la generación T_1 con el genotipo *wild type*. Los resultados de la caracterización molecular de la generación obtenida sugieren que el patrón de segregación del transgén no se ajusta a ninguna relación esperada. Una población con mayor número de individuos permitirá resolver esta situación

EFFECTO DE RADIACIÓN GAMMA SOBRE LA GERMINACIÓN Y EL CRECIMIENTO EN TRIGO, TRITICALE Y GARBANZO

Di Pane FJ¹, M Gracia Alba², SC Lopez². ¹CEI Barrow (MAA-INTA). ²CNEA.
e-mail: dipane.francisco@inta.gob.ar

Las mutaciones inducidas, ya sea por agentes químicos o por radiaciones ionizantes, se han utilizado en el mejoramiento de los cultivos más importantes. En los últimos 15 años se han obtenido 1019 variedades mutantes, siendo los rayos ionizantes responsables de muchas de ellas. Las dosis de rayos ionizantes Gamma se dividen en altas, medias y bajas. Las dosis altas se utilizan para la esterilización de productos alimenticios, y dosis más bajas se utilizan para inducir mutaciones en semillas. Para estudiar los efectos de los rayos Gamma se irradiaron semillas secas de trigo, triticale y garbanzo con tres dosis (50, 200 y 400 Gy) en la Comisión Nacional de Energía Atómica de Ezeiza (Argentina). Cuando se evaluó el poder germinativo (PG) se encontró que en dos de las tres especies no hubo diferencias significativas (trigo y triticale). En cambio, en garbanzo se observó mayor PG en el control (0) y una disminución estadísticamente significativa solo con el tratamiento más alto (400 Gy). Al analizar el crecimiento inicial (CI) en todas las especies evaluadas se encontraron diferencias significativas. En todos los casos el control (0) tuvo mayor CI y fue disminuyendo a mayor dosis de radiación. Las diferencias encontradas permitirían asegurar un efecto de la radiación con rayos Gamma sobre las semillas secas. A pesar del menor crecimiento inicial se podría haber generado mutaciones benéficas en los cultivos analizados. El uso de rayos ionizantes en tratamientos con semillas secas se mostró, a priori, positivo para generar variabilidad en estas especies.

ESTABILIDAD Y ADAPTABILIDAD PARA RENDIMIENTO DE HÍBRIDOS SIMPLES DE MAÍZ CON CALIDAD DIFERENCIADA

Corcuera VR¹, M Kandus², D Almorza³, JC Salerno². ¹CIC, Peia. Buenos Aires. ²Inst. de Genética "E.A. Favret"-INTA Castelar. ³Universidad de Cádiz, España.

e-mail: salerno.juancarlos@inta.gob.ar

El objetivo del trabajo fue identificar genotipos de híbridos simples de maíz con calidad diferenciada mediante el acercamiento paramétrico a la estabilidad. Se evaluaron en ensayos comparativos de rendimiento trece genotipos (HC49-HC85) en la localidad de Castelar durante 3 años. El rendimiento (Kg/ha) se determinó a partir del número medio de espigas productivas por planta y la productividad de éstas expresada como el peso de sus granos. La estabilidad y adaptabilidad de los materiales ensayados fue analizada mediante métodos de aproximación paramétrica [Francis y Kannenberg (CV%); Finlay y Wilkinson (b_j), Eberhart y Russell (S^2_{di}), Wricke (W) y Pinthus (r^2)] así como a través de un método no paramétrico como el de los Rendimientos Relativos (RR). Se empleó el coeficiente de rangos de Spearman (r_s) para comparar los rangos de estabilidad atribuidos a cada genotipo mediante los diferentes métodos utilizados. El ANAVA reveló que tanto los híbridos como los ambientes difieren marcadamente entre sí ($p \leq 0,01$). Las medias genotípicas fluctúan entre 4.554,2 Kg/ha y 11.763,1 Kg/ha. Los resultados obtenidos deben considerarse orientativos debido al número de ambientes de evaluación. La mayoría de los métodos sugiere que HC49, HC57, HC66, HC77 y HC83 son los genotipos más estables. A su vez, HC57, HC66 y HC77 se adaptaron mejor a situaciones ambientales menos favorables por ser los más estables en sentido biológico (estabilidad tipo 1).

ANÁLISIS DE SENDEROS PARA VARIABLES RELACIONADAS AL RENDIMIENTO DE GENOTIPOS DE MAÍZ

Rossi EA¹, NC Bonamico¹, ME Ortiz¹, MA Di Renzo¹. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto. e-mail: ezequiel.455@hotmail.com

El análisis de coeficiente de sendero permite descomponer la correlación entre dos o más variables en componentes, directos e indirectos. Dicho análisis se realizó con el objetivo de interpretar las correlaciones genéticas entre rendimiento en grano y cuatro variables relacionadas, de distintos genotipos híbridos de maíz. Para ello se evaluaron veintiocho híbridos de maíz en la localidad de Río Cuarto durante el ciclo agrícola 2012/2013, con un diseño en bloques completos al azar. Las variables medidas para obtener la correlación genética y estimar los efectos directos e indirectos fueron rendimiento en grano (RG), altura de planta (AP), días a floración (DF), peso de mil granos (PM) e intervalo antesis-estigma (IAE). El análisis permitió observar que la variable RG estuvo afectada, directa e indirectamente, por las variables DF, AP e IAE. A su vez, estas tres variables también tuvieron componentes directos e indirectos sobre PM. Por otra parte, PM solo afectó directamente a RG. Los mayores efectos directos sobre RG fueron los de AP y PM, en forma positiva, y DF, en forma negativa. Mientras que para PM la principal componente directa positiva fue IAE. Por lo tanto altura de planta, peso de mil granos y días a floración serían variables de importancia en la determinación del rendimiento en programas de selección y mejoramiento genético.

COMPONENTES GENÉTICOS INVOLUCRADOS EN EL RENDIMIENTO Y LA CALIDAD COMERCIAL DE MAÍZ PISINGALLO

Lorea RD^{1,2}, B Gaset². ¹EEA-INTA Pergamino. ²Fac. de Agronomía, ECANA-UNNOBA.
e-mail: lorea.roberto@inta.gob.ar

Argentina es el segundo productor mundial de maíz pisingallo y primer país exportador. En este cultivo, junto con el rendimiento en grano, la calidad de lo producido juega un papel importante y objeto de mejora conjunta. La calidad se mide principalmente por su volumen de expansión (el cociente entre el volumen ocupado por los copos y el peso de granos que a través de la cocción les dieron origen), otro parámetro determinante también del estándar de comercialización es el tamaño de los granos (K/10). Para establecer las componentes genéticas del rendimiento y calidad de grano (volumen de expansión y K/10) en un grupo de 8 líneas endocriadas de maíz pisingallo (representativas de 4 orígenes genéticos diferentes), se evaluó un cruzamiento dialélico completo en la EEA Pergamino de INTA durante la campaña 2012/13. Con la media de cada variable se calcularon los efectos de aptitud combinatoria general (ACG), específica (ACE) y recíprocos presentes en las 8 líneas, utilizando el programa GENES y aplicando el Método 1. Además, se calculó la importancia relativa de la ACG y la ACE (IRg). Se encontró que los componentes genéticos determinantes de estas características fueron tanto efectos aditivos (ACG) como no aditivos (ACE), siendo los últimos de mayor magnitud. Se encontraron efectos recíprocos solamente para el volumen de expansión. La información analizada determina la existencia de 4 grupos heteróticos entre las líneas evaluadas, definidos claramente para las 3 características en estudio y acordes al origen de las mismas.

SELECCIÓN DE HÍBRIDOS SUPERIORES DE MAÍZ A PARTIR DE ENSAYOS COMPARATIVOS DE RENDIMIENTO

Biasutti CA, M Balzarini, MV de la Torre, MC Nazar. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba.
e-mail: biasutti@agro.unc.edu.ar

La elección de los cultivares experimentales se basa generalmente en su comportamiento en múltiples ensayos de rendimiento. Esto da por establecido que los datos de numerosos ensayos son más predictivos que uno o pocos ambientes de prueba. El objetivo de este trabajo fue analizar el poder predictivo de un reducido número de ensayos comparativos para la selección de los cultivares de maíz que pasarán a la próxima etapa de evaluación en un programa de mejoramiento. Datos de rendimiento de ensayos de 2010 a 2013 fueron empleados para estudiar el poder predictivo de los ambientes de evaluación. Se emplearon los modelos mixtos para la estimación del mejor estimador lineal insesgado (*Blup*) de cada genotipo, empleando el estadístico t del *Blup* (t*Blup*) como medida del comportamiento de los cultivares. Del total de híbridos evaluados, un 82% de los genotipos no mostraron valores opuestos de t*Blup*, mientras que el 18% restante sí exhibieron valores contrapuestos de t*Blup* entre los ambientes de evaluación. La correlación entre los valores de t*Blup* a través de los ambientes de evaluación fue no significativa, salvo la relación entre dos ambientes de bajo rendimiento ($r=0,54^*$). Analizando todos los ambientes en conjunto, la inclusión de relaciones de parentesco entre los genotipos permitió la diferenciación de un 45% de los híbridos contra un 5% sin incluir relaciones. La selección de híbridos promisorios debe realizarse en base a un mínimo de dos ambientes, que permitan la expresión de la variación entre los genotipos.

HEREDABILIDAD EN SENTIDO AMPLIO Y ESTRICTO PARA LA RESISTENCIA A *Fusarium verticillioides* EN MAÍZ

Belich YE¹, RN Pioli², GR Pratta^{2,3}. ¹Nidera S.A. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. ³CONICET.

e-mail: yebelich@nidera.com.ar

El objetivo del trabajo fue estimar la heredabilidad en sentido amplio (H^2) y estricto (h^2) en tres poblaciones de RILs de maíz para resistencia a *Fusarium verticillioides* (*Fv*). El ensayo se sembró en Venado Tuerto y las inoculaciones se realizaron con un aislamiento de *Fv* con probada capacidad infectiva sobre líneas puras pertenecientes a diferentes grupos heteróticos. Se analizaron RILs (líneas endocriadas recombinantes) derivadas de tres cruzamientos entre esas líneas puras: la población A se obtuvo del cruzamiento entre 2 líneas resistentes (Flint x Flint), la población B, entre 2 líneas moderadamente resistentes (Lancaster x Lancaster) y la población C, entre 2 líneas susceptibles (Lancaster x Lancaster). La resistencia se evaluó mediante Severidad (en porcentaje, %S) de *Fv* en 45 RILs de la población A, 40 RILs de la B y 43 RILs de la C. Se analizaron 30 plantas dentro de cada una de las 128 RILs. Las comparaciones entre cruzamientos y poblaciones dentro de cruzamientos se realizaron por ANOVA anidado, a partir del cual se estimaron H^2 y h^2 despejando los componentes de variancia respectivos. Se encontraron diferencias significativas para %S para ambas fuentes de variación consideradas, verificando la existencia de variancia genética aditiva y no aditiva para este carácter. La estimación de H^2 fue 0,27 y la de h^2 , 0,19. Estos resultados corroboran que la resistencia a *Fv* es un carácter complejo, de herencia cuantitativa y gran influencia ambiental, siendo aún posible obtener respuesta a la selección para incrementar la resistencia a *Fv* en maíz.

PRODREDUMBRE DE TALLO Y RAÍZ EN HÍBRIDOS DE MAÍZ: ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO × AMBIENTE

Fissore MJ¹, MA Ibañez¹, NC Bonamico¹, MA Di Renzo¹. ¹Mejoramiento Genético, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Agencia N° 3, 5.800 Río Cuarto, Argentina.

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

La podredumbre de tallo y raíz (PTR) es una de las enfermedades más importantes del cultivo de maíz en Argentina. El método de control más eficiente, económico y ambientalmente sustentable implica el uso de genotipos resistentes. La enfermedad, que está influenciada por las condiciones ambientales, presenta varios síntomas que se manifiestan con grados diferentes. Para cuantificar la reacción de los distintos genotipos en los diferentes ambientes de prueba, se propone utilizar un “indicador multidimensional de podredumbre de tallo y raíz” (IMPTR). El objetivo de este trabajo fue estudiar la interacción genotipo × ambiente (GE) para el indicador multidimensional de podredumbre de tallo y raíz. El IMPTR de 12 híbridos de maíz se estimó a partir de evaluaciones realizadas en las localidades de Buchardo, Olaeta y Papagayo, durante una campaña agrícola. Se utilizó el modelo de regresión de sitios para ensayos multiambientales. El gráfico biplot GGE permitió separar las tres localidades en dos grupos de ambientes. En un grupo, conformado por las localidades de Papagayo y Buchardo, los híbridos presentaron, en general, valores medios del IMPTR y poca variabilidad. En el otro grupo, representado por Olaeta, la localidad con mayor capacidad discriminante y más representativa, los genotipos mostraron las mayores diferencias en su reacción frente a la enfermedad, lográndose aquí una mejor caracterización de los mismos. El IMPTR, junto al modelo de regresión de sitios y su biplot, permitieron diferenciar y agrupar híbridos por su comportamiento frente a la PTR.

QTL PARA LA REACCIÓN AL VIRUS DEL MAL DE RÍO CUARTO EN FAMILIAS F2:3 DE MAÍZ

Bonamico NC¹, MA Di Renzo¹, EA Rossi¹, ML Borghi¹. ¹FAV, UNRC.
e-mail: ncbonamico@gmail.com

El índice de severidad de enfermedad (ISE) es una medida multivariada de la reacción al virus del Mal de Río Cuarto (MRCV) en maíz. El objetivo del trabajo fue identificar QTL para el ISE, la incidencia (INC) y la severidad (SEV) del Mal de Río Cuarto. Una población F2:3 derivada de una línea resistente y otra susceptible al MRC se evaluó en tres ambientes del área en donde la enfermedad es endémica (Río Cuarto 2011, La Aguada 2011 y La Aguada 2012), con un diseño en bloques completos al azar. Posteriormente, se estimaron el ISE, la INC y la SEV de la enfermedad. Los análisis estadísticos se realizaron por ambiente y a través de ambientes mediante mapeo por intervalo simple y compuesto. En ambientes individuales se detectaron QTL comunes para ISE, INC y SEV en los cromosomas 1 y 10, y para INC y SEV en el cromosoma 3. Se detectaron QTL específicos para INC en los cromosomas 1 y para SEV en los cromosomas 4 y 6. La varianza fenotípica explicada, osciló entre 4% y 18%. A través de ambientes también se identificaron QTL comunes para ISE, INC y SEV en los cromosomas 1 y 10, siendo la máxima variación fenotípica explicada del 11%. La presencia de QTL específicos para INC y para SEV sugiere que existen distintos mecanismos involucrados en la reacción al MRCV. Menor SEV se asociaría con mecanismos de tolerancia al virus y menor INC con mecanismos de tolerancia al virus y a la transmisión por el vector. En este estudio se informan QTL para la reacción al MRCV en regiones del genoma de maíz donde ya se han identificado genes de resistencia a virus y otros patógenos.

EL BOMBARDEO CON ELECTRONES PROLONGA LA VIDA ÚTIL DE CALLOS DE MAÍZ CRECIENDO EN CULTIVO *IN VITRO*

Allocati JP^{1,2}, H Pedranzani². ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. ²Universidad Nacional de San Luis.
e-mail: jallocati@hotmail.com

Se desarrolló un método innovador basado en principios de la física, para prolongar la vida útil de callos tipo II de maíz HiII (*Zea mays L.*) creciendo en cultivo *in vitro*. La viabilidad de un callo que va a ser destinado a transformación por biolística, posee una ventana en la que es útil para el proceso. Luego de este período una serie de reacciones REDOX se suceden en el medio de cultivo, así como en la atmósfera de la placa y las células, a la que llamaremos biósfera del callo. En estas condiciones se obtiene una eficiencia de transformación significativamente menor, medida como: plantas adultas transgénicas/callos bombardeados. Sería deseable ampliar esta ventana de viabilidad por medios alternativos, que permitan disminuir los costos y maximizar la salud de los tejidos. La presencia en el medio del agente reductor Ag^+ ($AgNO_3$) disminuye la producción de la fitohormona gaseosa etileno cediendo electrones al sistema y disminuyendo los efectos negativos asociados a ella como la oxidación, y una multiplicidad de procesos que regulan el crecimiento y desarrollo. Su costo es elevado, por tanto, se desarrolló una solución innovadora que consiste en entregar poder reductor a la biósfera del callo, utilizando el bombardeo de electrones libres generados por ionizadores. Se evaluó semanalmente en un grupo de callos no repicados parámetros relacionados con la oxidación, la friabilidad y la vida media. Los callos tratados conservan su vida útil 10 semanas promedio, casi el doble que los controles, sin verse comprometida su capacidad para regenerar plantas enteras fértiles.

TRANSFORMACIÓN DE CALLOS EMBRIOGÉNICOS DE MAÍZ MEDIADA POR *Agrobacterium tumefaciens*

de la Calle V¹, C Décima Oneto², P Faccio², E Bossio², A Beznec², D Lewi³.
¹Facultad de Agronomía y Ciencias Agroalimentarias, Universidad de Morón. ²Instituto de Genética E.A. Favret, INTA.
 e-mail: lewi.daliamarcela@inta.gob.ar

La tecnología de transformación de plantas es una herramienta útil para conseguir la mejora de cultivos así como para llevar a cabo el estudio de la función de genes, permitiendo su introducción y aportando nueva variabilidad genética. La transformación puede abordarse a través de diferentes métodos: físicos o biológicos. El grupo de transformación genética vegetal del IGAEF cuenta con un protocolo de transformación de maíz por biolística con el cual se obtuvieron eventos para diversos caracteres. Actualmente existen protocolos de transferencia génica mediante *Agrobacterium tumefaciens* (*At*) basados en la infección de embriones maduros o inmaduros. Con el fin de poder utilizar callos embriogénicos como blanco de transformación mediada por *At*, se trabajó en la obtención de un protocolo novedoso tomando como referencia la información preexistente para otro tipo de explantes. Los resultados obtenidos a partir de la infección con la cepa EHA101 (conteniendo un vector binario que permite la expresión de los genes *gus* y *bar*) muestran que es posible la transformación de callos embriogénicos de genotipo Hi-II y la posterior regeneración de plantas transgénicas fértiles. La transferencia de ADN se comprobó molecularmente mediante PCR sobre células de callos y sobre tejido foliar. La expresión del transgén de selección se evidenció a través de la observación de la resistencia al herbicida aplicado sobre las hojas.

CARACTERÍSTICAS DEL GRANO EN LÍNEAS F₇ DE CRUZAS DE TRITICALE FORRAJERO X GRANÍFERO

Carena C¹, H di Santo¹, E Castillo¹, A Ferreira¹, V Ferreira¹, E Grassi¹.
¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.
 e-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El mejoramiento de autógamias requiere generar variabilidad mediante cruzamientos entre genotipos selectos. La capacidad para producir grano se analizó en siete cruzas entre cuatro progenitores CIMMYT mejorados por aptitud granífera harinera y tres cultivares forrajeros registrados por la UN de Río Cuarto. Empleando 18 plantas F₇ por cruza se evaluaron: peso y N° de granos/planta, peso individual del grano e índice de tersura (1 arrugado - 4 lisos). Los datos se analizaron mediante ANVA y prueba de Duncan, contrastes ortogonales y componentes principales. Los valores medios fueron 3,30 ± 1,84 g/pl, 97,66 ± 56,15 granos/pl, 34,96 ± 7,57 mg/grano e índice de tersura de 2,53 ± 0,87, con diferencias significativas entre cruzas para peso de granos/planta (F=2,24*), peso individual del grano (F=10,5***) e índice de tersura (F=4,48***). Los altos rangos de variación fenotípica dentro de cada cruza revelaron una amplia recombinación. Los contrastes entre cruzas fueron significativos a favor de aquellas cuyos progenitores tienen aptitud granífera; presentaron grano más grande (F=42,06***), con valores de 37,6 ± 7,4 mg/grano vs. 31,1 ± 6,1 mg/grano, y de mayor tersura (F=20,14***) con índices de llenado de 2,8 ± 0,8 vs. 2,2 ± 0,8. El análisis de componentes principales reveló dos cruzas (C95/88 x Quiñé RA y C92/130 x Quiñé RA) con valores adecuados para los 4 caracteres. La evaluación preliminar del grano producido permitió identificar la línea Quiñé RA-UNRC como progenitor para futuros cruzamientos con objetivo granífero y la tipificación de líneas promisorias para grano.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE VARIETADES DE CEBADA PARA GENES DE RESISTENCIA A ENFERMEDADES Y CALIDAD

González GA¹, VA Conti¹, F Moreyra¹, A Vallati¹, FJ Gimenez¹. ¹INTA-EEA Bordenave.

e-mail: gonzalez.ga@inta.gov.ar

El uso de marcadores moleculares permite caracterizar materiales mediante la presencia o ausencia de genes de importancia agronómica. En este trabajo, se realizó una caracterización molecular de 22 variedades comerciales de cebada. Se utilizaron como control nueve materiales de la colección de cebada de la EEA Bordenave de INTA, que poseían, según la bibliografía, alelos favorables para los genes de interés. Se aplicaron marcadores tipo CAPS sobre los genes Rph7 (resistencia a roya de la hoja), Rrs2 (resistencia a escaldadura) y β -Amilasa (enzima de degradación del almidón durante el macerado de la malta). Las variedades Shakira y Traveler presentaron alelos de resistencia para el gen Rrs2. Las demás variedades no presentaron alelos favorables para los genes Rph7, Rrs2 y β -Amilasa. La caracterización permitió confirmar la presencia de alelos de resistencia a roya de la hoja en los materiales Hendly, Heris, Henrike y Delta de la colección. También se confirmó la presencia de los alelos favorables para β -Amilasa en Ayuna Nijo, Tome Nijo, Centenial, Rika y Delta. A partir de esta caracterización se crearon poblaciones utilizando como padres variedades comerciales y materiales donantes de los alelos favorables. Se seleccionaron individuos que combinan alelos de resistencia para ambas enfermedades con alelos favorables de β -Amilasa. Las líneas derivadas de estos materiales que tengan buena performance agronómica, tendrían, además, buen comportamiento frente a roya de la hoja y escaldadura, y aportarían mejoras en la calidad industrial de cebada.

LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE LAS VARIETADES CRIOLLAS DE ARROZ DE SECANO

Pinto TT¹, GMB Gonçalves¹, R Souza¹, GO Telésforo¹, JB Ogliari¹.

¹Universidade Federal de Santa Catarina.

e-mail: tassi.tp@gmail.com

Los agricultores familiares del Sur de Brasil tradicionalmente siembran variedades criollas de arroz de secano para autoconsumo, éstas son cultivadas con pocos insumos y su conservación *in situ on farm* permite la co-evolución de las variedades con el medio ambiente. El presente estudio examinó la diversidad y divergencia genética de 16 variedades criollas mantenidas por los agricultores en el Oeste del Estado de Santa Catarina. Las variedades fueron colectadas por el Núcleo de *Estudos em Agrobiodiversidade* (NEABio/UFSC) en los municipios de Anchieta y Guaraciaba y caracterizados por descriptores morfológicos del grano, cualitativos (forma y color del grano y el color de la cáscara) y cuantitativos (peso, espesor, ancho y la longitud de la cariopsis), sugerido por *Bioversity International*. La diversidad se calculó con el índice de Shannon (IS) y las variedades se agruparon mediante el método de Ward-MLM con el *software Past*. El IS se estimó en $2,74 \pm 0,10$ ($\alpha=0,05$). El dendrograma ($r=0,74$) nos permitió clasificar tres grupos, el primer con cuatro variedades, el segundo con siete variedades divididas en dos subgrupos y el tercero agrupando a las otras cinco variedades. Los resultados muestran que la diversidad morfológica de grano debe ser preservada a fin de evitar la pérdida de las variedades criollas y de las características de los cultivos, que son valiosos para los agricultores tradicionales, tal diversidad también puede ser utilizada como una fuente de alelos para los programas de mejoramiento.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE VARIETADES Y LÍNEAS ARGENTINA DE ARROZ

Colazo JL¹, AB Livore¹, MF Galván¹, FD Cattaneo¹. ¹EEA-INTA Concepción del Uruguay, Grupo de Mejoramiento Genético de Arroz. e-mail: colazo.jose@inta.gob.ar

Un problema potencial del mejoramiento genético es la pérdida de diversidad genética (DG) dentro de las especies como consecuencia de las exigencias en la agricultura moderna y la poca utilización del germoplasma existente. Los objetivos del siguiente trabajo son agrupar genéticamente germoplasma de arroz usando marcadores moleculares y cuantificar la DG en los grupos formados. Se analizaron 22 variedades disponibles en Argentina, 9 líneas avanzadas del programa de mejoramiento genético de arroz del INTA-Concepción del Uruguay (CdU) y 3 variedades internacionales. Para establecer las relaciones genéticas entre los diferentes genotipos se utilizaron 32 marcadores moleculares. La DG se calculó como el valor medio de PIC de los loci SSR y SCAR analizados. Para evidenciar diferencias significativas en la DG de los diferentes grupos se realizó un ANAVA sobre los valores de PIC obtenidos. El dendrograma presentó dos grandes grupos correspondientes a la subespecie japónica (0,43) e índica (0,45). La DG de estos grupos fue similar y no significativa. Dentro del grupo índica se formó un subgrupo donde se agrupan las variedades más sembradas en Argentina. La DG de este subgrupo fue baja (0,34) siendo significativa en comparación con la DG total (0,60). Las líneas del programa de CdU presentaron una DG (0,51) resultando no significativa en comparación con la DG total. La DG disponible para sembrar en Argentina es buena aunque la DG usada en el área de siembra es baja. Esto podría representar un problema debido a la falta de plasticidad antes adversidades bióticas y abióticas.

EMBRIOGÉNESIS SOMÁTICA INDIRECTA EN *Chenopodium quinoa* WILLD

Paredes CM¹, LG Buitrago². ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, ²Proy. SECTER 08A153, Universidad Nacional de Jujuy. e-mail: claudiaparedes@argentina.com

La necesidad de conocer la respuesta fisiológica, como paso previo a un proceso de mejora, así como la posibilidad de explorar estrategias de conservación ex situ. son determinaciones que justifican disponer de un protocolo de cultivos in vitro eficiente para modelizar el comportamiento de la especie *Chenopodium quinoa* Willd. El objetivo del trabajo fue determinar la capacidad de regeneración por embriogénesis somática de las variedades de quinoa Kamiri, Ingapirca, Real, Cica y dos ecotipos a) Cusi Cusi y b) A14, para lo cual se sembraron en condiciones axénicas, explantes provenientes de hojas jóvenes y segmentos de tallos probando diferentes combinaciones de auxinas (2,4 D) y citoquininas (BAP), sobre el medio Murashige y Skoog (1962). Se ajustó un protocolo de desinfección, inducción y regeneración in vitro. la respuesta se interpretó estadísticamente mediante ANOVA y prueba de significancia de Duncan al 5%. Se obtuvieron respuesta a los medios MS + 2,4D (2 mg/l), diferenciándose el cv Cusi Cusi. En las combinaciones de medios: MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 0.01mg/l), respondieron los cv. Cusi Cusi, var. Real, cv. A014, var. Ingapirca. En combinaciones MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 0.1mg/l) y MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 1 mg/l) respondieron las variedades Real e Ingapirca. En la combinación MS + 2,4 D (0.5mg/l + BAP 3 mg/l) respondieron los cv. Cusi Cusi, var. Real, A014, var. Ingapirca. En todos los casos la variedad que no respondió a los medios ensayados fue Kamiri. Fue posible la obtención de regenerantes por callos originados desde hojas de los cultivares citados.

GENEALOGÍA Y PORCENTAJE DE FIBRA DE PROGENITORES EMPLEADOS EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CAÑA DE AZÚCAR

Tejedor MT¹, A Acevedo¹, L Erazzú². ¹Instituto de Suelos, Centro de Investigación de Recursos Naturales, Castelar, Buenos Aires, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. ²Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, Tucumán, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria.
e-mail: tejedor.matias@inta.gob.ar

Tradicionalmente, la caña de azúcar (CA, *Saccharum* spp.) ha sido la fuente para la producción de azúcar en el país, por lo que la selección de genotipos privilegió el rendimiento de tallos y azúcar (ton/ha). A su uso primario, se suma actualmente su potencial empleo como materia prima para producir bioetanol 2G. Esta nueva utilidad trae consigo el objetivo de ampliar la base de caracterización de aquellas especies vegetales que, como en el caso de CA, pueden ser seleccionadas para producir azúcar, energía o ser doble propósito. Por ello, se determinó el % de fibra y se analizó la genealogía de 14 cultivares de CA conservados *in situ* en la EEA INTA Famaillá, Tucumán, Argentina. Dos grupos surgieron fruto de la clasificación por origen de los genotipos: el argentino (AR) y el americano (AM). LCP 85-384 (AM) ocupa el 76% de la superficie plantada en Tucumán. Si bien los cultivares analizados derivan de cruzamientos entre especies que conforman el grupo *Saccharum*, los resultados muestran que la participación de *S. officinarum*, *S. robustum*, *S. sinense* y *S. spontaneum* en las genealogías de los AR difirió respecto de AM. No obstante, las variedades con mayor participación en las genealogías de los cultivares de ambos grupos correspondieron a *S. officinarum*. En general, los cultivares AR exhiben genealogías más reducidas que los AM, debiéndose ello en parte a que las genealogías de los cultivares del grupo AR están parcialmente contenidas dentro de las genealogías de los cultivares del grupo AM. Se informa el % de fibra y se discuten relaciones con otros caracteres de biomasa.

DISEÑO Y EVALUACIÓN DE NUEVOS MARCADORES MOLECULARES IRAPS EN GIRASOL

Sensolini R¹, E Altieri¹, M Bulos¹. ¹NIDERA S.A.
e-mail: rsensolini@nidera.com.ar

El girasol (*Helianthus annuus* L.) es un sistema modelo para estudios genómicos en la familia Asteraceae ya que su germoplasma presenta una amplia variación en cuanto a caracteres de interés agronómico. El análisis de diversidad del germoplasma en esta especie se ha llevado a cabo usando isoenzimas y marcadores de ADN basados en PCR. Los componentes repetitivos del genoma de eucariotas consisten fundamentalmente de retrotransposones (RTNs). El objetivo de este trabajo es diseñar marcadores tipo IRAP basados en secuencias de RTNs *Copia* y *Gypsy* de girasol para ampliar la base de marcadores disponibles para el cultivo, y seleccionar las combinaciones que mayor información generen en cuanto a la diversidad genética de diferentes cultivares de girasol. Para esto, se realizó el análisis de secuencias LTRs de 10 clones BACs públicos y 5 propietarias (Nidera S.A). Un total de 88 secuencias LTRs fueron alineadas y sus regiones consenso fueron usadas para diseñar cebadores. Dada la cantidad de combinaciones posibles entre cebadores se eligieron 94 de éstas (públicas y propias) para hacer una selección inicial en geles de agarosa y así elegir aquellas que presentaban mayor polimorfismo entre los materiales evaluados. Las 45 combinaciones selectas en agarosa fueron evaluadas en geles de poliacrilamida sobre dos líneas públicas bien divergentes. En base al nivel de polimorfismo observado, 44 de estas combinaciones serán utilizadas en una próxima etapa para analizar 40 genotipos públicos de girasol en una plataforma *LiCor 4300*.

MAPEO POR ASOCIACIÓN PARA EL ESTUDIO DE LA RESISTENCIA A *Sclerotinia sclerotiorum* EN GIRASOL

Filippi CV^{1,2}, N Aguirre¹, JE Zubrzycki^{1,2}, D Cordes³, JG Rivas¹, C Maringolo⁴, A Puebla¹, F Quiroz⁴, D Alvarez³, HE Hopp¹, A Escande⁴, RA Heinz^{1,2}, VV Lia^{1,2}, NB Paniego^{1,2}. ¹Instituto de Biotecnología, CICVyA-INTA Cautelar. ²Instituto Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, CONICET. ³EEA INTA Manfredi. ⁴EEA INTA Balcarce. e-mail: filippi.carla@inta.gob.ar

El mapeo por asociación (MA) es un método de mapeo de QTL que tiene el potencial de alcanzar resolución a nivel de genes individuales implicados en características cuantitativas complejas. En contraste con el mapeo biparental clásico de QTL, los métodos de MA pueden detectar relaciones entre variaciones fenotípicas y polimorfismos génicos existentes en colecciones de germoplasma, sin la necesidad del desarrollo de poblaciones de mapeo. Este trabajo tiene por objetivo la identificación de genes involucrados en la defensa a la podredumbre húmeda del capítulo (PHC) causada por *Sclerotinia sclerotiorum* utilizando la estrategia de MA basada en el análisis de genes candidato. Un conjunto de 137 líneas endocriadas de girasol fueron genotipificadas con un panel de 384 SNPs basado en la tecnología *Golden Gate/Veracode* (Illumina) y un conjunto de 30 genes candidato (GC) seleccionados por su participación en procesos de defensa a *S. sclerotiorum* en estudios de expresión diferencial. Se determinó la presencia de estructura genética en la población utilizando un panel de 42 SSR. Las medidas fenotípicas evaluadas fueron incidencia y severidad de la enfermedad registradas durante cinco campañas (2009–2014) y utilizando inoculación asistida con esporas del hongo. Análisis estadísticos llevados a cabo utilizando el *software TASSEL* permitieron la identificación de 4 GC relacionados con reducción en la incidencia de PHC y uno relacionado con menor severidad a través de la estrategia de MA ($p < 0,01$). Los marcadores asociados a estos QTL podrán ser usados en el mejoramiento asistido del cultivo.

LA RESISTENCIA A *Sclerotinia* EN CAPÍTULO Y LOS COMPONENTES DE RENDIMIENTO EN GIRASOL

Castano F¹, MA Giussani¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias-UNMDP, Balcarce, Buenos Aires. e-mail: castano.fernando@inta.gob.ar

El objetivo del trabajo fue conocer si el nivel de resistencia a la Podredumbre blanca del capítulo (PBC), provocada por *Sclerotinia sclerotiorum*, afecta a los componentes del rinde de híbridos de girasol en ausencia de dicha enfermedad. Se utilizaron 46 cruzamientos prueba que se ubicaron en un DBCA con dos repeticiones. Se inocularon 15, de 20 plantas/parcela, y se cuantificaron los componentes de resistencia: Incidencia-INC, Período de incubación relativo-PIR, Severidad: a los 40 días-SEV40 y máxima-SEVmx, y Crecimiento diario de la lesión-CDL. Desde las 5 plantas restantes (no inoculadas), se estimó el promedio/parcela del número-NG, peso-PG y contenido de aceite-AC de los granos/capítulo. El único año de ensayo mostró efectos significativos de híbridos para todas las variables consideradas. Al correlacionar los componentes de la resistencia con los del rendimiento, el análisis mostró que el 87% de los coeficientes (13/15) no eran distintos de cero. La independencia entre variables, marcada por una mayoría de correlaciones no significativas, sugiere que el nivel de resistencia de los híbridos crecidos en ambientes que no predisponen a la aparición de la PBC podría no influir desfavorablemente sobre algunos componentes del rendimiento. No habría pues costo biológico para la planta. Si bien ensayos adicionales ayudarán a validar o no este supuesto, el hecho que la resistencia a la PBC no condicione a ciertos componentes del rinde, insinúa, además, que la acumulación de genes favorables para rendimiento y resistencia a la PBC es posible en un mismo genotipo.

IDENTIFICACIÓN DE QTLs ASOCIADOS A RESISTENCIA A LA PODREDUMBRE HÚMEDA DEL CAPÍTULO EN GIRASOL

Zubrzycki J^{1,2}, C Maringolo³, C Filippi^{1,2}, V Lia^{1,2}, N Aguirre¹, F Quiróz³, J Rivas⁴, E Hopp¹, A Escande³, R Heinz^{1,2}, G Cervigni², N Paniego^{1,2}.

¹Instituto de Biotecnología, CICVyA-Inta Castelar. ²CONICET. ³Unidad Integrada INTA Balcarce.

e-mail: zubrzycki.jeremias@inta.gob.ar

La podredumbre húmeda del capítulo (PHC) en girasol, ocasionada por *Sclerotinia sclerotiorum*, es una de las limitantes más importante en la producción de este cultivo. El objetivo de este trabajo es identificar regiones genómicas involucradas en la resistencia a PHC mediante el mapeo de QTL en una población de líneas recombinantes endocriadas (RILs) obtenidas del cruzamiento de PAC2 (MR) x RHA266 (S). Se evaluaron fenotípicamente las RILs registrándose la incidencia (IE), severidad (S) y período de incubación (PI) de la enfermedad durante 4 campañas, utilizando inoculación asistida y un diseño en bloques incompletos al azar con tres repeticiones. Las RILs fueron genotipificadas utilizando AFLPs, SSRs y SNPs. Para estos últimos, se utilizó un ensayo multiplexado de 384 SNPs (tecnología *Golden Gate/Veracode, Illumina*), desarrollado sobre genes candidatos (GC) asociados a resistencia a estrés. La construcción del mapa genético (LOD=4, R=0,35) se realizó con el programa Carthagene (v0.99). Se incorporaron 62 SNPs al mapa distribuidos de manera uniforme sobre los 17 grupos de ligamiento (GLs). El mapeo de QTLs se realizó con un mapa de 576 marcadores y la matriz de fenotipos para IE. Análisis preliminares detectaron QTLs relacionados con niveles bajos de incidencia a PHC en los GLs 2, 7, 10, 14, y 15 (LOD \geq 3). Fue posible la identificación de QTLs vinculados a características de resistencia a PHC en diferentes GLs del mapa. El mapeo de GCs a través del ensayo multiplexado de SNPs permitió robustecer la identificación de nuevas regiones genómicas involucradas en la resistencia.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN UNA F₃ DE LA CRUZA ENTRE CULTIVARES DE SOJA CONTRASTANTES EN NODULACIÓN

Salvucci RD¹, MB Aulicino², E Altieri³, C Sala (†)³, PA Balatti^{1,4}. ¹Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE)-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. ²Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. ³Departamento de Biotecnología, Nidera Semillas SA. ⁴Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. e-mail: dariosalvucci@yahoo.com.ar

La fijación de nitrógeno, resultado de la simbiosis rizobio-soja, contribuye a mantener el nivel de N del suelo, conduciendo a la sustentabilidad de los sistemas productivos. Con el fin de seleccionar genotipos altamente nodulantes, se evaluó la asociación entre variables de biomasa y nodulación y se estimaron parámetros genéticos en una F₃, producto de cruzar un cultivar de alta con otro de baja nodulación. Se evaluaron en un diseño aleatorizado 94 familias F₃, que se inocularon con *Bradyrhizobium japonicum* E109. Se determinó el peso seco aéreo (PSA), de la hoja (PSH) y del tallo (PST), altura de la planta (AP), número (NN) y peso seco de nódulos (PSN). Se realizó un ANOVA y se estimó la varianza genética, fenotípica y heredabilidad en sentido amplio (H^2). Se calcularon las correlaciones genéticas, fenotípicas y un análisis de coeficientes de paso. Existieron diferencias significativas entre familias para todas las variables. Los valores de H^2 para PSA, PST, AP, NN y PSH fueron mayores a 0,71. Los valores de las correlaciones genéticas y fenotípicas fueron similares entre sí, señalando una varianza ambiental baja. La biomasa aérea se correlacionó con la masa de nódulos. El PSN tuvo un marcado efecto directo sobre el PSH (0,8) y efectos menores de 0,53 y 0,33 para PST y AP, respectivamente. La información obtenida aseguraría un avance genético en variables asociadas a capacidad de nodulación y brinda información para métodos de selección indirecta en programas de mejora.

MODO REPRODUCTIVO DE LA SELECCIÓN ISSAI DE *Actinidia arguta* Y SU COMPATIBILIDAD CON *A. deliciosa*

Briguglio MA^{1,2}, ON Marcellán¹. ¹Unidad Integrada Balcarce (Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP-EEA Balcarce, INTA). ²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. e-mail: marcellan.olga@inta.gob.ar

El Baby kiwi (*A. arguta*) es una especie dioica que produce frutos comestibles muy pequeños con destacables propiedades nutraceuticas. Su alta sensibilidad al estrés hídrico se podría superar mediante el uso de portainjertos híbridos. Cruzamientos intraploides junto con rescate de embriones inmaduros permitieron obtener progenie interespecífica, aunque el éxito dependió de la combinación genotípica. Existe una selección hexaploide de *A. arguta*, Issai, que presenta el mismo nivel de ploidía que *A. deliciosa* y produce frutos sin necesidad de un polinizador. Debido a discrepancias entre investigadores sobre la autofertilidad de Issai, el objetivo de este trabajo fue analizar aspectos relacionados con el modo reproductivo de una introducción de dicha selección. Para ello, (a) se analizó la viabilidad del polen de Issai mediante la técnica de tinción de Petersen, (b) se evaluó la autofertilidad de Issai cubriendo flores sin emasculando y observando la eventual formación de frutos y (c) se realizaron cruzamientos controlados entre Issai y 4 polinizadores de *A. deliciosa*. El polen de Issai fue totalmente estéril, pero se cosecharon frutos que no poseían semillas demostrando su origen partenocárpico. Estos frutos resultaron más pequeños que los obtenidos por polinización artificial (3,5 vs 6,5g) hallándose una correlación significativa (0,7) entre peso de fruto y número de semillas. En todas las combinaciones genotípicas interespecíficas se obtuvieron semillas viables, por lo que la hibridación convencional es factible en un programa de obtención de portainjertos híbridos.

SELECCIÓN POR DESARROLLO RADICAL DE PORTAINJERTOS PARA BABY KIWI (*Actinidia arguta*)

Briguglio MA^{1,2}, CA Godoy¹, ON Marcellán¹. ¹Unidad Integrada Balcarce (Facultad de Ciencias Agrarias UNMdP-EEA Balcarce, INTA). ²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. e-mail: mabriguglio@hotmail.com

La disponibilidad de portainjertos de kiwi a nivel mundial es escasa. El sistema radical del baby kiwi explora un volumen de suelo muy limitado. Una estrategia interesante es utilizar portainjertos pertenecientes a otras especies de *Actinidia* o incluso híbridos que, por su mayor vigor, aseguren una buena implantación y establecimiento. Con el objetivo de definir los criterios de evaluación y selección de los futuros portainjertos se analizó la correspondencia en caracteres relacionados con el desarrollo radical y aéreo entre *seedlings* (S, obtenida de semilla) y la primera generación clonal (PGC, obtenida de esquejes herbáceos). El ensayo se realizó en cámara de cultivo con 15 genotipos con desarrollos radicales contrastantes. Las mediciones de la parte aérea y radical (a través del programa WinRhizo) se sometieron a análisis uni y multi-variados, y de correlaciones. Se observó gran variabilidad fenotípica en la PGC que se correspondió con coeficientes de correlación entre S y PGC bajos aunque significativos, obteniéndose coeficientes del orden de 0,3-0,4 entre “área foliar/peso seco raíz” de S y “longitud total de raíces”, “longitud de raíces con diámetro menor a 1mm” y “área radical” de las PGC, y entre áreas radicales de S y PGC. Probablemente la alta variación no heredable se relacione con un posible efecto topofísico sobre el desarrollo de las plantas clonadas y con la interacción genotipo x ambiente. Mientras no se controle esta variación y a fin de evitar perder genotipos superiores, en generaciones tempranas solo se deberían descartar aquéllos con defectos serios.

ESTRUCTURA DE LA VARIACIÓN MOLECULAR EN CLONES DE BANANA (*Musa acuminata*) CARACTERIZADOS POR AFLP

Ermini JL^{1,3}, G Tenaglia², E Madelón³, GR Pratta^{1,3}. ¹CONICET. ²Ministerio de Educación de la Provincia de Formosa. ³Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias UNR, CC14 S2125ZAA Zavalla, Provincia de Santa Fe, Argentina.
e-mail: joseluis.ermi@unr.edu.ar

El objetivo fue determinar la estructura de la variación molecular (VM) en 52 clones recolectados en campos de agricultores formoseños, incluyendo materiales autotriploides (AAA) y alotriploides (AAB). Se usaron como testigos cuatro variedades AAA procedentes del exterior, introducidas experimentalmente en Formosa. Se aplicó el Análisis Molecular de la Variancia (AMOVA) a los perfiles de AFLP para determinar el efecto de diferentes criterios de clasificación (poliploidía, uso y origen) sobre la estructura de VM entre y dentro de las subpoblaciones que se pueden diferenciar mediante tales criterios. Se usaron 400 permutaciones para el cálculo del valor p asociado con cada término del modelo de AMOVA. De acuerdo a poliploidía, se originaron dos subpoblaciones (AAB y AAA), existiendo un 26,09% de VM entre y un 73,91% dentro de subpoblaciones. Al clasificar según el uso, se diferenciaron tres subpoblaciones: banana para cocción (clones AAB) y bananas para consumo en fresco de cultivo extensivo (clones AAA) y experimental (testigos AAA), respectivamente. En este caso, el 33,11% de VM se debió a diferencias entre y el 66,89% a diferencias dentro de subpoblaciones. Al discriminar según el origen (campo de recolección) se diferenciaron 8 subpoblaciones y se observó un 32,12% de VM entre y un 67,81% de VM dentro, obteniendo una estructura muy similar a la anterior. Estos resultados indican que la mayor VM entre subpoblaciones se encuentra con el criterio de clasificación uso y sugieren que los agricultores han intercambiado libremente el material vegetal que cultivan en sus campos.

ESTUDIO DE LA EXPRESIÓN DE GENES DE FRUTILLA INDUCIDOS POR UNA ESTIMULACIÓN MECÁNICA LEVE

Tomas-Grau RH¹, M Perato¹, V Hael-Conrad¹, MF Guerrero-Molina¹, MG Martínez-Zamora¹, JC Díaz-Ricci¹. ¹Inst. Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO), CONICET-UNT, e Inst. de Qca. Biológica "Dr. Bernabé Bloj", Fac. de Bioqca., Qca. y Feia., UNT.
e-mail: ro_tomasgrau@hotmail.com

Las plantas poseen la capacidad de activar mecanismos de defensa frente a distintos tipos de estreses bióticos y abióticos. Se ha determinado en hojas de *Arabidopsis thaliana*, que la estimulación mecánica leve (del inglés: *Soft Mechanical Stimulation*, SMS) activa en las mismas una respuesta inmune frente al patógeno *Botrytis cinerea*. El objetivo del presente trabajo fue estudiar la inducción de respuestas de defensa mediante SMS en hojas de frutilla. Para lo cual se llevó a cabo un estudio de la expresión de genes inducidos por SMS. Se utilizaron plantas de frutilla (*Fragaria ananassa* cv. Pájaro) saneadas por cultivo *in vitro* de cuatro meses de edad cultivadas en condiciones controladas (70% HR, 25° C, 16 h de luz). Una hoja de cada planta (3 por tratamiento) fue estimulada por SMS y se incluyeron plantas control que no fueron tratadas. El gen *FaPR1* que codifica la proteína relacionada a patogénesis PR1 fue regulado positivamente por el tratamiento con SMS. Asimismo, se determinó la inducción de los genes *FaOGBG5* y *FaCHI2.2* codificantes de una glucanasa y quitinasa, respectivamente, lo cual indicaría una mayor expresión de proteínas de defensa. Se observó también la regulación positiva del gen *FaACS* (ACC sintasa), sugiriendo la activación de la síntesis de etileno, y del gen *FaCAT* (catalasa) indicando la activación de esta enzima depuradora de H₂O₂. Estos resultados indicarían la activación de una respuesta de defensa; concluyendo que SMS activaría la inmunidad innata de las plantas de frutilla.

EVALUACIÓN DE NUEVOS CULTIVARES DE NOGAL INTA EN DISTINTAS ZONAS AGROCLIMÁTICAS DE CATAMARCA

Prataviera AG¹, JJ Cólica¹, AA Toro¹, DE Carabajal¹. ¹INTA-EEA Catamarca.

e-mail: toro.alejandro@inta.gob.ar

El nogal, *Juglans regia* L., fue introducido en el siglo XVI y hasta 1982 predominaban plantas de nuez tipo “Criolla” con rendimientos de 800Kg/Ha y poblaciones dispersas de Franquette, Turk, Mayette, Payne, Sorrento, Eureka y Wilson Wonder. En 1983 se introdujeron variedades “californianas” de fructificación lateral, productivas y de buena calidad de nuez. Este germoplasma constituyó la base del programa de mejora genética. Los caracteres seleccionados fueron precocidad de producción, fructificación lateral, tamaño de nuez y rendimiento de pepita. Las variedades INTA fueron caracterizadas de acuerdo a INASE: Argentina (Franquette *seedling* x Howard), Catamarca (selección semilla de Franquette), California (UC59-124 x Serr), Chichi Jais (selección local de semilla), Choya (Marchetti *seedling*), Davis (Ashley x Serr), Denett (Howard x Mayette *seedling*), Jais Franquette (Franquette *seedling*), Jais Mayette (Mayette *seedling*), Ramillete (*Sunland seedling*), Trompito (Lompoc x Uc49-46) y Yaco Tula (Howard x Chandler). Se verificaron rendimientos superiores a 2800Kg/Ha; tamaño de nuez entre 11,10g y 18,80g; índice de redondez entre 0,60 y 0,86; rendimiento de pulpa entre 37% y 52%; producción de mariposa clara-extra clara en el 80% al 100% de las nueces. Debido al buen comportamiento agronómico-productivo en las zonas nogaleras evaluadas (800-1800 msnm), estas variedades podrían cubrir la producción de nueces en áreas donde las variedades comerciales resultarían inadecuadas, o bien ampliar las fronteras del cultivo hacia nuevas zonas donde la altura compensaría la baja latitud.

REDES NEURONALES ARTIFICIALES EN LA SELECCIÓN DE CLONES DE *Eucalyptus* spp.

Arriel DAA¹, EAV Zauza², LMS Guimarães³, LL Bhering⁴, AC Alfenas³.

¹Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brasil.

²Suzano Papel e Celulose S.A., CEP 45995-000, Teixeira de Freitas,

BA, Brasil. ³Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de

Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brasil. ⁴Departamento de Biologia

Gral. Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brasil.

e-mail: daniarriel@hotmail.com

Los objetivos de este estudio fueron evaluar la eficacia de las redes neuronales artificiales (RNAs) para predecir el volumen de plantas de *Eucalyptus* spp. y su impacto en la selección de clones superiores utilizando datos de DAP. El análisis fue realizado empleando datos de un ensayo clonal conformado por 80 clones, con 5 plantas por parcela y 4 bloques, a los 3, 4 y 5 años de edad, concedidos por la empresa Suzano Celulose e Papel. Para evaluar la eficiencia de las RNAs en la estimación del volumen a partir del DAP fueron simulados dos escenarios con el *software* STATISCA 12.0. Primeramente, fue medida la altura de todas las plantas en uno de los bloques del experimento y luego fueron utilizadas RNAs para estimar el volumen de las plantas de los otros bloques. En el segundo escenario fue reducido gradualmente el número de plantas en cada bloque a 80, 60, 40 y 20% y utilizadas las RNAs para estimar el volumen de las plantas restantes. Posteriormente se comparó el ranking de los mejores clones utilizándose el volumen original, y el volumen estimado empleando RNAs a través del programa Genes. En ambos escenarios, se produjo un índice de coincidencia de 87,5% en la selección de los mejores clones al ser comparados los datos originales con los datos estimados, mostrando el potencial de la técnica para reducir los costos sin comprometer la eficiencia de la selección. Se espera que con un mejor entrenamiento de la red neural y que con el uso de una base de datos más grande, la tasa de coincidencia aumente entre los datos originales y los estimados.

PROTOCOLO DE EXTRACCIÓN DE ARN DE LA INTERACCIÓN *Eucalyptus grandis*-*Ceratocystis fimbriata*

Leguizamo Betancourth BM¹, A da Silva Xavier², EA Valverde Zauza³, S Oda^{3,4}, LMS Guimarães², P Alfenas Zerbine⁴, A Couto Alfenas².

¹Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brazil.

²Departamento de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brazil. ³Suzano Papel e Celulose S.A., CEP 45995-000, Teixeira de Freitas, BA Brazil. ⁴Departamento de Microbiologia, Laboratório de Microbiologia Industrial, Universidade Federal de Viçosa, CEP 36570-000, Viçosa, MG, Brazil.

e-mail: blancamlb06@gmail.com

Para entender el proceso infeccioso en la interacción *Eucalyptus grandis*-*Ceratocystis fimbriata* se estandarizó un método eficaz para la obtención de ARN total integro con buena calidad y pureza a partir de muestras de tejido de tallo. Fue establecida la asociación patogénica entre *C. fimbriata* y clones resistentes y susceptibles de eucalipto a la marchitez vascular causada por *Ceratocystis*. Se establecieron *Pools* de plantas resistentes con lesiones inoculadas y no inoculadas y *pools* de plantas susceptibles con lesiones inoculadas y no inoculadas. Fueron colectadas muestras en el punto de la inoculación 6, 12, 18, 24 y 30 HDI, congeladas inmediatamente en nitrógeno líquido y almacenadas a -80° C. Estas muestras fueron maceradas y realizadas extracciones de ARN total por medio de tres métodos. ARN fueron cuantificados en Nanodrop 2000 y su integridad verificada en Bioanalyzer 2100 y por electroforesis en gel de agarosa. ARN extraídos con el reactivo *Concert Plant RNA* (Invitrogen) presentaron mala calidad, probablemente debido al tipo de tejido, a la presencia de compuestos fenólicos y residuos orgánicos. Los ARN extraídos con *RNeasy Mini Kit* utilizando RLC (QIAGEN) mostraron concentraciones muy bajas. ARN extraídos con *Concert* y posterior purificación con el *RNeasy Mini Kit* utilizando RLC presentaron buena calidad, integridad en gel de agarosa, alta concentración y números de integridad (RIN)>7. Con el éxito en la obtención de ARN, el transcriptoma de la interacción *Eucalyptus* x *Ceratocystis* será estudiado por medio de secuenciación de próxima generación-Illumina.

ACTUALIZACIÓN DE LA SELECCIÓN GENÓMICA EN POBLACIONES DE MEJORAMIENTO DE *Eucalyptus* LOCALES

García MN^{1,2}, L Ornella³, EP Cappa^{2,4}, PV Villalba^{1,2}, CV Acuña¹, MC Martínez¹, J Oberschelp⁵, L Harrand⁵, MR Surenciski⁵, J López⁶, PS Pathauer⁴, MA Marcó⁵, HE Hopp¹, SN Marcucci Poltri¹. ¹INTA-Castelar, Instituto de Biotecnología. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ³NIDERA. ⁴INTA-Castelar, Instituto de Recursos Biológicos. ⁵EAA-INTA Concordia. ⁶EAA-INTA Bella Vista. e-mail: garcia.martin@inta.gov.ar

En especies forestales hay pocos reportes en selección genómica (SG) y en su mayoría están basados en simulaciones. Desde mediados de 2012, el INTA viene desarrollando estudios de concepto en ensayos de *Eucalyptus grandis* y *E. globulus*. Se evaluó el desempeño de seis metodologías de SG: 4 basadas en métodos de regresión (*Reproducing kernel Hilbert space*; *Ridge Regression* (RR); *Bayesian LASSO* (BL) y *Random Forest Regression*) y 2 basadas en métodos de clasificación (*Random Forest Classification*; *Support Vector Classification* con kernel lineal), sobre un cruzamiento F1 de *E. grandis*, evaluados para altura (TH), diámetro (DBH) y densidad de madera (DB). En una población de *E. globulus* con ensayos instalados en Uruguay se evaluó la incidencia de las relaciones de parentesco en la precisión de la predicción de tres caracteres (DBH, DB y lignina Klason). Por otro lado, se evaluó la factibilidad de predecir DBH y DB a través de ambientes mediante modelos generados con dos poblaciones de *E. globulus* con ensayos instalados en Argentina y Uruguay. Se encontraron diferencias significativas entre las metodologías evaluadas para todos los caracteres y conjuntos de marcadores. El mejor desempeño se obtuvo mediante BL y RR. En general, a mayor cantidad de marcadores, así como a mayor heredabilidad del carácter mayor es la precisión en la predicción. La presencia de medios hermanos entre poblaciones de entrenamiento y validación mejoró la precisión. El desempeño de los modelos desarrollados para la población de *E. globulus* de Argentina no fue extrapolable a la población de Uruguay y viceversa.

VARIABILIDAD GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN TETRAPLOIDE SEXUAL SINTÉTICA DE *Paspalum notatum*

Zilli AL^{1,2}, CA Acuña^{1,2}, CL Quarin^{1,2}, EJ Martínez^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste-CONICET. ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. e-mail: alexzilli@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea americana con citotipos diploides sexuales y poliploides apomícticos. El citotipo tetraploide apomíctico es predominante y con amplia distribución en el continente. El mejoramiento por hibridación de los tetraploides apomícticos requiere de la existencia de tetraploides sexuales. En la naturaleza no se han encontrado plantas 4x sexuales y sólo fueron obtenidos unos pocos genotipos experimentales con una base genética muy estrecha. El objetivo de este trabajo fue medir la variabilidad genética de una población sexual sintética (4xSS) de *P. notatum*, generada a partir de la diversidad de los ecotipos 4x apomícticos, para conocer el avance genético con respecto al germoplasma sexual de partida. Primero se obtuvieron 10 familias F₁s a partir del cruzamiento entre tres madres 4x sexuales (MS) y 10 padres 4x apomícticos (PA). La población 4xSS fue generada por el inter-cruzamiento entre 29 híbridos F₁ sexuales, fenotípicamente diversos, obtenidos de las diferentes familias. La población 4xSS se conformó con 304 plantas y su variabilidad fue medida con marcadores de microsatélites y mediante el uso del software *Info-Gen*. Se evaluaron 3 primers que generaron un total de 40 alelos. Los porcentajes de loci polimórficos de la población 4xSS, MS y (MS-PA) fueron de 95%, 42,5% y 80%; mientras que los valores de heterocigosis insesgada de Nei fueron de 0,32, 0,23 y 0,28 respectivamente. Esto demuestra la ampliación de la base genética del germoplasma 4x sexual de *P. notatum* transferida desde los ecotipos 4x apomícticos.

FRECUENCIA Y DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE CITOTIPOS DE *Paspalum unispicatum* SCRIBN. Y MERR.

Sartor ME¹, C Quarin¹, I Recalde¹, MH Urbani¹, F Espinoza¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina. e-mail: maritasartor@hotmail.com

Paspalum unispicatum se encuentra distribuida desde México hasta Argentina, incluyendo Cuba. Aunque ha sido descrita como una especie tetraploide (4x), se han encontrado plantas diploides (2x) y triploides (3x) en la región fitogeográfica Chaqueña de nuestro país. El objetivo de este trabajo fue analizar la distribución y representatividad de los citotipos en las poblaciones naturales dentro de esta región. Se colectaron entre 29 y 68 plantas de seis poblaciones: Avia Terai (P1), Colonia José Mármol (P2) y El boquerón (P3) en el Chaco, Ibarreta (P4) y Pozo del Tigre (P5) en Formosa y Metán (P6) en Salta, todas en Argentina. En P1 y P3 se encontraron exclusivamente individuos 2x, mientras que P6 resultó ser una población exclusivamente 4x. En las poblaciones restantes se registró una gran representación del citotipo 3x. Mientras que P4 fue exclusivamente 3x, en P2 el 75% de los individuos fueron 3x y el 25% fueron 2x; y en P5, el 75% fueron 3x y el 25% 4x. Estos resultados sugieren que en la región fitogeográfica Chaqueña se encuentra el centro de origen de los poliploides de esta especie, y que la triploidía no solo actúa como un puente para el flujo genético entre diploides y tetraploides, sino que en combinación con la apomixis, en esta especie, puede constituir un sistema exitoso de adaptabilidad. El sistema funciona transfiriendo la variabilidad que se generaría en los 2x hacia los 4x mediante la fecundación de gametos no reducidos de los 3x con gametos reducidos de los 2x.

MEJORAMIENTO MEDIANTE TRANSGÉNESIS DE *Paspalum dilatatum* POIR.: ACUMULACIÓN DE FRUCTANOS

Peralta Roa P¹, J Guitian¹, S Ghio¹, G Spangenberg², G Schrauf¹. ¹Facultad de Agronomía, UBA, Av. San Martín 4453 1417-CABA, Argentina.

²Department of Environment and Primary Industries AgriBio, Centre for AgriBioscience, 5 Ring Road, La Trobe University, Bundoora VIC 3083, Australia.

e-mail: pperalta@agro.uba.ar

Paspalum dilatatum, es una forrajera nativa de excelente calidad dentro de las gramíneas C4. Su difusión para ser implantada en pasturas se ha visto limitada por su baja producción de semillas, debido a la susceptibilidad a *Claviceps paspali*. Mediante el desarrollo de un programa de mejoramiento, la Cátedra de Genética de la FAUBA ha logrado seleccionar genotipos que combinen un alto peso de semilla con una escasa susceptibilidad a *C. paspali*. Sin embargo, se ha observado que dicho cultivar presentó mayor susceptibilidad a heladas y menor calidad forrajera. Es conocida la asociación entre el contenido de fructanos con calidad forrajera y tolerancia a heladas, sin embargo las gramíneas C4 no producen fructanos. Por tanto, la transgénesis se convierte en una alternativa para superar estos problemas. Se planteó la incorporación en *P. dilatatum* de genes que codifiquen dos fructosiltransferasas provenientes de *Lolium perenne*, Lp1-SST para la formación de 1-kestosa, y Lp6G-FFT que convierte 1-ketosa en fructanos. Se transformaron por biolística callos embriogénicos de *P. dilatatum* con los genes *Lp1-sst* y *Lp-6G-fft*, se analizó la presencia de los transgenes en los regenerantes mediante qPCR, resultando 36 eventos transgénicos. La actividad enzimática de las fructosiltransferasas en las plantas fue analizada por cromatografía en capa delgada encontrándose diferencias cualitativas entre sí y respecto a los controles. Estos ensayos permiten seleccionar los mejores eventos para contrastarlos en un futuro inmediato en condiciones de estrés abiótico y evaluar su calidad forrajera.

NIVELES DE EXPRESIÓN DE LA APOMIXIS EN HÍBRIDOS TETRAPLOIDES DE *Paspalum notatum*

Marcón F¹, AL Zilli¹, EA Brugnoli¹, SC Ferrari², EJ Martínez¹, CA Acuña¹.

¹Instituto de Botánica del Nordeste. ²EEA-INTA Corrientes.

e-mail: abrugnoli@agr.unne.edu.ar

En *Paspalum notatum* una de las opciones para el mejoramiento genético es la obtención de híbridos apomícticos heteróticos con un alto nivel de expresión del carácter. Se ha observado que en cruzamientos entre plantas sexuales y apomícticas la progenie segrega por modo de reproducción. Además, los híbridos apomícticos resultantes difieren en la expresión de este carácter. El objetivo fue evaluar la expresión de la apomixis, en híbridos tetraploides apomícticos de *P. notatum*. Se realizaron 10 combinaciones entre genotipos 4x sexuales y ecotipos 4x apomícticos. Se obtuvieron 473 híbridos, los cuales fueron clasificados por su modo de reproducción, mediante marcador molecular específico de la apomixis. La expresión de la apomixis fue estimada, a partir de la observación de sacos embrionarios maduros. La distancia genética entre los progenitores fue estimada con marcadores de ISSR. Se identificaron 92 híbridos apomícticos. La expresión de apomixis varió entre 4% y 100%, con un valor medio del 51%. Se observaron altos niveles de expresión (de 75 a 100%). La distancia genética entre progenitores varió de 0,36 a 0,58 índices de Jaccard. La correlación de distancia genética entre progenitores y expresión de la apomixis de la progenie fue significativa ($r=0,5$, $p<0,001$). La obtención de híbridos apomícticos de *P. notatum* con altos niveles de expresión de apomixis depende de la combinación de padres utilizados, siendo mayor el nivel de expresión cuando aumenta la distancia genética entre progenitores.

CARACTERIZACIÓN REPRODUCTIVA DE UNA POBLACIÓN TETRAPLOIDE SEXUAL SINTÉTICA DE *Paspalum notatum*

Zilli AL^{1,2}, V Guidalevich², RR Schulz², CL Quarin^{1,2}, CA Acuña^{1,2}, EJ Martínez^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE.

²Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.

e-mail: ejmartinez16@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea con razas diploides sexuales y poliploides apomícticos. En la naturaleza, los tetraploides (4x) apomícticos son los que predominan y no existen 4x sexuales. El objetivo de este trabajo fue caracterizar reproductivamente una población tetraploide sexual sintética (4xSS) de *P. notatum*. La población 4xSS fue generada a partir del inter-cruzamiento entre 29 F₁ sexuales, las cuales a su vez provienen de 10 familias obtenidas por cruzamientos entre tres genotipos sexuales experimentales y 10 ecotipos apomícticos. El modo de reproducción de la población 4xSS fue determinado en 304 individuos, mediante un marcador de RAPD 100% ligado a apomixis. Luego fue corroborado en una muestra al azar de 30 individuos, mediante la técnica de clarificado de ovarios y posterior observación de los sacos embrionarios con microscopio con dispositivo Nomarski. Un total de 302 plantas de la población 4xSS no amplificaron el marcador de RAPD. Se detectó la presencia del marcador en sólo dos plantas. Una de estas plantas mostró sacos embrionarios apospóricos, mientras la otra no fue analizada. El resto de las 29 plantas analizadas por citoembriología mostraron sacos de origen meiótico. Los resultados observados demuestran que la población 4xSS es básicamente de reproducción sexual, con excepción de 2 plantas que resultaron ser apomícticas, las cuales podrían ser producto de contaminación. La generación de esta población 4xSS servirá de base para el inicio de un programa de mejora de la especie.

DISTANCIA GENÉTICA ENTRE ESPECIES DEL GRUPO *Plicatula* DE *Paspalum* Y FERTILIDAD EN LA DESCENDENCIA

Novo PE¹, CL Quarin¹, CA Acuña¹, F Espinoza¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE.

Corrientes, Argentina.

e-mail: patriciaenovo@gmail.com

El grupo *Plicatula* incluye unas 30 especies forrajeras silvestres. Algunas se usan en cultivo, pero el mejoramiento a través de cruzamientos y transferencia génica no fue utilizado en ninguna de ellas porque son mayormente tetraploides y apomícticas (4xA). El logro experimental de una planta tetraploide sexual (4xS) de *P. plicatulum* (4PT) permitió realizar cruzamientos intra e interespecíficos. Nuestro objetivo fue determinar la distancia genética (DG) entre *P. plicatulum* (4xS) y genotipos 4xA de especies del grupo *Plicatula* y correlacionarla con el grado de cruzabilidad y con la fertilidad de los híbridos. Usamos 24 genotipos 4xA de 12 especies diferentes para polinizar a 4xS. Corroboramos con marcadores RAPDs y características morfológicas el origen híbrido de los descendientes. La cruzabilidad entre 4xS y los 24 genotipos varió de 0 a 51,5%. Logramos 16 familias híbridas. La fertilidad de los híbridos fue variable, desde 1% y hasta 40% de espiguillas con grano. Mediante AFLP y usando 7 combinaciones de *primers* se generaron 200 marcadores con los que se calculó la DG con el programa Infostat entre 4xS y los polinizadores 4xA tanto intra como interespecíficos. Las DG oscilaron entre 0,34 (con *P. plicatulum* 4087) y 0,53 (con *P. oteroi*). Si bien no se encontró una correlación significativa entre DG, cruzabilidad y fertilidad de los híbridos, es destacable que 4 de las 5 especies con mayor DG respecto a 4PT mostraron cruzabilidad nula o muy baja. Los mayores valores de cruzabilidad y fertilidad de los híbridos aparecen entre las especies y genotipos con menor DG hacia *P. plicatulum* 4PT.

EVALUACIÓN FENOTÍPICA DE GRAMÍNEAS MEGATÉRMICAS EN ZONA TEMPLADA

Menéndez YC¹, MV Kandus², D Almorza³, JC Salerno². ¹Facultad de Agronomía, UBA. ²Instituto de Genética "IGEAF", INTA Castelar. ³Universidad de Cádiz, España.
e-mail: kandus.mariana@inta.gob.ar

La ventaja productiva de las gramíneas megatérmicas en el periodo estival se debe a su mayor eficiencia en el uso del agua y menores tasas de transpiración. El objetivo del trabajo fue evaluar caracteres forrajeros en seis genotipos de distintas especies megatérmicas: *Brachiaria brizantha* cv. Toledo (To); *Panicum maximum* cv. Tanzania (Ta) y cv. Gatton Panic (GP); *Cenchrus ciliare* cv. Texas (Te); *Paspalum dilatatum* cv. Primo (Pr) y *Chloris gayana* cv. grama Pioneer (GPi). Se realizó un ensayo a campo en la FAUBA (34°35' S, 58°29' W) con un DCA con 3 repeticiones. Se evaluó la evolución de la radiación interceptada en función del tiempo térmico (Ri), la relación peso seco lámina/vaina (L/V), el número de macollos por planta (nM) y la oferta forrajera en g MS/m² (OF). Se detectaron diferencias significativas entre genotipos para las variables L/V, nM y OF. En relación con la Ri, los genotipos GP, GPi y Te interceptaron la radiación en forma más temprana, mientras que Pr fue el más tardío en esta característica. Los genotipos GP, GPi y Ta fueron los de mayor L/V lo cual estaría indicando una mayor calidad forrajera. Pr presentó un mayor nM, mientras que To y Te presentaron menores valores para esta característica. La OF de GP, Pr y To fue significativamente mayor a la del resto de los genotipos. Los resultados muestran que *Panicum maximum* cv. Gatton Panic podría ser uno de los genotipos recomendados para la zona templada por su buena aptitud forrajera.

ANÁLISIS DE LA PRODUCCIÓN DE BIOMASA DE *Festuca arundinacea* SCHREBER A TRAVÉS DE SUS COMPONENTES

di Santo H¹, E Grassi¹, D Vega¹, E Castillo¹, A Ferreira¹, V Ferreira¹.
¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.
e-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

La importancia relativa de algunos componentes del rendimiento de biomasa de *Festuca arundinacea* Schr. se estudió en once poblaciones naturalizadas en la región subhúmeda-semiárida de Argentina, instaladas a campo en DCA. La búsqueda de explicaciones causales de las correlaciones entre producción de biomasa (PB) y los caracteres componentes altura (H), diámetro de la planta (DP), N° de macollos/planta (NMP) y densidad de macollos (DM) se efectuó mediante análisis de sendero. Las observaciones se realizaron en plantas individuales a través de tres cortes (1C-3C). Se efectuaron los análisis de covarianza, correlación simple y sendero. Se calcularon los coeficientes de determinación (R²) para cada corte y población. Las diferencias entre poblaciones fueron significativas para todos los caracteres, excepto en la PB en el 3C. La PB tuvo correlación alta y significativa con H, DP y NMP en 1C y 2C (valor de r entre 0,44-0,65). En 3C la PB tuvo alta correlación con H. Los R² calculados fueron 58,5% (RV 46,3%-81,0%) para 1C, 61,3% (RV 56,2%-81,0%) para 2C y 35,7% (RV 29,6%-95,8%) para 3C. Los efectos directos destacaron dos poblaciones en las que la PB se define a través de la H de la planta, una por el DP y otra por la DM; otra a través del DP y la DM y otras tres por el NMP. El análisis permitió determinar diferentes estrategias para la producción de biomasa. En etapas tempranas se define a través del diámetro de planta y el N° de macollos, mientras que en la etapa primaveral resultan más importantes la altura y el N° de macollos/planta.

CAPACIDAD FORRAJERA DE POBLACIONES NATURALIZADAS DE *Festuca arundinacea* SCHREBER

Vega D¹, H di Santo¹, E Grassi¹, E Castillo¹, A Ferreira¹, V Ferreira¹.
¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.
e-mail: juli_vega22@hotmail.com

La festuca alta (*Festuca arundinacea* Schr.) se ha naturalizado en diversos ambientes. En la FAV-UNRC se analiza la capacidad forrajera de poblaciones colectadas en la zona pampeana subhúmeda-semiárida. La producción de biomasa de 11 poblaciones al inicio de la implantación se evaluó mediante un ensayo a campo con DCA, cuatro testigos (T1-T4) y una media de 19 plantas/población. Se analizó producción de materia seca (MS), porcentaje de MS (%MS), peso seco por macollo (PSM) en tres cortes (1C-3C) y suma de la biomasa de los tres cortes (S3C). Se efectuó análisis de la covarianza (covariable: biomasa aérea inicial), prueba DGC para diferenciar medias y análisis de conglomerados. La MS en tres cortes fue $46,58 \pm 19,77 \text{ g.pl}^{-1}$ (15,9% en el primero, 25,0% en el segundo y 60,1% en el tercero). El amplio rango de variación observado (7,74-122,66 g.pl^{-1}) evidenció la variación fenotípica dentro y entre poblaciones. El PSM fue aumentando en cada corte, al igual que %MS, con mayor variación que la MS. Las poblaciones difirieron en todos los caracteres ($p < 0,001$). La biomasa inicial tuvo efecto significativo hasta el segundo corte. Nueve poblaciones no presentaron diferencias significativas con los testigos T1 y T3 en la S3C. El análisis de conglomerados (correlación cofenética=0,889) agrupó los materiales en seis nodos; dos de ellos agruparon 10 poblaciones sin evidenciar un patrón de distribución geográfico de las colectas. El ensayo permitió caracterizar las poblaciones por su producción inicial de biomasa y confirmó amplia variación fenotípica entre las poblaciones.

EVALUACIÓN DE FAMILIAS DE MEDIO-HERMANOS DE AGROPIRO ALARGADO MEDIANTE PARÁMETROS PRODUCTIVOS

Pistorale SM¹, ML Acuña^{2,3}, AN Andrés^{2,3}. ¹UNLu. ²INTA. ³UNNOBA.
e-mail: susanapistorale@gmail.com

Agropiro alargado, en los últimos años, ha adquirido importancia por su adaptación a diversos ambientes. Atendiendo al mejoramiento de su producción de biomasa, capacidad de macollaje y producción de semilla se comenzó la evaluación y selección de materiales promisorios. El objetivo del estudio fue evaluar 15 familias de medio-hermanos (FMH) y un cultivar comercial a través de parámetros productivos. El ensayo fue en DBCA con 3 repeticiones, en planta aislada con 45 genotipos/FMH. Se realizó ANOVA, comparación de medias (Duncan), componentes principales (CP) y de conglomerados (CL), mediante SASv9.2. Las variables contempladas para el análisis fueron: número (N) de macollos (28/10/09 y 26/10/10), ancho de mata (cm-06/11/09), N de espigas, N de espiguillas/espiga, largo de espiga (cm), peso de mil semillas (g), rendimiento de semilla (Psem:g/planta), producción de materia seca acumulada de otoño-invierno (PSOI: g/planta). Para todas las variables en estudio existieron diferencias significativas ($p < 0,0001$) a nivel familiar. Destacándose las FMH: 68, 79, 88, 606, 91 y 107 como las de mayor PSOI, y las FMH: 106, 79, 450, 431, 91, 107 y el cultivar fueron las de mayor Psem. En cuanto a los análisis multivariados, los resultados obtenidos fueron consistentes para ambos CP y CL, destacándose tres familias por su alto PSOI y su alta Psem (FMH: 79, 91 y 107). Estas familias se consideran materiales promisorios de ser incluidos en el programa de mejoramiento de la especie, destinado a cultivares altamente productivos tanto en rendimiento de semilla como de producción de forraje otoño-invernal.

VARIABILIDAD EN PLASTICIDAD FENOTÍPICA FRENTE A SEQUÍA PARA DOS VARIEDADES DE *Panicum coloratum*

Giordano MC¹, MA Tomas¹, AA Grimoldi². ¹EEA-INTA Rafaela. ²IFEVA, Cátedra de Forrajicultura, Facultad de Agronomía, UBA. e-mail: giordanomabel@gmail.com

En ocho poblaciones de *P. coloratum* (cuatro correspondientes a la var. *coloratum* y cuatro a la var. *makarikariense*) se seleccionaron seis plantas para generar familias de medios hermanos. Las semillas se pusieron a germinar en cajas de petri y a los 10 días las plántulas fueron transplantadas a macetas. Se utilizó un diseño en bloques completos al azar con dos tratamientos (irrigado y sequía). Las plántulas se mantuvieron bajo riego abundante hasta su establecimiento y luego se aplicó el tratamiento de sequía por medio de la suspensión del riego durante 15 días. Se registró el peso seco de raíces, tallo y láminas. Se estimaron las relaciones: biomasa aérea/subterránea, lámina/raíz y lámina, tallo y raíz sobre biomasa total. Se estimó la plasticidad fenotípica (PF) como $i = (X_{aj} - X_j) / (X_{aj} + X_j)$. Siendo X el valor del individuo *a* en el tratamiento irrigado (*j*) y *X_j* el promedio de los medios hermanos en el tratamiento sequía. Transformaciones a raíz cuadrada se aplicaron cuando fue necesario. Se realizó un análisis de la varianza con modelos mixtos con variedad como factor fijo y población como factor aleatorio. No se encontraron diferencias en PF entre las variedades para las variables analizadas ($p=0,05$). Por otro lado, los parámetros de covarianza indicaron que la variabilidad en PF dentro de las poblaciones es mayor que entre las mismas. Los resultados son coherentes con el tipo de reproducción de la especie. En la etapa de implantación, ambas variedades aparentan mostrar PF similar frente a la falta de agua.

RETRASO DE LA SENESCENCIA FOLIAR EN ALFALFA TRANSGÉNICA FRENTE A SALINIDAD

Gómez MC¹, R Voutat¹, CH Lisi¹, VM Beltrán¹, EM Pagano¹. ¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar. e-mail: gomez.maria@inta.gob.ar

La senescencia es la fase final del desarrollo de las hojas que ocurre naturalmente o se induce por estrés. Una estrategia molecular para retrasar la senescencia se basa en la expresión regulada de la secuencia codificante para la isopentenil transferasa (IPT), enzima clave en la biosíntesis de citoquininas y antagonista de este proceso. En el Instituto de Genética del INTA se obtuvieron eventos de alfalfa que contienen el gen *ipt* bajo control del promotor inducible *SARK* que frente a la senescencia natural o ante condiciones de estrés permite la expresión del gen. Plantas transgénicas que mostraron un retraso significativo en la senescencia foliar en ensayos *in vitro*, fueron evaluadas frente a condiciones de estrés salino durante 2 meses en tratamientos de 0, 100, 200 y 300 mM de NaCl. Luego de este período se evaluó rebrote en los que cada uno de los tratamientos fue sometido a dos condiciones de riego: solución salina con concentración correspondiente al tratamiento y agua corriente. Los resultados obtenidos permiten indicar que los eventos transgénicos mostraron una amplia variabilidad en la senescencia foliar y desarrollo radicular luego de ser sometidos a estrés salino. Al menos 1 evento transgénico mostró un alto retraso de la senescencia en condiciones de mayor aporte de NaCl en comparación al control no transgénico, indicando un comportamiento de tolerancia frente a este estrés.

IDENTIFICACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EXISTENTE EN UNA COLECCIÓN ACTIVA DE *Cenchrus* spp.

Griffa S, E López Colomba, A Ribotta, E Carloni, E Tommasino, M Quiroga, K Grunberg. Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV), CIAP-INTA. e-mail: sgriffa@yahoo.es

El género *Cenchrus* está distribuido por regiones áridas y semiáridas del mundo. En Argentina, existe una colección activa de germoplasma introducido y con la finalidad de obtener nuevas creaciones fitogenéticas mejoradas para producción forrajera, es primordial identificar parentales divergentes y promisorios. Debido a que no existen antecedentes de la evaluación conjunta de marcadores morfológicos y moleculares, los objetivos de este trabajo fueron: 1) evaluar variabilidad genética en 16 cultivares apomícticos y una línea sexual de *C. ciliaris*, *C. setigerus* y *C. sp.*, por 12 variables morfo-agronómicas, 30 cebadores ISSR y 13 combinaciones de cebadores SRAP polimórficos y 2) determinar el consenso entre los marcadores mencionados, mediante Análisis de Procrustes Generalizado. Se realizó Análisis de Componentes Principales para los marcadores morfológicos y Análisis de Coordenadas Principales para los moleculares. Las tres especies pudieron ser diferenciadas entre sí. Particularmente en *C. ciliaris*, la línea sexual se pudo discriminar por los tres tipos de marcadores, del resto de materiales analizados, mostrando la mayor distancia por SRAP, probablemente debido a la naturaleza del marcador. Molopo y Molopo (Anguil) fueron los más similares entre sí; mientras que Nunbank y Biloela fueron los más emparentados por SRAP y morfo-agronómicamente. El consenso entre los tres tipos de marcadores fue del 77%, evidenciando que las técnicas aplicadas resultaron ser igualmente útiles en la determinación de la variabilidad genética del género *Cenchrus*, para asistir a los programas de mejoramiento en la obtención de nuevos recursos genéticos.

BASES GENÉTICAS DE UN SISTEMA CMS/ RF EN *Calibrachoa pubescens* (SPRENG.) STEHMANN

Colombo N¹, MA Coviella², JC Hagiwara². ¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CNIA, CICVyA, INTA. Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. ²Instituto de Floricultura, CNIA, CIRN, INTA. Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. e-mail: colombo.noemi@inta.gob.ar

Calibrachoa pubescens es una especie nativa del sur de Brasil, Uruguay y el noreste argentino. La entrada identificada como 7.3.1.1 fue recolectada en el Departamento de San Martín, Corrientes, e incorporada al programa de mejoramiento del Instituto de Floricultura del INTA. El análisis genético de la androesterilidad observada en 7.3.1.1 demostró que resulta de la interacción entre un citoplasma androestéril (CMS) y genes nucleares restauradores de la fertilidad (*Rf*). La utilización de sistemas CMS/*Rf* en el mejoramiento de especies ornamentales permite aumentar la eficiencia de la producción de híbridos, incrementar la longevidad floral, reducir el efecto alergénico del polen y controlar la dispersión de especies invasoras. El objetivo de este trabajo fue determinar la base genética de la restauración de la fertilidad del citoplasma androestéril de *C. pubescens* 7.3.1.1. Se obtuvo la F₁ de cruza intraespecíficas entre la entrada androestéril 7.3.1.1 como madre y dos entradas de la misma población -D2 y D3- como dadoras de polen. Las plantas de la F₁ fueron retrocruzadas por el padre androfértil y autofecundadas. Se clasificaron las plantas individuales de las F₁, BC₁ y F₂ como androfértiles o androestériles mediante tinción del polen con diacetato de fluoresceína/ioduro de propidio y observación con microscopía de fluorescencia. El análisis de las segregaciones observadas permitió postular un modelo para explicar el modo de herencia de la restauración de la fertilidad en *C. pubescens* 7.3.1.1. Se demostró la existencia de ginodioecia en la población estudiada.

HETEROSIS EN HÍBRIDOS APOMÍCTICOS DEL GRUPO *Plicatula* DE *Paspalum*

Loto RG, F Espinoza, CL Quarin, MH Urbani, CA Acuña. Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. e-mail: caalac77@gmail.com

Las técnicas conocidas para el mejoramiento genético de especies apomícticas apuntan a la fijación de híbridos superiores a través de la apomixis. Sin embargo, existen escasos reportes sobre la ocurrencia de heterosis en estas especies. En la actualidad existe la posibilidad de generar, caracterizar y evaluar aspectos productivos de híbridos apomícticos de *Paspalum*. El objetivo del trabajo consistió en la determinación de la ocurrencia de heterosis para características de importancia agronómica en un grupo de híbridos apomícticos del grupo *Plicatula* de *Paspalum*. Los híbridos fueron generados a partir de cruzamientos entre un genotipo tetraploide sexual inducido de *P. plicatulum* y cuatro genotipos tetraploides apomícticos (uno de *P. plicatulum* y tres de *P. guenoarum*). Un total de 88 híbridos identificados como apomícticos fue plantado a campo en conjunto con sus progenitores apomícticos en octubre 2011, siguiendo un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. Entre marzo de 2012 y julio de 2013, se realizó la evaluación de varias características indicativas de la aptitud forrajera de estas plantas. Se observó que los híbridos no se diferencian significativamente de sus progenitores apomícticos al evaluar el crecimiento inicial, la producción estacional de forraje y la producción de semillas. Sin embargo, un grupo de híbridos que varió entre 80 y 90% en tres de las cuatro familias utilizadas presentaron heterosis positiva y significativa para tolerancia al frío. Esto indicaría que la heterosis en híbridos apomícticos de *Paspalum* no es un fenómeno común y depende del carácter en evaluación.

ANÁLISIS MOLECULAR Y MORFO-AGRONÓMICO DEL CULTIVAR SANTANA INTA-PEMÁN

López Colomba E¹, K Grunberg¹, S Griffa¹, C Bautista¹, M Quiroga¹, E Carloni¹, A Ribotta¹. ¹Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales (IFRGV), CIAP-INTA, Córdoba, Argentina. e-mail: andrea_ribotta@yahoo.es

Santana INTA-Pemán (INTA) es un nuevo germoplasma diploide de grama *rhodes* con tolerancia incrementada a la salinidad. Esta obtención genética marca el primer antecedente en nuestro país para esta ploidía y hasta el momento no existen estudios de su divergencia genética en comparación a los cultivares más difundidos en el mercado. Debido a esto, el objetivo fue analizar a INTA, respecto de los cultivares comerciales: Finecut (FC), Topcut (TC), Pionner (PR) y Katambora (KAT) mediante 28 cebadores ISSR, 22 combinaciones de cebadores SRAP y 23 caracteres morfo-agronómicos. Para los tres tipos de marcadores se construyeron matrices de distancias, se obtuvieron dendrogramas por UPGMA, se correlacionaron a través del test de Mantel, y se determinó el consenso mediante Análisis de Procrustes Generalizado (APG). El polimorfismo obtenido con las técnicas ISSR y SRAP fue del 48,04% y 32,03%, respectivamente. El análisis de conglomerados con los tres tipos de marcadores evidenció el mismo agrupamiento. INTA fue el más divergente, junto a TC y FC, mientras que PR y KAT mostraron estar más emparentados genéticamente. Con respecto a las técnicas moleculares, la mayor correspondencia con el análisis morfo-agronómico fue SRAP, a pesar de su menor porcentaje de polimorfismo. Se obtuvo baja correlación pero no significativa entre los marcadores moleculares y los morfo-agronómicos, no obstante se evidenció un alto consenso con APG (98%). El nuevo cultivar diploide se diferenció genéticamente con los tres tipos de marcadores analizados.

POLIPLOIDIZACIÓN *IN VITRO* Y AUMENTO EN LA PRODUCCIÓN DE ACEITES ESENCIALES EN *Lippia integrifolia*

Iannicelli J^{1,2}, C Van Baren², M Elechosa³, A Escandón¹. ¹Instituto de Genética Ewald A. Favret, INTA-CNIA. ²Cátedra de Farmacognosia-IQUIMEFA (UBA-CONICET), Facultad de Farmacia y Bioquímica de la Universidad de Buenos Aires. ³Instituto de Recursos Biológicos, INTA-CNIA.

e-mail: iannicelli.jesica@inta.gob.ar

La técnica de poliploidización ha sido muy utilizada para el desarrollo de nuevos cultivos mejorados en diversos aspectos, como, por ejemplo, la producción de metabolitos secundarios. Bajo el fundamento de que la formación de poliploides sintéticos puede estar acompañada por cambios en la organización del genoma y/o en la expresión génica que afecten la producción de aceites esenciales (AE), se obtuvieron tetraploides de *L. integrifolia* con mayor capacidad de producción de AE. Segmentos nodales de plantas creciendo en condiciones *in vitro* fueron sembrados en MS con 2,2 μ M de bencil aminopurina (BAP); tras la inducción del desarrollo de callos, se transfirieron al mismo medio conteniendo colchicina 0,01%, durante 15 días en oscuridad. Luego se subcultivaron al medio de multiplicación bajo régimen de 16 h luz. Como controles se dejaron desarrollar plantas en MS con y sin BAP. De 29 plantas regeneradas, se detectaron 16 tetraploides, 4 quimeras y 9 diploides, por citometría de flujo, y confirmados por conteo cromosómico. Todos los controles resultaron diploides. Los nuevos tetraploides mostraron diferencias significativas en el tamaño de hojas, flores, estomas y granos de polen, con respecto a los controles y a la planta madre. Por su parte, el rendimiento de AE (calculado en proporción al rendimiento de la planta madre) obtenido de los tetraploides fue significativamente mayor al de los diploides ($p < 0,05$). Este resultado abre un interesante panorama para el estudio de los efectos que este fenómeno puede causar en la expresión genética de la planta en el corto o largo plazo.

CARACTERIZACIÓN DEL COMPORTAMIENTO GERMINATIVO EN ESPECIES ORNAMENTALES DE VERNONIEAE (ASTERACEAE)

Riva AM¹, EJ Greizerstein¹, CG López¹, R Huarte². ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Católica Argentina.

e-mail: adriana_riva@yahoo.com.ar

La tribu Vernonieae Cass. presenta numerosas especies con valor ornamental, algunas de las cuales integran programas de mejoramiento genético en los que se requiere el análisis de aquellos parámetros que definen el crecimiento y desarrollo. Con este propósito se caracterizó el comportamiento germinativo de cinco especies de la tribu ante distintas condiciones de luz, temperatura y potencial osmótico. Las especies consideradas son: *Chrysolaena cognata* (Less.) Dematt., *Chrysolaena flexuosa* (Sims.) H. Rob., *Lessingianthus mollissimus* (Hook y Arn.) H. Rob., *Vernonanthura montevidensis* (Spreng.) H. Rob. y *Vernonanthura nudiflora* (Less.) H. Rob. Se realizaron ensayos a temperaturas constantes y alternadas, en oscuridad y con alternancia de luz-oscuridad. Para determinar las temperaturas cardinales y el potencial agua base medio de germinación (ψ_{b50}) de *C. flexuosa* y *V. nudiflora*, semillas de ambas especies fueron expuestas a un rango de temperaturas y de potenciales osmóticos en soluciones de PEG8000 y NaCl. Se observó que el conjunto de especies evaluadas germinó bajo una amplia gama de condiciones experimentales. No obstante, *C. cognata* y *V. montevidensis* requirieron luz para germinar. Las temperaturas cardinales base, óptima y crítica resultaron 6,48 °C, 20 °C y 45,4 °C en *C. flexuosa*, mientras que en *V. nudiflora* la base fue de 8 °C. El ψ_{b50} se estableció en -0,86 y -0,83 MPa, respectivamente. Estos resultados darían cuenta de un amplio rango de situaciones ambientales permisivas para la germinación, lo cual constituye un carácter deseable en programas de mejoramiento genético.

CAMBIOS MORFOLÓGICOS ESTOCÁSTICOS EN ALOPOLIPLÓIDES DE PAPA

Duarte PF¹, RW Masuelli¹, R Borgo², CF Marfil¹. ¹Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET. ²Laboratorio de Fisiología Vegetal, Instituto de Biología Agrícola Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.
e-mail: pduarte@mendoza-conicet.gob.ar

La papa cultivada, *Solanum tuberosum*, es una especie tetraploide que según análisis citogenéticos se comportaría como un autotetraploide de herencia tetrasómica. Sin embargo, diversos trabajos plantean la participación de al menos dos especies en su origen, indicando que sería más bien un aloploiploide segmental. El modelo de aloploiploidía no se ha abordado en papa y se desconoce cuáles serían sus efectos en el origen de la variabilidad y la productividad de esta especie. El objetivo de este trabajo fue evaluar si la duplicación cromosómica genera cambios morfofisiológicos en los aloploiploides de papa. El modelo experimental implicó la comparación de un híbrido interespecífico diploide control ($2n=2x=24$) con dos tipos de líneas derivadas de tratamientos *in vitro* con colchicina: (i) líneas alotetraploides ($2n=4x=48$), y (ii) líneas diploides tratadas con colchicina pero que no duplicaron su genoma ($2n=2x=24$). Los parámetros morfofisiológicos medidos fueron peso seco de follaje y peso de tubérculos, conductancia estomática, contenido relativo de clorofila y área foliar. Los resultados indican que la duplicación cromosómica indujo una partición diferencial de recursos elaborados por la planta en órganos de reserva en las líneas alotetraploides, ya que presentaron menor peso seco de hojas y área foliar y mayor peso de tubérculos, aunque no se evidenciaron diferencias significativas entre éstas y el control. Los cambios observados son variables dentro de las líneas en estudio, por lo que no se puede atribuir características de superioridad a los alotetraploides estudiados.

BASE GENÉTICA DE GENOTIPOS DE PAPA EN RELACIÓN AL COMPORTAMIENTO FRENTE A *Phytophthora infestans*

Deperi SI^{1,2}, MC Bedogni¹, C Chinestra^{1,2}, S Capezio¹, MA Huarte¹.
¹Unidad Integrada Balcarce (EEA-INTA Balcarce y FCA, UNMDP).
²CONICET, Argentina.
e-mail: deperi.sofia@inta.gob.ar

Se propone determinar si el comportamiento de papa frente a *P. infestans* en follaje presenta asociación con la contribución genética de sus parentales maternos. Se utilizaron datos de una evaluación a campo en Balcarce, Bs. As., y Tañ del Valle, Tucumán, que clasificaba a 209 genotipos en cuatro categorías según el área bajo la curva de progreso de la enfermedad relativa: R=0-25%, MR=25-50%, MS=50-75% y S=75-100%. Para los R y S se analizó la genealogía materna y se construyó una tabla de frecuencias con la contribución máxima probable de cada parental y su frecuencia de aparición. Se calculó la contribución máxima promedio (CMP) de cada parental a cada grupo y el coeficiente de similitud (CS) entre los genotipos. Ambos grupos fueron disímiles con más del 98% de los individuos con un CS entre 0 y 0,25. En Balcarce para los R, Serrana se encontró en el 14,63% de los genotipos y con un CMP de 34,4%, CIP380046.3 estuvo en el 9,76% y su CMP fue de 10,94% y Nevada estuvo en el 24,4% con un CMP de 4,7%. En Tañ del Valle, Serrana se encontró en el 16,7% de los genotipos y con un CMP de 31,25%. Nevada y CIP378508.277 estuvieron en el 12,5% cada uno, con un CMP de 3,125% y 6,75%, respectivamente. Para los S en Balcarce, los más frecuentes fueron Russet Burbank y Atlantic con un 22% cada uno y su CMP fue de 31,25% para ambos. En Tañ del Valle, los S tuvieron a Spunta y a Saskia con un 12% cada uno. Su CMP fue de 12,5 y 7,3% respectivamente. Se concluye que los genotipos en los que participan Serrana INTA y Nevada como parentales tendrían mayor probabilidad de ser clasificados como R.

VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y RELACIONES POLEN-PISTILO EN UNA POBLACIÓN DE LA PAPA SILVESTRE *S. chacoense*

Poulsen Hornum A^{1,2}, M Erice³, EL Camadro^{1,2,3}. ¹Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias (FCA). ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ³Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP). e-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

Las papas silvestres -endémicas de las Américas- forman series poliploides. La mayoría son diploides y alógamas obligadas por poseer auto-incompatibilidad gametofítica. Pueden reproducirse sexual y asexualmente y, en la naturaleza, están aisladas por barreras reproductivas externas e internas, que pueden ser incompletas permitiendo hibridación intra- e interpoblacional. A las introducciones de bancos de germoplasma se les asigna categoría específica en base a fenotipos morfológicos, sin considerar el comportamiento reproductivo natural de las poblaciones muestreadas. No obstante, la clasificación del germoplasma silvestre tiene consecuencias para la conservación *in situ* y *ex situ* de frecuencias alélicas. *S. chacoense* (2n=2x=24, 2NBE) es una de las especies silvestres de mayor distribución, desde el NOA hasta el SE bonaerense. Como parte de un estudio de estructura génica de una población espontánea de Balcarce, Bs. As., se muestrearon 51 plantas que se describieron en base a caracteres morfológicos vegetativos y reproductivos. Se utilizó análisis de componentes principales para las variables cuantitativas y análisis de agrupamiento para las cualitativas. Asimismo, se analizó viabilidad de polen y relaciones de compatibilidad polen-estilo en cruzamientos controlados, observándose alta esterilidad (>70%) y (a) compatibilidad en 12,2% de las combinaciones genotípicas y (b) incompatibilidad en 87,8% de las mismas, a nivel de (b₁) estigma (80,5%) y (b₂) cada tercio del estilo (7,3%). El análisis conjunto de los datos indica un posible origen híbrido de la población.

INHERITANCE OF TISSUE-SPECIFIC ANTHOCYANIN PIGMENTATION IN CARROT ROOTS AND LEAVES

Bannoud F¹, PW Simon², PF Cavagnaro^{1,3,4}. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Tecnológicas. ²United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service (USDA-ARS) and Department of Horticulture, University of Wisconsin-Madison. ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo. ⁴EEA-INTA La Consulta. e-mail: pablocavagnaro@hotmail.com

Purple carrots can accumulate large amounts of anthocyanins in their roots. Carrot anthocyanin pigmentation across different root and leaf tissues is genetically conditioned. The present study tissue-specific anthocyanin pigmentation was evaluated as presence or absence of purple in the root and leaves of two carrot segregating populations, an F₂ (N=253) and an F₃ (N=103), both derived from a purple x orange carrot cross. In both populations, purple pigmentation in the root epidermis and phloem segregated as a simply inherited trait with dominance of purple over non-purple ($\chi^2=0.88-2.73$, $p=0.10-0.35$), whereas segregation for xylem pigmentation was consistent with a two gene model ($\chi^2=0.06-2.02$, $p=0.16-0.80$). Purple pigmentation in the leaf petioles of both families segregated consistently with a two gene model ($\chi^2=0.13-0.62$, $p=0.29-0.43$), as well as pigmentation of the leaf lamina in the F₂ ($\chi^2=0.004$, $p=0.95$) (this trait could not be scored unambiguously in the F₃). Strong positive correlations were found for anthocyanin pigmentation between root epidermis and phloem ($r=1$, $p<0.001$) and between root xylem and leaf petioles ($r=0.58-0.88$, $p<0.001$), suggesting that the same genes may condition anthocyanin pigmentation in different plant tissues. Progeny testing in derivative families of these populations are needed to confirm the genetic models proposed from our preliminary data. Understanding the genetic control of anthocyanin accumulation in specific tissues of carrot will likely benefit breeding programs aiming at increasing carrot anthocyanin content and nutraceutical value.

UNA APROXIMACIÓN MULTIVARIADA A LA DETECCIÓN DE QTLs EN UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Cabodevila VG^{1,2}, E Madelón¹, LA Picardi^{1,3}, GR Pratta^{1,2}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. ²CONICET. ³CIUNR. e-mail: victoria.cabodevila@unr.edu.ar

Evaluar la asociación entre variables morfológicas y moleculares constituye un paso previo a la detección de QTLs (*loci* de caracteres cuantitativos). El objetivo de este trabajo fue determinar la asociación entre la información molecular obtenida mediante seis combinaciones de cebadores AFLP y diez variables cuantitativas medidas en fruto, entre ellas diámetro (D), altura (A), peso (P), vida poscosecha (VP), pH, acidez titulable (AT) y color (L). Se utilizaron 86 individuos F₂ provenientes del híbrido de segundo ciclo (HSC) ToUNR1xToUNR5 de tomate. Se aplicaron análisis de componentes principales (ACP) a las variables cuantitativas, de coordenadas principales (ACoP) a la información molecular y de procrustes generalizado (APG) al conjunto de datos. Las primeras cuatro componentes principales (CP) explicaron el 74% de la variabilidad total. CP1 estuvo asociada de manera positiva a los caracteres morfológicos P, D y A. CP2 estuvo asociada a caracteres de calidad interna (pH negativamente y AT positivamente) y externa (VP y L positivamente). El ACoP verificó que hubo amplia segregación y recombinación ya que fueron necesarias las primeras 13 coordenadas para explicar el 74% de la variabilidad total, demostrando la utilidad de los cebadores utilizados para relevar el genoma del HSC. En el APG, el consenso total fue del 69%, variando entre 45% a 89% para los diferentes genotipos. Se concluye que existe asociación entre los marcadores AFLP utilizados y las variables cuantitativas, indicando que sería relevante la detección de QTLs especialmente para D, A, P, pH, AT, VP y L.

A CHARACTERIZATION OF THE PROMOTER BAK1 IN *Nicotiana tabacum* L. (SOLANACEAE) DEVELOPMENT

Pereira-Dias F^{1,2}, E Tumimbang², E Blumwald³. ¹Federal University of Santa Catarina (UFSC/Brazil), Scholarship Brazil SWB/CNPq. ²Plant Reproductive Biology Department, Blumwald's Lab. University of California, Davis, California. e-mail: francispdias@gmail.com

Brassinosteroids (BR) are plant hormones involved in different roles, such as reproductive development and stress response. BAK1, is a LRR Receptor-like protein kinase, that interacts with BRI1 and modulates BR signaling. The induction of BAK1 promoter is associated to light, salicylic acid, cold and wounding responsiveness. Although pBAK1 has been related to various responses, the knowledge of its expression during development is scanty. The present work characterized the expression of pBAK1: GUS during development of *Nicotiana tabacum*. A control line (SR1) and four T2 transgenic independent lines (pBAK1 15-7: GUS, pBAK1 15-3: GUS, pBAK1 3-4: GUS and pSARK: GUS) expressing single insertions from the T2 generation were analyzed from the seedling stage to mature pods formation. GUS expression was measured using β -glucuronidase (GUS) fluorescent reporter gene activity, and the tissue location identified using histochemical GUS assays. pBAK1: GUS expression was highest at more advanced stages. In eight-leaves plants, pBAK1 expression was highest in the top leaf and the 5th leaf. The line pBAK1 3-4: GUS displayed high expression in the roots. Later flower stages (closed buds, flowers stigma, pods) also showed pBAK1: GUS expression. pBAK1: GUS was expressed during the development of tobacco. The expression of the promoter in the roots during the eight-leaf stage suggests, and literature showing the BR-dependent lateral root growth would suggest the involvement of BAK1 in the response of roots to stress.

LOCALIZACIÓN DE QTLs EN LA BASE DEL CROMOSOMA 2 QUE CONTROLAN MORFOLOGÍA DE FRUTO EN TOMATE

Green GY^{1,2}, C Delpiccolo¹, JH Pereira da Costa^{1,3}, R Zorzoli^{1,4}, GR Rodríguez^{1,3}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. ²Agencia Nacional de Promoción Científica y Tecnológica (ANPCyT). ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ⁴Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario (CIUNR). e-mail: gisela.green@unr.edu.ar

En el cultivar Río Grande de *Solanum lycopersicum* la forma de fruto alargada es controlada por los QTLs (loci de caracteres cuantitativos) mayores *fs2.1* y *fs8.1*. El QTL *fs2.1* se ubica en un segmento de 9,70 Mb en la región distal del cromosoma 2. El objetivo de este trabajo fue minimizar la región que contiene al QTL mayor *fs2.1* y QTLs menores asociados a caracteres de morfología de fruto utilizando una población de retrocruzas entre Río Grande y la entrada LA1589 de *S. pimpinellifolium*. De esta población se seleccionaron 8 plantas por presentar recombinación en el segmento que contiene a *fs2.1* y no segregar la región genómica del cromosoma 8 que contiene al QTL *fs8.1*. Para la selección se utilizaron 11 marcadores moleculares de tipo InDel y CAPS. Cada planta dio lugar a una familia sobre las cuales se realizó la prueba de progenie (Total de plantas: 73, Total de frutos: 440). Ocho caracteres de morfología de fruto fueron medidos utilizando el software *Tomato Analyzer 3.0*. Los genotipos homocigotos dentro de cada familia se compararon a través de la prueba de *t*. Se localizó un QTL para índice de forma de fruto (relación entre altura y diámetro) en un intervalo de 3 Mb en la base del segmento analizado. También se localizaron QTLs para la forma cuadrangular distal y el área de la protuberancia distal en una región de 1,19 Mb en la parte superior del segmento en estudio. Se concluye que existen al menos dos loci en la base del cromosoma 2 de tomate que afectan a la morfología del fruto en esta población.

REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTOS EN UNA RETROCRUZA DE TOMATE

Luciani MD^{1,2}, JH Pereira da Costa^{1,2}, GR Rodríguez^{1,2}, LA Picardi^{1,3}, R Zorzoli^{1,3}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. ²CONICET. 3CIUNR. e-mail: marianela.luciani@unr.edu.ar

Las especies silvestres de tomate son recursos genéticos de gran valor para el mejoramiento de la calidad de los frutos. El análisis de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) en generaciones de retrocruzas avanzadas permite integrar el proceso de detección de QTLs con el desarrollo de nuevas variedades. El objetivo de este trabajo fue detectar QTLs para caracteres de calidad de frutos en la tercera retrocrusa (BC₃) del cruzamiento entre el cultivar Caimanta de *Solanum lycopersicum* (padre recurrente) y la entrada LA722 de *S. pimpinellifolium*. Se estudiaron 178 plantas correspondientes a 40 familias de la generación BC₃ con un total de 1722 frutos. Se analizaron 26 marcadores moleculares de ADN del tipo SSR (*Simple Sequence Repeat*) distribuidos equitativamente en el genoma de tomate y se evaluaron los caracteres de calidad: peso, diámetro, altura, forma, vida poscosecha, sólidos solubles, firmeza y color. La asociación entre caracteres cuantitativos y marcadores SSR se determinó a través del método de un sólo punto (*single point analysis*). Se detectaron 28 QTLs asociados a caracteres de calidad ($p < 0,01$), de los cuales 13 (46,4%) fueron altamente significativos ($p < 0,001$). Nueve de estos 13 QTLs fueron detectados en las generaciones anteriores de este cruzamiento. Se concluye que fue posible la identificación de regiones genómicas asociadas a caracteres de calidad de frutos en esta retrocrusa avanzada de tomate y esto demostraría la existencia de variabilidad genética en estos materiales que puede ser utilizada para el desarrollo de nuevas variedades.

OBTENCIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE LECHUGA CON RESISTENCIA A PATÓGENOS FÚNGICOS

Darqui FS¹, LM Radonic¹, NE López¹, HE Hopp¹, MG López Bilbao¹.
¹Instituto de Biotecnología, INTA Castelar, N. Repetto y De Los Reseros
 s/n, Castelar, Buenos Aires, Argentina.
 e-mail: darqui.flavia@inta.gob.ar

Las enfermedades foliares causadas por hongos y bacterias adquieren gran importancia en lechuga (*Lactuca sativa*) al ser las hojas los órganos comestibles. Con la finalidad de tener plantas resistentes a estos patógenos, se fijó como objetivo obtener plantas transgénicas portadoras del péptido antimicrobiano Snakin-1 o de las proteínas del tipo *Pathogenesis Related* quitinasa y glucanasa. Con las plantas obtenidas se realizó un ensayo de inhibición del crecimiento del hongo *Rhizoctonia solani* en placas con medio conteniendo extracto de las líneas transgénicas. Se observó una inhibición del crecimiento estadísticamente significativa en 6 líneas independientes portadoras del gen de la quitinasa con respecto al extracto de planta control. Mientras que, en las líneas portadoras del gen *snakin-1* y de la glucanasa no se detectaron diferencias significativas. Por otra parte, con las líneas portadoras de los genes de quitinasa y Snakin-1, se realizaron ensayos *in vitro* con plantas enteras en un medio inoculado con *R. solani*. En ambos casos se observa que las plantas transgénicas presentan una coloración más intensa y menor marchitez en las hojas que las plantas control. En el caso de las líneas portadoras de Snakin-1, las líneas que presentaron este comportamiento coinciden con las que mostraron una mayor transcripción del gen en ensayos de RT-PCR semicuantitativa.

APLICACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES SRAP EN EL DESARROLLO DE UN MAPA DE LIGAMIENTO EN ARVEJA

Guindón MF¹, E Martín¹, A Zayas², E Cointry², V Cravero^{1,2}.
¹CONICET.
²Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Fac. de
 Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario.
 e-mail: ferguindon@gmail.com

El crecimiento global de la población requiere de un incremento en la producción agrícola de alimentos. En los últimos años, ha crecido el interés en el cultivo de arveja (*Pisum sativum* L.) (2n=14), debido a la creciente demanda de materiales ricos en proteínas para nutrición humana y animal. La incorporación de nuevas tecnologías, como la construcción de mapas de ligamiento, es fundamental para establecer asociaciones entre marcadores moleculares y genes que controlan caracteres de interés. Con el objetivo de validar el uso de marcadores SRAP (*Sequence related amplified polymorphism*) en el desarrollo de mapas genéticos de la especie se generó una población de mapeo F₂ a partir del cruzamiento inicial de una variedad comercial (DDR11) y una línea experimental (Zav25). Se evaluaron un total de 25 combinaciones SRAP en 45 individuos F₂ y en ambas líneas parentales, obteniéndose 377 bandas/marcadores polimórficos. Estos marcadores fueron analizados utilizando la prueba de χ^2 para determinar si presentaban segregación mendeliana (3:1). El mapa, generado con el programa *JoinMap* v4, consistió en 183 marcadores distribuidos en 7 grupos de ligamiento (GLs), con una longitud total de 634,3 cM. La longitud de los GLs varió entre 54,7 y 135,4 cM (44,29 cM promedio), incluyendo entre 10 y 75 marcadores. El mapa de ligamiento desarrollado sugiere que la técnica SRAP es una herramienta eficiente para estudios de mapeo en arveja. La incorporación de otro tipo de marcadores permitirá aumentar su eficiencia en la localización de marcadores asociados a caracteres de importancia agronómica.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN LÍNEAS DE POROTO EVALUADAS FRENTE A ESTRÉS HÍDRICO EMPLEANDO MARCADORES SSR

Salim E¹, A Fekete², D Cuellar², M Aparicio^{2,3}, M Galván^{2,3}. ¹Facultad de Cs. Exactas, Químicas y Naturales, UNAM. ²INTA-EEA Salta. ³CONICET. e-mail: genamiel@hotmail.com

El poroto, *Phaseolus vulgaris* L., es una leguminosa de gran importancia en el noroeste argentino (NOA), siendo Salta la principal provincia productora y exportadora del país. Actualmente el cultivo de soja ha desplazado al poroto hacia zonas más áridas generando grandes pérdidas en la producción. En el presente trabajo se analizó mediante el empleo de marcadores microsatélites (SSR) la variabilidad genética existente en 14 variedades y líneas de poroto común evaluadas previamente por su tolerancia a estrés hídrico. La extracción de ADN se realizó a partir de plántulas y se utilizó un total de 15 marcadores SSR distribuidos en la mayoría de los grupos de ligamiento del mapa de *P. vulgaris*. Los fragmentos amplificados mediante PCR se separaron por electroforesis en geles de poliacrilamida 10% teñidos con GelRedTM. A partir de los patrones moleculares se generó un fenograma en el que se observó el agrupamiento de las líneas según su acervo génico de origen. El nivel de polimorfismo detectado fue elevado permitiendo obtener patrones de bandas únicos para todos los genotipos analizados. Los genotipos que resultaron contrastantes en la respuesta fenotípica evaluada anteriormente también mostraron mayor distancia genética en base al análisis con los SSR. Estos marcadores son una herramienta de utilidad para la caracterización de la variabilidad genética de los genotipos evaluados, por lo tanto, para ser empleados en el mejoramiento asistido. Este es el primer trabajo de aplicación de SSR para el análisis de líneas y variedades comerciales de poroto que se cultivan en el NOA.

DIVERSIDAD GENÉTICA Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE ACCESIONES DEL GÉNERO *Pisum* REVELADA POR SRAP Y SSR

Almirón P¹, VP Cravero^{1,2}, EL Cointry². ¹CONICET, Zavalla. ²Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. e-mail: palmiron@unr.edu.ar

Comprender la diversidad genética presente dentro de una especie o un género, puede generar información valiosa para los programas de mejoramiento, y es importante para la protección de variedades vegetales. Los objetivos fueron: estudiar la diversidad genética de 121 accesiones del género *Pisum* mediante el uso de marcadores SRAP (*Sequence Related Amplified Polymorphism*) y SSR (*Simple Sequence Repeats*); y analizar la clasificación del género *Pisum*, la cual se encuentra en continua discusión. Las accesiones fueron analizadas con el uso de 15 SSRs y 10 combinaciones SRAP. Para cada tipo de marcador molecular se calculó: número de alelos por locus (SSR) o número de bandas por combinación (SRAP); Contenido de Información Polimórfico y Diversidad Genética. Estas medidas de variabilidad genética fueron altas y el nivel de polimorfismo fue elevado. La correlación entre SRAP y SSR fue analizada mediante un test de Mantel a nivel de: distancias genéticas individuales y distancias Φ_{PT} entre ocho grupos taxonómicos. La correlación considerando las distancias grupales Φ_{PT} fue altamente significativa ($r=0,78$, $p<0,0001$). Los Análisis Moleculares de la Varianza de SRAP y SSR sugirieron que las distintas especies y subespecies de *Pisum* se diferencian unas de otras ($p<0,0001$). En el árbol obtenido usando el método *Neighbor-Joining*, las tres especies *P. sativum*, *P. fulvum* y *P. abyssinicum* formaron grupos separados. Los análisis utilizando el método UPGMA mostraron que las subespecies de *P. sativum* fueron separadas más claramente en el dendrograma derivado a partir de los marcadores SRAP.

TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE LENTEJA (*Lens culinaris* MEDIK) MEDIADA POR *Agrobacterium tumefaciens*

Bermejo CJ¹, GR Rodríguez^{1,2}, EL Cointry². ¹CONICET. ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla. ³Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla.
e-mail: cbermejo@unr.edu.ar

Los estudios de transformación genética en lenteja son escasos y con bajas eficiencias de transformación (0,14–2,3%). Como objetivo se planteó desarrollar un protocolo de transformación genética altamente eficiente. El sistema desarrollado se basó en la transformación mediada por *Agrobacterium* con la cepa GV2260 conteniendo el plásmido pBI121 para introducir los transgenes *nptII* y *gus* en nudos cotiledonares de lenteja y en la selección de tallos transgénicos con el agente selectivo kanamicina. Para definir la dosis de kanamicina óptima se ensayaron distintas concentraciones (25 a 150 mgL⁻¹) en medios de regeneración *in vitro*, siendo la escogida la de 50 mgL⁻¹ ya que produjo un nivel de escapes aceptable (20%) y no afectó la regeneración de tallos y raíces. Se co-cultivaron 100 nudos cotiledonares con *Agrobacterium* de los cuales 14 fueron capaces de regenerar tallos vigorosos en el medio selectivo, indicando su resistencia a kanamicina y su potencial naturaleza transgénica. La expresión estable del gen *gus* se detectó mediante ensayo histoquímico en las hojas de estos tallos de los cuales 7 dieron positivo. La integración del gen *nptII* en el genoma de la planta fue confirmada por amplificación mediante PCR. La detección de un fragmento de 700 pb en los 14 explantos potencialmente transformados indicó la presencia de *nptII* en el ADN genómico de los tallos regenerados y la ausencia de escapes, dando una eficiencia de transformación del 14%. Este método podría ser aplicado en un futuro para la introducción de genes candidatos útiles en lenteja.