

## EVALUACIÓN DE VARIABILIDAD EN CLONES DE AZAFRÁN (AZAFRÁN (*Crocus sativus* L.))

Togno L<sup>1,2,3</sup>, L Mitjans<sup>1,3</sup>, L Del Barrio<sup>1</sup>, A López Frasca<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética General y Aplicada, F.C.A.-U.N.Cuyo, Almirante Brown 500. CP 5505 Chacras de Coria, Luján de Cuyo, Mendoza. <sup>2</sup>Estación Experimental Agropecuaria La Consulta, INTA, Ex ruta 40 Km 96. CP 5567 La Consulta, San Carlos, Mendoza. <sup>3</sup>Ex Aequo.  
e-mail: togno.leonardo@inta.gob.ar

Con el objetivo de evaluar la variabilidad existente entre clones de azafrán (denominados F, G, M y R) en Chacras de Coria, Mendoza a 921 m.s.n.m. (32° 59'S; 68° 52'W), se realizó un ensayo a campo en bloques, con tres repeticiones. Los cormos plantados pesaron entre 20,5 y 23,4 g. Se estudiaron aspectos agronómicos, fenológicos y de calidad. Los caracteres evaluados fueron: a) días desde plantación a inicio de floración, b) días desde plantación a fin de floración, c) flores por cormo, d) longitud de estigmas frescos, e) peso seco de estigmas, f) peso del extracto seco soluble de estigmas, g) color de estigmas por colorimetría. Los datos se analizaron por métodos univariados y multivariados. Se detectaron diferencias entre clones ( $p \leq 0,10$ ), en: fechas de inicio y fin de floración, peso seco de los estigmas, peso del extracto seco y color de estigmas. Los clones se agruparon por los caracteres que presentaron diferencias, por medio de un análisis de componentes principales y de conglomerados. Se definieron tres grupos conformados por: I) El clon F de menor calidad y productividad, y de mayor precocidad; II) Los clones G y R de alta productividad y de valores medianos en calidad y precocidad y III) El clon M de alta producción y calidad, y de menor precocidad. La información obtenida permitió caracterizar los clones que revelaron una expresión diferencial en el sitio de evaluación así como la potencialidad para la selección de nuevos cultivares.

## VARIABILITY AND MORPHOLOGIC CHARACTERIZATION OF PEPPERS COLLECTED IN ESPÍRITO SANTO STATE, BRAZIL

Moulin MM<sup>1</sup>, PA Bianchi<sup>1</sup>, MO Fernandes<sup>1</sup>, FN Viana<sup>1</sup>, JO Santos<sup>2</sup>, AC Santos Júnior<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Federal do Espírito Santo, Campus de Alegre. <sup>2</sup>Universidade Federal do Maranhão.  
e-mail: mmmoulin@ifes.edu.br

In Brazil, small farmers are responsible for pepper production as well as for landraces maintenance. Peppers (*Capsicum* spp.) have economic potential and high genetic variability. The aim of this study was to carry out the morphological characterization and evaluation of the genetic diversity of pepper accessions which belongs to *Capsicum* Instituto Federal do Espírito Santo genebank, in Brazil. Thirty accessions were characterized through ten morphological descriptors: plant height, canopy width, fruit shape, fruit length, fruit width, number of seeds per fruit, number of locules per fruit, leaf length, leaf width and stem width. The experimental design was in a completely randomized design with six replications. The genetic divergence among the accessions was estimated by Tocher grouping method, with the employment of the Mahalanobis's distance, as a measure of dissimilarity, that resulted in eight groups. The Singh's method was used to estimate the relative contribution of each character in the expression of genetic divergence. Fruit width (20.19%) and plant height (19.46%) were the ones that most contributed to total divergence (39.65%) among the evaluated accessions. The results reveal high genetic variability among accessions of *Capsicum* spp. collected in the South of Espírito Santo State, in Brazil. There was no relationship between genetic distance and areas of collection.

## ESTUDIO DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NORPATAGÓNICAS DE “ÑANCOLAHUÉN” MEDIANTE AFLP

Nagahama N<sup>1,3</sup>, MM Manifesto<sup>2</sup>, CM Arizio<sup>2</sup>, RH Fortunato<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agroforestal (INTA-Esquel). <sup>2</sup>Instituto de Recursos Biológicos, CIRN-INTA Castelar. <sup>3</sup>CONICET.

e-mail: nagahama.nicolas@inta.gob.ar

*Valeriana carnos* (*Valeriana carnos* Sm. *n.v.* “Ñancolahuén”) crece en Argentina desde el sur de Mendoza hasta Tierra del Fuego, en sitios abiertos de zonas boscosas, en la transición bosque-estepa y en la estepa. Esta especie desarrolla rizomas carnosos, que son utilizados en la medicina popular y su obtención implica prácticas de recolección extractivas con potencial impacto por pérdida del recurso genético. El objetivo de este trabajo es realizar un estudio exploratorio en poblaciones de *V. carnos* para monitorear su diversidad genética en pos de su conservación. Se analizaron tres poblaciones de diferentes localidades de la región norte de Patagonia: (1) ambiente de bosque del noroeste de Neuquén, (2) ecotono bosque-estepa del suroeste de Chubut y (3) estepa al este de Chubut. De cada población se analizaron 10 individuos mediante AFLP empleando 4 combinaciones de *primers*. Los perfiles de fragmentos amplificados se generaron por genotipificación automática. Se registraron en total 764 *bins* (alelos, 50-500 pb), resultando 526 polimórficos (68,94%) y un promedio de 131 alelos por combinación. A partir de estos datos se estimaron las frecuencias alélicas, de heterocigosidad, distancia genética y se realizaron los análisis estadísticos AMOVA y PCoA. Los resultados revelaron mayor variabilidad intra-poblacional que inter-poblacional, diferencias significativas entre las poblaciones y un 9-11% de alelos únicos para cada población.

## CARACTERIZACIÓN DE MARCADORES MICROSATÉLITES EN *Plinia jaboticaba* (VELL.) KAUSEL

Machado LO<sup>1</sup>, D Olkoski<sup>1</sup>, DA Martins<sup>2</sup>, A Wagner Junior<sup>3</sup>, RO Nodari<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC, Florianópolis, Brasil. <sup>2</sup>Instituto Federal de Educação e Tecnologia de Santa Catarina, São Miguel do Oeste, Brasil. <sup>3</sup>Universidade Técnica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, Brasil.

e-mail: lilian.o.machado@gmail.com

*Plinia jaboticaba* (Vell.) Kausel es una especie frutal de la familia *Myrtaceae* popularmente conocida como jaboticaba. Esta especie es nativa de Brasil y ocurre predominantemente en el Bioma Mata Atlántica. Entre las principales amenazas para esta especie están la erosión genética causada por la fragmentación y la destrucción de sus áreas de ocurrencia natural. El objetivo del estudio fue desarrollar y caracterizar marcadores microsatélites (SSR's) para *P. jaboticaba* para su uso en estudios de genética de poblaciones. A partir de una biblioteca genómica enriquecida fueron desarrollados iniciadores para 22 secuencias de ADN que contenían SSR's identificados. De esos, siete iniciadores fueron estandarizados y presentaron polimorfismo, siendo entonces utilizados en 41 individuos de una población. El número promedio de alelos por locus fue de 5,57 con un contenido de información polimórfica (PIC) promedio de 0,5175. Las heterocigosidades observada ( $\hat{H}_o$ ) y esperada ( $\hat{H}_e$ ) variaron desde 0,146 hasta 0,95 y desde 0,307 hasta 0,785, respectivamente. Tres locus presentaron desvíos significativos del Equilibrio de Hardy-Weinberg ( $p < 0,05$ ). Los siete iniciadores fueron probados con éxito en la amplificación en otras dos especies del género (*P. peruviana* y *P. cauliflora*). Estos resultados preliminares demuestran la utilidad de los locus de microsatélites en la evaluación de la diversidad genética de *P. jaboticaba*. Además los resultados señalan una posible aplicación a otras especies del género, ya que estos son los primeros SSR's desarrollados para una especie del género *Plinia*.

## FENOTIPOS MORFOLÓGICOS Y PRODUCCIÓN DE SEMILLA EN PAPAS SILVESTRES DE LA PROVINCIA DE TUCUMÁN

Leofanti GA<sup>1</sup>, LE Erazzú<sup>2</sup>, EL Camadro<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Cs. Agrarias-UNMdP, CONICET, INTA-Balcarce. <sup>2</sup>INTA-Famaillá.

e-mail: gabrielaleofanti@gmail.com

Las papas silvestres (*Solanum* spp.) se distribuyen ampliamente en América. Forman series poliploides ( $2n=2x$  a  $6x$ ;  $x=12$ ) y se reproducen sexual y asexualmente. En la naturaleza están aisladas por barreras reproductivas externas y/o internas (pre- y poscigóticas) que pueden ser incompletas, facilitando la hibridación. Representan una importante fuente de genes de interés para el mejoramiento genético de la papa común, *S. tuberosum* L. Se desconoce la estructura genética de las poblaciones naturales y el modo preponderante de reproducción, conocimientos necesarios para hacer más eficiente el muestreo, conservación *ex situ*, y uso aplicado. Como actividades preliminares de un proyecto mayor para investigar la estructura genética de una población espontánea de papas silvestres (>500 plantas) en Amaicha del Valle, Tucumán, se describió la flora acompañante y fenotipos morfológicos de las papas. Se recolectaron 168 frutos, determinándose n°, tamaño y aspecto de semillas/fruto. Se identificaron ejemplares de 15 familias botánicas. Por fenotipos morfológicos, algunas plantas de papa se asimilaron a las especies taxonómicas *Solanum gourlayi*, *S. spegazzinii*, o *S. oplocense*, otras presentaron morfología intermedia (posibles híbridos) o no se asimilaron a ninguna especie taxonómica. Las semillas se clasificaron como A= llenas, C= vacías y B= intermedias. El n° de semillas por fruto varió de 7 a 330, observándose correlación negativa (-0,42) entre éste y el porcentaje de semillas C. Las semillas A serían resultado de cruzamientos compatibles; las B y C indicarían la acción de barreras reproductivas internas.

## RESPUESTAS A RADIACIÓN UV-B EN POBLACIONES DE LA ESPECIE SILVESTRE DE PAPA *Solanum kurtzianum*

Ibáñez VN<sup>1</sup>, F Berli<sup>2</sup>, RW Masuelli<sup>1</sup>, RA Bottini<sup>2</sup>, CF Marfil<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio de Biología Molecular, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.

<sup>2</sup>Laboratorio de Bioquímica Vegetal, Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Facultad de Ciencias Agrarias, UNCuyo, Mendoza. CONICET.

e-mail: cmarfil@fca.uncu.edu.ar

La utilización en el fitomejoramiento de las más de 200 especies silvestres de papa (*Solanum*, sección *Petota*) ha dependido en gran medida de la caracterización citogenética, genética y de distribución geográfica, aunque todavía se conoce poco sobre aspectos ecológicos de estas especies emparentadas con el cuarto cultivo en importancia mundial. En el marco de un programa de conservación *in situ* de *Solanum kurtzianum* en la Reserva Natural Villavicencio (RNV), comenzamos a estudiar cómo influyen ciertas variables climáticas en la distribución de las poblaciones a lo largo de un gradiente altitudinal. En la RNV, las poblaciones de *S. kurtzianum* se distribuyen entre los 1100 y 2400 msnm, con un rango de variación de radiación ultravioleta-B (UV-B) del 15% en intensidad. El objetivo del trabajo fue caracterizar respuestas morfofisiológicas de *S. kurtzianum* frente al estímulo de UV-B y evaluar su influencia en la distribución de sus poblaciones. Para esto, se cultivaron 78 genotipos de dos poblaciones recolectadas en los extremos del gradiente altitudinal (1228 vs. 2166 msnm) con exclusión de radiación UV-B (-UV-B) y con suplementación de UV-B (+UV-B), simulando las intensidades del sitio de mayor altitud. El tratamiento +UV-B aumentó el contenido de pigmentos fotoprotectores en las hojas, produjo retrasos en floración y aumentos en el peso de los tubérculos. La respuesta de los genotipos de baja altitud a la radiación UV-B fue más pronunciada en comparación con los de alta altitud, lo que puede indicar que las plantas de altura están adaptadas y/o aclimatadas a la radiación UV-B.

## URBAN GARDENS AS GENE POOLS FOR *Acca sellowiana* (O.BERG) BURET DIVERSITY CONSERVATION

Vilperte V<sup>1</sup>, J Donazzolo<sup>2</sup>, GHF Klabunde<sup>1</sup>, RO Nodari<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC, Florianópolis, Brazil. <sup>2</sup>Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, Brazil.

e-mail: vilperte@gmail.com

*Acca sellowiana*, commonly known as feijoa, is a fruit tree species from the Myrtaceae family, naturally occurring from the South of Brazil to the North of Uruguay. Besides the use for fruit production, the species is also used as an ornamental plant in urban gardens in Southern Brazil, contributing to the maintenance of its genetic variability. This study aimed to analyze the genetic diversity of *A. sellowiana* from different urban gardens in Vacaria- RS, Brazil. Leaf tissue samples of 59 plants were collected and DNA was extracted, amplified by PCR using nine microsatellite loci (Ase08, Ase21, Ase25, Ase28, Ase31, Ase34, Ase40, Ase42 and Ase59) and genotyped by capillary electrophoresis. A total of 122 alleles were amplified, ranging from 6 to 24 per locus, with an average of 13.5 alleles. The Observed Heterozygosity ( $H_o$ ) showed a mean of 0.724 and the Polymorphism Information Content (PIC) showed a mean of 0.788. Similar results using the same SSR markers were found in a natural population ( $H_o$  of 0.779, PIC of 0.742 and a total of 124 alleles amplified). Thus, the high levels of genetic diversity in the urban gardens can be explained by the distinct origin of the plants. According to the garden owners, most of the analyzed plants came from neighboring regions, thus making the region of Vacaria a small bank of germplasm that contains a precious part of the species diversity. Nowadays, the process of urbanization has been growing quickly and strategic forms of germplasm conservation, such as urban gardens, can be extremely useful for diversity conservation.

## VARIABILIDAD EN LA SECUENCIA DEL GEN PVTFL1Y ASOCIADO AL CRECIMIENTO DETERMINADO EN POROTO

Ferreira MJ<sup>1</sup>, MC Menéndez Sevillano<sup>1</sup>, L Ibarra<sup>1</sup>, M Molas<sup>1</sup>, M Galván<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Salta. <sup>2</sup>CONICET.

e-mail: ferreira.mariana@inta.gob.ar

El gen *PvTFL1y* es responsable de la variación natural en el hábito de crecimiento determinado del poroto común, característica que fue seleccionada durante la domesticación. El pariente silvestre del poroto tiene hábito de crecimiento indeterminado, el cuál es un rasgo dominante. En este trabajo se analizó la variabilidad en parte de la secuencia del gen *PvTFL1y* en 2 poblaciones silvestres, 2 primitivas y 2 variedades de *Phaseolus vulgaris* y 2 poblaciones silvestres y una primitiva de *P. lunatus*. Con el ADN extraído a partir de plántulas se amplificó parcialmente el gen *PvTFL1y* mediante PCR utilizando los primers TFL1 y TFL4. Los fragmentos amplificados se separaron por electroforesis en geles de agarosa 1,5% teñidos con GelRed<sup>TM</sup> y se secuenciaron. Las secuencias se analizaron con el programa BioEdit y se compararon con secuencias disponibles en la base de datos del *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). Se identificaron las variaciones (SNPs, Indels) en las secuencias obtenidas y los haplotipos. Las poblaciones silvestres y primitivas de *P. vulgaris* se correspondieron con el haplotipo A1 y las variedades Alubia y Nag12 con los haplotipos A2 y M2 respectivamente, descritos anteriormente en la bibliografía. Se obtuvieron los haplotipos para las poblaciones de *P. lunatus* no descrito previamente. El conocimiento de la variabilidad en esta secuencia es de gran utilidad en la evaluación de los “pools” génicos del poroto, en estudios evolutivos relacionados con la domesticación de *P. vulgaris* y como base para futuros estudios de expresión génica.

## IDENTIFICACIÓN MEDIANTE SSR DE CULTIVARES DE NOGAL (*Juglans regia* L.) OBTENIDOS EN INTA CATAMARCA

Ulrich N<sup>1</sup>, A Toro<sup>2</sup>, A Prativiera<sup>2</sup>, D Tosto<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA, N. Repetto y Los Reseros s/n, Hulingham, Buenos Aires. <sup>2</sup>INTA EEA Catamarca. Ruta Prov. 33, Km 4.5, Sumalao, Dpto. Valle Viejo, Catamarca. <sup>3</sup>Dto. de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA. e-mail: toro.alejandro@inta.gob.ar tosto.daniela@inta.gob.ar

El cultivo del nogal en Argentina data desde su introducción por los franciscanos, arraigándose en las zonas áridas de altura del Noroeste y Cuyo, cubriendo actualmente 16.000 ha. A partir de 1982 se incrementó la variabilidad genética mediante la introducción de variedades “Californianas”. En base al material introducido y selecciones locales, se comenzó un programa de mejora varietal, obteniéndose cultivares que merecen resguardo genético. La identificación rápida y confiable de una variedad es esencial en las prácticas de mejoramiento y conservación; siendo la caracterización molecular una herramienta precisa. El objetivo del presente trabajo es la caracterización genética de cultivares de nogal obtenidos en el INTA Catamarca para aportar información molecular a los descriptores morfológicos. Se analizaron 12 variedades utilizando 10 marcadores microsátélites (SSR). Seis cultivares están inscriptos en el INASE: Argentina, Chichi Jais, Davis, Jais Franquette, Trompito y Yaco Tula. Los otros seis, próximos a inscribirse son Choya, California, Denett, Esquiú, Jais Mayette y Ramillete. Los marcadores utilizados amplificaron productos que se encuentran entre 150 y 300 pb, siendo los SSR WGA1, WGA118, WGA225 los más polimórficos para las muestras analizadas hasta el momento. A partir de la información obtenida se aporta el Perfil de Identificación Molecular (*fingerprint*) a la caracterización de cada una de las nuevas variedades.

## DIVERSIDAD MORFOLÓGICA EN POBLACIONES MANEJADAS DE YERBA MATE NATIVA EN SANTA CATARINA, BRASIL

Mattos AG<sup>1,2</sup>, AA Zechini<sup>1,2</sup>, AR Rotta<sup>2</sup>, N Peroni<sup>1</sup>, MS Reis<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais-Universidade Federal de Santa Catarina. <sup>2</sup>Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais-Universidade Federal de Santa Catarina. e-mail: andrea.gmattos@gmail.com

*Ilex paraguariensis* A. St. Hil es el principal recurso forestal no maderero proveniente del extractivismo en Brasil, presentando gran importancia en la economía de la agricultura familiar en la región de los Bosque con araucarias, siendo la principal vía de obtención de yerba mate en el país. Diversos estudios han sido realizados para comprender la construcción del conocimiento local acerca de los sistemas de producción y prácticas de manejo empleadas en las poblaciones de la especie y su influencia en la estructura y diversidad de las mismas. En este estudio se evaluó la existencia de variabilidad morfológica en hojas de yerba mate, asociada a los sistemas y prácticas de manejo local. Fueron estudiadas 8 áreas (unidades de paisaje con cobertura forestal): 4 manejadas (más de un uso; presencia de ganado), 3 promovidas (exploración de la yerba solamente) y una sin prácticas de manejo por más de 70 años. Fueron muestreadas 20 plantas por área y se realizó la caracterización morfológica del tallo, hoja, coloración, tamaño y forma de 20 hojas por planta. La diversidad morfológica presente dentro y entre los grupos de las unidades de paisaje fue estimada por el índice de diversidad de Shannon. Los resultados demostraron diferenciación para características de forma de hoja en individuos jóvenes para las poblaciones manejadas, señalando un proceso incipiente de domesticación asociados a las prácticas tradicionales de manejo. Apoyo: CAPES, CNPq, FAPESC, CONSERVABIO.

## METABOLISMO DE POLIFENOLES EN YERBA MATE: IDENTIFICACIÓN DE GENES DE LA FAMILIA PAL

Fay JV<sup>1</sup>, LN Talavera Stefani<sup>1</sup>, CB Percuoco<sup>1</sup>, CA Rojas<sup>2</sup>, CF Argüelles<sup>1</sup>, MM Miretti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Laboratorio GIGA, IBS\_Nodo Posadas, FCEQyN, UnaM-CONICET. <sup>2</sup>UNILA, Foz de Iguazú, PR, Brasil.

e-mail: mmirettio3@yahoo.co.uk

La actividad antioxidante de la yerba mate es mayormente atribuida al alto contenido de compuestos fenólicos. La fenilalanina amonio-liasa (PAL: *Phenylalanine ammonia-lyase*) cataliza la primera etapa en la ruta de fenilpropanoides, y es un punto de regulación importante entre el metabolismo primario y secundario. Su síntesis es inducible y responde al estrés biótico y abiótico como agentes patógenos, radiación UV y baja temperatura. En yerba mate actualmente no se conocen secuencias relacionadas a la familia de genes que codifican la enzima PAL. El objetivo de este trabajo fue identificar regiones codificantes de PAL en *Ilex paraguariensis*. Para ello, se diseñaron cebadores sobre regiones conservadas en un alineamiento de 22 secuencias derivadas de diferentes especies de plantas disponibles en GenBank. Los cebadores ensayados generaron un único producto de amplificación en yerba mate del tamaño esperado para la porción del gen PAL (500 pb). La secuenciación y el análisis del amplicón obtenido nos permiten confirmar si el producto de amplificación pertenece a un único gen, e identificar a cuál de ellos. La identificación de genes que participan en el metabolismo de antioxidantes en yerba mate es importante para verificar su actividad transcripcional y posibles efectos de la variación genética detrás de estos caracteres.

## OLIVE BEHAVIOR IN THE LATITUDINAL GRADIENT OF CULTIVATION IN ARGENTINA: GE INTERACTIONS

Torres M<sup>1</sup>, C Contreras<sup>2</sup>, D Maestri<sup>3</sup>, M Brizuela<sup>4</sup>, P Searles<sup>5</sup>, F Fernandez<sup>6</sup>, J Ladux<sup>6</sup>, J Ortiz<sup>6</sup>, A Toro<sup>7</sup>, C Matias<sup>7</sup>, J Cólica<sup>7</sup>, D Montalván<sup>7</sup>, S Molina<sup>7</sup>, C Puertas<sup>8</sup>, E Trentacoste<sup>8</sup>, P Pierantozzi<sup>2</sup>. <sup>1</sup>EEA San Juan-INTA/CONICET. <sup>2</sup>Centro Regional Mendoza-San Juan-INTA/CONICET. <sup>3</sup>IMBIV-CONICET-UNC, Córdoba. <sup>4</sup>PROPLAME PHRIDEB (CONICET), Fac. Cs. Ex. y Nat.-UBA, Buenos Aires. <sup>5</sup>Centro Regional de Investigaciones Científicas y Transferencia Tecnológica de La Rioja (CRILAR-CONICET). <sup>6</sup>AER Aimogasta, La Rioja-INTA. <sup>7</sup>EEA Catamarca-INTA. <sup>8</sup>EEA Junín, Mendoza-INTA.

e-mail: torres.mariela@inta.gob.ar

“Arauco” is the only olive cultivar from Argentina recognized by the International Olive Oil Council. The morphological differentiation and the specific characteristics of olive oil can be affected by environmental and genetic factors. The argentine map of olive-growing areas covers a broad spectrum of regions with very different climate and soil conditions. Moreover, the local nurseries propagate their material from cuttings of over 70-year-old orchards. This could cause a large varietal polymorphism, presenting in many cases a marked predominance of varietal populations, with an average behavior and dispersion in characteristic parameters. The aims of this study were to evaluate: a) genetic intra-cultivar diversity by microsatellites markers; b) morphological, agronomic and phenological parameters; c) oil chemical composition of “Arauco” accessions throughout the latitudinal gradient of cultivation in Argentina. The field experiment was conducted in the provinces of Catamarca (C), La Rioja (LR), San Juan (SJ) and Mendoza (M) during 2011/12 and 2012/13 growing seasons. We observed a change in the phenology in warmer areas (C and LR), which included the timing of flowering, stone hardening and fruit maturation. Oleic acid content, total phenols and oxidative stability were higher in the regions of LR, SJ and M with respect to C. Regarding molecular analysis, a low level of polymorphism among accessions was evidenced. These data apparently? Likely? would reflect the phenotypic plasticity of “Arauco” grown under contrasting environments in Argentina.

RRGG 13

## RESISTENCIA A GLIFOSATO EN POBLACIONES NATURALES DE *Brassica napus* EN ARGENTINA

Pandolfo C<sup>1,2</sup>, A Presotto<sup>1,2</sup>, I Uribe<sup>1</sup>, A Kirzner<sup>1</sup>, JP Migasso<sup>3</sup>, F Mock<sup>3</sup>, M Cantamutto<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Dpto. de Agronomía, UNdelSur. <sup>2</sup>Conicet Bahía Blanca.

<sup>3</sup>BASF Argentina S.A.

e-mail: cpandolfo@cerzos-conicet.gob.ar

El germoplasma nacional fue indispensable para el desarrollo de las variedades de colza-canola conocidas como *Argentine type* (*Brassica napus* L.), logrado por los programas de mejora de Canadá a partir de material genético proveniente de Argentina. La especie *B. rapa*, cuyas variedades mejoradas se conocen como colza *Polish type*, no se cultiva en el país pero está muy difundida como maleza cosmopolita en la mayor parte del territorio. La producción nacional de colza-canola utiliza variedades convencionales de *B. napus*, dado que las variedades transgénicas con resistencia a glifosato están prohibidas debido al alto riesgo de flujo génico. A partir de 2008 se realizaron misiones de exploración para localizar poblaciones naturales del complejo taxonómico de colza-canola en el territorio nacional. Se observaron voluntarios de colza en bordes de caminos con intensa circulación de transportes de granos en dos provincias, en forma aislada y sin generar poblaciones persistentes. En 2012 se identificaron poblaciones naturales de *B. napus* con elevada resistencia a glifosato y persistencia superior a tres años. Las plantas constituían malezas de difícil control en barbechos y cultivos de soja resistente a glifosato, en lotes en los que no se había cultivado colza-canola. La persistencia de estas poblaciones ferales fue confirmada en el otoño de 2014. Si se descartara el escape de transgenes, las poblaciones de *B. napus* con resistencia a glifosato constituirían un nuevo recurso genético para el mejoramiento de la colza-canola.