

GV 1

LAS DEHIDRINAS Y SU RELACIÓN CON LA TOLERANCIA A FRÍO EN ESTADIO VEGETATIVO Y REPRODUCTIVO EN TRIGO CANDEAL

Miguel I.¹, S.J. Cuppari², J. Basualdo², A. Carrera³, M.L. Díaz¹.

¹Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. ²CERZOS-CONICET, CCT-Bahía Blanca, Argentina. ³Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina.
E-mail: mldiaz@criba.edu.ar

Los factores causantes de estrés por deshidratación como la sequía, el frío y la salinidad, inducen una respuesta celular que incluye la acumulación de componentes osmóticamente activos como las dehidrininas. Se han identificado 54 de estas proteínas hidrofílicas en trigo. Nuestro objetivo es estudiar genes de dehidrininas relacionados con la tolerancia a frío en dos estadios fenológicos. Se realizó un experimento de RNA-Seq del genotipo CBW0101 (primaveral y tolerante a bajas temperaturas) sometiendo las plantas en espigazón durante 5 horas a 5° C. La anotación de los transcriptos diferenciales contra *SwissProt* permitió identificar cuatro dehidrininas: Dhn3, Wcor410, Wcor413 y Wcs120, que cumplen distintos roles en la crioprotección celular. Todas presentaron expresión basal en plantas control. Mediante qRT-PCR se analizó la expresión de Wcor410 en tres genotipos: CBW0101, B. Ambar (primaveral-susceptible) y MVTD-10-98 (invernal-tolerante), en plántulas en estadio de dos hojas sometidas a 5° C durante 2, 4 y 8 horas. Los perfiles de expresión de Wcor410 demostraron que el gen es inducido tanto en estadio reproductivo como vegetativo y que se correlaciona con el grado de tolerancia a frío observado previamente para estos materiales. Las diferencias entre CBW0101 y B. Ambar demuestran la existencia de variabilidad entre materiales de hábito primaveral para la tolerancia a bajas temperaturas.

GV 2

PRUEBAS DE PROGENIE PARA EL MAPEO PRECISO DE UN QTL QUE CONTROLA FORMA DE FRUTO EN TOMATE (*Solanum lycopersicum*)

Green G.Y.^{1,2}, J.H. Pereira da Costa^{1,2}, R. Zorzoli^{1,3}, G.R.

Rodríguez^{1,2}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ³Consejo de Investigaciones de la Universidad Nacional de Rosario (CIUNR).
E-mail: gisela.green@unr.edu.ar

En el tomate cultivado (*S. lycopersicum*) cuatro *QTLs* mayores (loci para caracteres cuantitativos que explican más del 20 % de la variación fenotípica para un carácter en una población segregante) están asociados a frutos alargados: ovate, sun, fs8.1 y fs2.1. El cultivar comercial Río Grande de *S. lycopersicum* produce frutos alargados, no porta los genes SUN ni OVATE y su forma de fruto esta controlada por los *QTLs* mayores fs8.1 y fs2.1. El objetivo de este trabajo fue mapear en forma precisa a fs2.1 a través de una prueba de progenie de familias recombinantes para la región basal del cromosoma 2. Fueron utilizadas siete familias derivadas del cruzamiento entre el cultivar Río Grande y la entrada LA1589 de *S. pimpinellifolium*. Estas familias fueron seleccionadas por presentar recombinación en algún punto del segmento de 9,7 Mb estudiado. Un total de 70 individuos fueron seleccionados utilizando 17 marcadores moleculares de tipo InDel (*Insertion/Deletion*) y CAPS (*Cleaved Amplified Polymorphic Sequence*) distribuidos en la base del cromosoma 2. En total, 720 frutos fueron evaluados para el carácter índice de forma de fruto (fs, cociente entre la altura y el diámetro) que se calculó utilizando el *software* Tomato Analyzer 3.0. Los genotipos homocigotos dentro de cada familia se compararon a través de la prueba de t. La asociación de información genotípica y fenotípica permitió localizar a este *QTL* en la porción más distal cromosoma. Se concluye que el *QTL* para índice de forma de fruto se encuentra en un intervalo de 0,54 Mb en la base del segmento analizado.

GV 3

IDENTIFICACIÓN DE GENES ASOCIADOS A LA RESISTENCIA A LA FUSARIOSIS DE LA ESPIGA EN TRIGO CANDEAL MEDIANTE ANÁLISIS DEL TRANSCRIPTOMA

Soresi D.S.¹, M.L. Díaz², D. Zappacosta³, J. Basualdo¹, S. Revale⁴, A. Carrera³. ¹CERZOS-CONICET, CCT-Bahía Blanca, Argentina. ²Departamento de Biología, Bioqca. y Farmacia, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. ³Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina. ⁴INDEAR Instituto de Agrobiotecnología Rosario, Rosario, Argentina.
E-mail: dsorese@criba.edu.ar

La fusariosis de la espiga de trigo (FET), causada por *Fusarium graminearum* genera pérdidas en el rendimiento y contaminación con micotoxinas. La resistencia de las variedades cultivadas de trigo candeal es limitada. LDN(Dic-3A)10 es una línea resistente derivada de la var. Langdon (LDN) de *T. turgidum* spp. *durum* por introgresión con un segmento del cromosoma 3AS de *T. dicoccoides* (Qfhs.ndsu-3AS). Se busca identificar genes asociados a la resistencia a FET mediante secuenciado del transcriptoma. Se inocularon espigas de LDN y LDN(Dic-3A)10, se extrajo ARN 72 hs post-inoculación y se secuenció mediante Illumina (tres réplicas por genotipo). Se obtuvieron 126,4 Mi de lecturas de calidad, ensambladas de novo con Trinity en 240.741 transcriptos (long. promedio 695pb). La anotación funcional de los transcriptos se realizó mediante Trinotate. Se identificaron 1.364 transcriptos diferenciales, de los cuales 678 fueron inducidos en LDN(Dic-3A)10. De ellos, los de expresión nula en LDN se mapearon sobre la base URGI de *T. aestivum* por brazo cromosómico. En el brazo cromosómico 3AS se localizaron 41 transcriptos: 15 mostraron homología con proteínas (FAR1, Citocromo P450, Receptor quinasa, Citoquinina deshidrogenasa, GPI mannosiltransferasa, Esfingosina-1-fosfato liasa, Serina/treonina fosfatasa), 14 con proteínas de función desconocida y los restantes no mostraron identidad con proteínas descriptas. Los genes que co-localizan con Qfhs.ndsu-3AS serán investigados en genotipos con diferentes niveles de resistencia a FET y en relación a su rol en vías específicas de respuesta.

GV 4

VARIABILIDAD MORFOLÓGICA Y REPRODUCTIVA DE UNA COLECCIÓN EX SITU DE *Stevia rebaudiana* BERT EN TUCUMÁN.

C.J. Budeguer², Erazzú L.E.¹, A. Pastoriza², L. Martínez Pulido², A.M. Nasif², O. Arce². ¹INTA Famaillá. ²Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán. E-mail: carlosjbudeguer@gmail.com

Stevia rebaudiana Bert. especie herbácea semiperenne nativa de Paraguay, se caracteriza por poseer glicósidos diterpenos, con un poder endulzante mayor que la sacarosa común, indicados para personas diabéticas. Su cultivo ha despertado el interés en diversos países, incluido Argentina. Esta especie posee baja viabilidad de semilla, atribuida a autoincompatibilidad homomórfica esporofítica. Con el fin de encontrar genotipos que se adapten a condiciones agroecológicas de Tucumán, se formó en el año 2013, una colección con plantas de Misiones, Jujuy, Tucumán, Formosa y Paraguay. El objetivo de este trabajo fue caracterizar morfológica y reproductivamente genotipos de la colección. Los caracteres morfológicos se analizaron con descriptores de INASE y se procesaron con Infostat. Los reproductivos, a través de la meiosis y de viabilidad de granos de polen, con técnicas citogenéticas tradicionales. Los resultados de componentes principales de caracteres morfológicos muestran una correlación positiva entre las variables analizadas. Se observa que M9.17 y M9.18 presentan los mayores valores y T1.10 y T2.11 los menores, indicando esto una gran variabilidad. Las demás plantas tomaron valores intermedios en todas las variables. La viabilidad de granos de polen estuvo entre 90 % y 98 % en los genotipos más viables y entre 30 % y 40 % en dos genotipos originarios de Misiones; los que a su vez presentaron irregularidades en la meiosis. Estas diferencias indican que existe variabilidad en la colección por lo que merece ser conservada para futuras actividades de mejoramiento.

GV 5

VIABILIDAD POLÍNICA DE TRES CLONES DE YACÓN (*Smallanthus sonchifolius*) Y UNA ESPECIE EMPARENTADA (*Smallanthus siegesbeckius*)

Ibañez M.S.^{1,2}, M. Zannier³. ¹Conicet. ²Laboratorio de Genética, EEA INTA Balcarce. ³IER, FCN e IML, UNT.
E-mail: silvinaibanez@yahoo.com.ar

Smallanthus sonchifolius (Poepp. & Endl.) H. Robinson especie aloploidioide ($2n=6A + 2B = 42 + 16=58$) denominado vulgarmente como yacón, es una planta herbácea perenne de la Familia de las Asteraceae. Se le atribuyen propiedades para controlar la diabetes, la obesidad y mejorar el funcionamiento intestinal. *Smallanthus siegesbeckius* (D.C.) H. Robinson es una especie estrechamente emparentada. Para su potencial uso en programas de mejoramiento, se evaluó la viabilidad polínica de tres clones de yacón y una introducción de *S. siegesbeckius*. Se empleó la metodología de tinción indirecta de Alexander. En los tres clones: UNT-Liey97-1, UNT-Liey97-2 y UNT-Liey97-3, se encontró valores de viabilidad muy bajos (15 %, 32 % y 4 %, respectivamente). Sin embargo en *S. siegesbeckius* los valores fueron muy alto (98 %). En los tres clones se observaron granos de polen de diferentes tamaño y en algunos casos con citoplasma plasmolizado; además se observó una película que rodea los granos de polen. Los valores bajos de viabilidad pueden explicar la baja producción de semillas botánica de estos clones de yacón y las diferencias en tamaño de polen puede atribuirse a una meiosis irregular causada por su origen aloploidioide. Los bajos valores de viabilidad polínica dificultarían el proceso de mejoramiento.

GV 6

ANÁLISIS CITOGEOGRÁFICO EN *Paspalum unispicatum* Y SU RELACIÓN CON CARACTERÍSTICAS AMBIENTALES

Sartor M.E.¹, M.H. Urbani¹, F. Galdeano¹, C.L. Quarín¹, F. Espinoza¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE. Corrientes, Argentina.
E-mail: maritasartor@hotmail.com

La poliploidía puede generar cambios adaptativos que ocasionen diferencias ecológicas entre citotipos. *Paspalum unispicatum* (Scribn. & Merr.) Nash presenta citotipos diploides sexuales (2x) y poliploides apomícticos (3x y 4x) que se diferencian en su distribución geográfica. El objetivo del trabajo fue determinar si la distribución de los citotipos de *P. unispicatum* está asociada a variables ambientales. Utilizando DIVA-GIS se elaboró el mapa de distribución de los citotipos 2x, 3x y 4x y se diseñó un mapa predictivo de áreas favorables en función de 19 variables climáticas. Además, se realizó la asociación estadística entre la distribución de los citotipos y las variables a través de análisis de componentes principales y modelos de regresión y correlación. Los resultados indican que los 2x se localizan en áreas ecológicamente más favorables para la especie y se encuentran en contacto con 3x y 4x. Éstos últimos en cambio, habitan regiones menos favorables para el desarrollo de la especie, en donde no se encuentran 2x ni 3x. De las 19 variables evaluadas, en relación a precipitaciones y temperaturas, las de mayor influencia fueron la precipitación media anual y la temperatura estacional. Mientras que los 2x ocupan áreas restringidas, los 4x habitan áreas con condiciones climáticas más extremas en cuanto a humedad y temperatura. Estos resultados indican que la distribución citogeográfica está relacionada con variables ambientales. Los 4x presentan una mayor plasticidad adaptativa frente a sus ancestros 2x, lo cual les permitiría colonizar una gran variedad de ambientes.

GV 7

BARRERAS PRE-CIGÓTICAS A LA HIBRIDACIÓN EN PAPAS SILVESTRES Y CULTIVADA (*Solanum* SEC. PETOTA)

Erazzú L.E.¹, J.F. Maune², E.L. Camadro². ¹EEA Famaillá INTA-FAZ, UNT. ²Unidad Integrada EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP. E-mail: maune.juanfederico@inta.gob.ar

La papa común, de estrecha base genética, tiene numerosas especies silvestres emparentadas que son fuente de genes de interés para el mejoramiento. En ellas pueden actuar barreras precigóticas (BP) que previenen o dificultan la hibridación, y que se manifiestan con detención del crecimiento de los tubos polínicos en el 1er tercio del estilo por autoincompatibilidad (AI) o a lo largo del pistilo por incompatibilidad cruzada (IC). Se desconoce el tipo y extensión de las BP, tema clave para el mantenimiento de colecciones *ex situ*. Para determinar si la reacción de IC es: (a) constante en cruzamientos interespecíficos o dependiente del genotipo y (b) regulada por el locus S de AI o independiente de la especificidad del mismo, se realizaron 673 cruzamientos dirigidos entre 240 plantas de 13 introducciones de papas silvestres y cinco cultivares en un primer año, y 156 cruzamientos dirigidos entre 172 plantas de dos poblaciones silvestres y la F₁ del año previo. En pistilos fijados 48 hs post-polinización, se observaron en microscopio con UV: (a) alta proporción de combinaciones genotípicas compatibles intra- e interespecíficas, así como IC en todas ellas; (a) varios sitios de IC para un mismo genotipo en distintas combinaciones genotípicas y entre genotipos de dos poblaciones, independientemente de la taxonomía; (c) 32 de 131 cruzamientos recíprocos con varias relaciones de compatibilidad. Los resultados sustentan la hipótesis sobre la necesidad de revisar el concepto de especie en papa y del control de la IC independiente de la especificidad del locus S, con segregación.

GV 8

ACTIVIDAD ENZIMÁTICA AHAS Y NIVELES DE DOMINANCIA EN ISOLÍNEAS DE GIRASOL QUE PORTAN DISTINTOS ALELOS PARA EL LOCUS AHASL1

Breccia G.^{1,2}, L. Gianotto¹, E. Altieri³, M. Bulos³, G. Nestares¹. ¹Cátedra de Genética, Fac. Cs. Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. ²CONICET. ³Departamento de Biotecnología, Nidera S.A, Venado Tuerto, Santa Fe, Argentina. E-mail: gbreccia@unr.edu.ar

La enzima acetohidroxiácidosintasa (AHAS) cataliza el primer paso en la biosíntesis de aminoácidos de cadena lateral ramificada. Esta enzima es el blanco de herbicidas inhibidores de AHAS. En girasol el locus *ahas1* determina el nivel de resistencia a estos herbicidas. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la actividad AHAS en isolíneas de girasol que difieren para el locus *ahas1* y establecer las relaciones de dominancia para la respuesta al tratamiento con herbicida imazapir. Se utilizaron tres isolíneas de genotipos Ahas1-Ahas1 (WT, susceptible), Ahas1-1Ahas1-1 y Ahas1-4Ahas1-4 (resistentes) y los cruzamientos entre ellas. Para la estimación de los parámetros cinéticos de la enzima se utilizaron las tres isolíneas homocigotas. La respuesta al herbicida se evaluó mediante el ajuste de curvas dosis-respuesta para todos los genotipos. Los parámetros estimados se analizaron a través de ANOVA y prueba de comparación múltiple. Para cada par de alelos el nivel de dominancia se calculó como la relación entre las diferencias del heterocigota y del homocigota resistente respecto al susceptible. Para la isolínea WT se observó un valor significativamente mayor de velocidad máxima aparente y de actividad específica AHAS ($p < 0,05$) con respecto a las isolíneas resistentes. Los valores calculados para el nivel de dominancia fueron cercanos a cero. Se concluye que los alelos resistentes presentan una acción génica de recesividad a nivel de la respuesta enzimática al herbicida, lo cual podría explicarse por la menor funcionalidad de la AHAS en las isolíneas resistentes.

GV 9

COMPATIBILIDAD SEXUAL Y MODO PREPONDERANTE DE REPRODUCCIÓN EN UNA POBLACIÓN DE PAPAS SILVESTRES DE LA PROVINCIA DE TUCUMÁN

Leofanti G.A.^{1,2}, E.L. Camadro^{1,2,3}, L.E. Erazzu⁴. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP. ²CONICET. ³INTA Balcarce. ⁴INTA Famallá.

E-mail: camadro.elsa@inta.gov.ar

Las papas silvestres (*Solanum* spp.; $x=12$) son importante fuente de genes para el mejoramiento. Forman series poliploides ($2x$ a $6x$), se reproducen sexual y asexualmente, y presentan autoincompatibilidad gametofítica controlada por el *locus-S* e incompatibilidad cruzada. Se desconoce la estructura genética y el modo de reproducción preponderante en la naturaleza. Con fines de conservación y uso de germoplasma, se inició el estudio de una población espontánea en Amaicha del Valle, Tucumán, en 2014. En el sitio se definieron cinco áreas (de 70cm x 70cm; distancia mín. entre ellas=2m y máx.=8m). Veinte tubérculos cosechados por área (grupo) se cultivaron en invernáculo y usaron para determinar ploidía y realizar cruzamientos controlados (2-3 flores/combinación genotípica, 141 flores polinizadas) en las plantas derivadas. Parte de los pistilos se fijó 48 hs post-polinización para estudiar relaciones polen-pistilo en microscopio con luz UV. Las plantas examinadas (86 % del total) fueron $2x$. El 87,5 % (48) de los cruzamientos entre grupos y el 100 % (7) dentro de ellos fueron incompatibles, principalmente en el 1/3 del estilo (otros sitios fueron 2do y 3er tercio del estilo, y estigma). De los 57 frutos cosechados, 26 tuvieron semillas (1 a 83; =19,7). La incompatibilidad detectada en el 1/3 sería indicativa de la acción del *locus-S*, revelando preponderancia de reproducción asexual en ese año. Para algunos genotipos es necesario estudiar el crecimiento de los tubos polínicos en el ovario debido a falta de concordancia entre compatibilidad y número de semillas/fruto.

GV 10

DIFERENCIAS GENÉTICAS PARA LA REGENERACIÓN *IN VITRO* EN CLONES DE BANANA (*Musa acuminata*) RECOLECTADOS EN CAMPOS DE PRODUCTORES FORMOSEÑOS

Ermini J.L.^{1,2}, G. Tenaglia³, G.R. Pratta^{1,2}. ¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. ³Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar, Región Nordeste Argentino, Laguna Nainck, Provincia de Formosa (IPAF NEA).

E-mail: joseluis.ermi@unr.edu.ar

La regeneración *in vitro* es una técnica comúnmente utilizada en el mejoramiento de plantas de reproducción asexual, aplicándose, como ejemplos, a la micropropagación de genotipos selectos y la obtención de plantas libres de virus. El objetivo fue evaluar con un protocolo estándar la regeneración *in vitro* de clones recolectados en campos de productores formoseños. Se redujeron 16 hijos “espada” (primer brote de cada planta de entre 45 a 120 cm, por lo que el número de repeticiones fue variable de acuerdo al número de plantas disponibles por clon). El meristema, que se usó como explanto, quedó expuesto luego de la eliminación sucesiva de vainas foliares. Cada explanto se lavó y desinfectó tanto a campo como en laboratorio. Luego, bajo cámara de flujo laminar, se sembró en medio de establecimiento que se incubó por 4 semanas (la primera en oscuridad total y las tres siguientes en luz, con un fotoperíodo de 12 hs). Solamente dos explantos provenientes de clones distintos mostraron un establecimiento exitoso (no se oxidaron y mostraron signos de inducción). Ambos explantos se dividieron por la mitad para romper la dominancia apical y estimular el crecimiento de las yemas meristemáticas laterales, y se pasaron a un medio de multiplicación. En este medio se han hecho hasta el momento cuatro repiques (el protocolo estándar prevé al menos ocho) lográndose el desarrollo de 135 plantas completas de los dos clones establecidos en forma exitosa. Se concluye que existen diferencias genéticas entre los clones analizados para la regeneración *in vitro* en banana en el protocolo utilizado.

GV 11

REGENERACIÓN DE GERMOPLASMA SILVESTRE DE PAPA *EX SITU*: BARRERAS INTERNAS A LA HIBRIDACIÓN Y NÚMERO EFECTIVO

Erica M.¹, E.L. Camadro^{1,2}. ¹EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP. ²CONICET.

E-mail: milagroserice@hotmail.com.ar

Las papas silvestres (*Solanum* sp.) forman series poliploides. En su mayoría son diploides autoincompatibles (por ende, alógamas obligadas) que pueden reproducirse sexual y asexualmente. La hibridación es frecuente en el grupo porque las barreras reproductivas pueden ser incompletas. Las introducciones de bancos de germoplasma son muestras de poblaciones naturales conservadas *ex situ*. En los protocolos de regeneración de semilla se utilizan 20-25 plantas/introducción, que se polinizan con mezcla de polen cuando aproximadamente 75 % de ellas está en floración. Las barreras internas a la hibridación podrían reducir el número efectivo (N_e) de progenitores que originará la siguiente generación, disminuyendo la diversidad alélica conservada. Por ello, en una introducción de *S. chacoense* Bitter ($2n=2x=24$) se estimó la viabilidad de polen en 24 plantas por tinción con carmín acético-glicerol, y se realizaron cruzamientos controlados en 45 combinaciones genotípicas (1-3 flores/combinación). Para estudiar la compatibilidad polen-pistilo, los pistilos polinizados se fijaron en FAA (1 formol: 8 alcohol etílico: 1 ácido acético glacial, v/v/v) 48 hs post-polinización, se procesaron y observaron en microscopio con luz UV. La viabilidad del polen varió de 58 a 100 %. Sólo 27 % de las combinaciones fueron compatibles. En las restantes, la incompatibilidad ocurrió: en estigma (24 %) o en primer tercio (9 %), segundo tercio (12 %) o tercer tercio (55 %) del estilo. La acción de estas barreras redujo el N_e de la población, por lo que se espera un cambio en las frecuencias alélicas en la población regenerada.

GV 12

MAPEO FÍSICO DE NUEVOS MARCADORES MOLECULARES DESARROLLADOS SOBRE ENSAMBLADOS NGS DEL CROMOSOMA 4D DE TRIGO

Muñoz Mejía I.¹, L. Vanzetti^{1,2}, J. Romero⁵, P.R. Aurelia¹, M. Valarik⁶, H. Šimková⁶, J. Dolezel⁶, G. Tranquilli⁴, N. Paniego^{2,3}, V. Echenique^{2,5}, M. Helguera¹. ¹EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ³Instituto de Biotecnología INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina. ⁴Instituto de Recursos Biológicos INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina. ⁵CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. ⁶Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research, Institute of Experimental Botany, Olomouc, Czech Republic.

E-mail: ivanoioioi@hotmail.com

La separación de cromosomas individuales por citometría de flujo y posterior secuenciación mediante la plataforma 454 Roche fue aplicada a ambos brazos del cromosoma 4D de trigo, obteniéndose datos de una cobertura cromosómica de 3.6x. Las secuencias se ensamblaron en *scaffolds* los cuales se usaron para desarrollar marcadores ISBP (polimorfismos basados en sitio de inserción) y SSR (microsatélites), que son potencialmente aplicables en caracterización de germoplasma, saturación genética y selección asistida por marcadores. Con herramientas bioinformáticas se diseñaron 102.480 marcadores (1.774 SSR y 100.706 ISBP), utilizándose una muestra de 99 marcadores para su validación y mapeo físico utilizando líneas de delección. De los 99 marcadores, 53 se situaron en el brazo corto 4DS y 46 sobre el brazo 4DL, de éstos, 50 son ISBPs y 49 SSR. Tras la evaluación de los marcadores en líneas nuli y ditelosómicas se determinó que el 73 % (74) de los marcadores desarrollados para ambos brazos fueron brazo-específicos. Mediante el empleo de marcadores brazo-específicos en líneas de delección se estableció la posición física de cada marcador en un segmento del brazo cromosómico correspondiente. En el brazo 4DS 13 marcadores fueron teloméricos, 8 distales, 10 centrales y 9 centroméricos. En el brazo 4DL 8 fueron teloméricos, 1 distal, 0 centrales, 11 proximales y 14 centroméricos. Finalmente se realizó un estudio comparativo entre el mapeo físico con líneas de delección y el mapeo físico/genético de alta densidad desarrollado por el Consorcio Internacional de Secuenciación del Genoma de Trigo.

GV 13

MAPEO POR ASOCIACIÓN DE QTLs PARA ADAPTACIÓN AL AMBIENTE, CALIDAD Y RENDIMIENTO EN TRIGO PAN

Basile S.M.L.¹, L.S. Vanzetti^{2,4}, H.R. Dalla Valle¹, M. Martínez^{1,4}, J.A. Tognetti¹, M. Helguera², W.J. Rogers^{1,4}. ¹Laboratorio de Biología Funcional y Biotecnología (CICPBA-BIOLAB AZUL) CIISAS, Facultad de Agronomía, UNCPBA, CONICET-INBIOTEC. ²INTA-Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez, Córdoba. ³Laboratorio de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP y Comisión de Investigaciones Científicas, Pcia. de Bs. As. ⁴Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
E-mail: marisol_basile@yahoo.com.ar

El objetivo de este trabajo es identificar *QTLs* relacionados con adaptación al ambiente, rendimiento y calidad en trigo pan mediante mapeo por asociación. Por ello, durante los años 2013 y 2014, se evaluó fenotípicamente un panel de 102 cultivares argentinos seleccionados en INTA Marcos Juárez, en un ensayo a campo realizado en la ciudad de Azul, Bs. As., con un DBCA. Se evaluaron las asociaciones con un set de 20 genes de función conocida (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), con el fin de proponer genes candidatos para los *QTLs* de las variables evaluadas. Se había comunicado previamente que en el ensayo 2013, utilizando el programa TASSEL, se encontraron 11 *loci* con efectos significativos en 24 de 35 caracteres medidos. En el ensayo 2014, y utilizando el programa GAPIT, también se encontraron 11 *loci* con efectos en 23 de las variables medidas. En este segundo ensayo se identificaron asociaciones interesantes entre el *locus* Glu-A3 y aspectos de calidad como % de gluten, variables fenológicas y componentes de rendimiento en grano, y entre el *locus* Glu-B1 y el contenido de nitrógeno en la hoja bandera y la hoja subsiguiente. Algunas de las asociaciones identificadas fueron consistentes en los dos años, por ejemplo, sólo el gen de sensibilidad al fotoperíodo Ppd-D1, mostró efectos significativos sobre días a antesis y días a espigazón, mientras que el gen Ppd-B1 mostró efectos sobre peso seco de granos y longitud de espigas.

GV 14

ANÁLISIS DEL TRANSCRIPTOMA DE TRIGO CANDEAL PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GENES DE RESPUESTA A BAJAS TEMPERATURAS

Cuppari S.Y.¹, J. Basualdo¹, S. Revale², D.S. Soresi¹, A. Carrera³, M.L. Díaz⁴. ¹CERZOS-CONICET, CCT Bahía Blanca. ²INDEAR (Instituto de Agrobiotecnología Rosario). ³Departamento de Agronomía, UNS (Universidad Nacional del Sur). ⁴Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, UNS (Universidad Nacional del Sur).
E-mail: selva.cuppari@gmail.com

En la principal zona de cultivo de trigo candeal las plantas están expuestas a temperaturas de congelamiento en la etapa reproductiva. Identificar nuevos genes y vías que participan en la respuesta a frío resulta de interés para el mejoramiento. El objetivo fue estudiar mediante *RNA-Seq* el transcriptoma de la línea CBW0101 (primaveral y tolerante a bajas temperaturas) en estadio reproductivo. Se analizaron plantas tratadas a 5° C durante 5 hs. Se secuenció por Illumina (3 réplicas/tratamiento), obteniéndose 124,7 Mi. de lecturas de calidad. Mediante ensamblado “de novo” con Trinity se generaron 182.728 transcriptos de una longitud promedio de 733 pb, a partir de los cuales se realizó la anotación funcional con Trinotate. Se obtuvieron 797 diferenciales (EdgeR). De 508 transcriptos inducidos por frío, 350 fueron detectados solamente en las plantas tratadas. Por otra parte, 289 resultaron reprimidos por la baja temperatura, incluyendo 142 que sólo se expresaron en el control. Entre los genes inducidos por frío se encuentran los correspondientes a: Delta-1-pirrolina 5 carboxilatosintetasa, Omega-6-desaturasa de ácidos grasos, GDP-L-galactosa fosforilasa-2 y sacarosa-1-fructosiltransferasa los cuales representan nuevos genes candidatos a estudiar en materiales de trigo candeal caracterizados fenotípicamente para este rasgo. El conjunto de genes que mostraron expresión diferencial refleja distintos mecanismos que se activan en una etapa previa a la exposición a temperaturas de congelamiento en el período de espigazón.

GV 15

***Festuca arundinacea*: CARACTERES REPRODUCTIVOS EN POBLACIONES NATURALIZADAS**

Vega D.¹, 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

Festuca alta es una especie perenne de crecimiento otoño-invierno-primaveral. Presenta amplia adaptación y alta producción forrajera en la pampa húmeda-subhúmeda. Once poblaciones naturalizadas en la región subhúmeda-semiárida del centro del país y cuatro testigos (T1-T4) se analizaron a través de los siguientes caracteres reproductivos: precocidad reproductiva (PR), N° de panojas/planta (NP), peso de grano/planta (PG) e índice de cosecha (IC). Se empleó un diseño completamente aleatorizado y 32 plantas de cada población. Los valores se analizaron mediante ANAVA, prueba de Duncan y análisis de conglomerados. Los rangos de variación fueron: PR=0,14-8,26 %; NP=13,64-43,20; PG=3,23-13,06 g e IC=6,22-23,52 %. Las poblaciones difirieron en forma altamente significativa para los cuatro caracteres. Siete poblaciones más T1 y T3 presentaron alto PG y, junto a T2, los mayores IC. Las poblaciones más precoces fueron 3302-LAG, 3309-SCA, 3250-BAI y 3253-629, mientras que en NP, la población 3018-DP y el T3 superaron al resto. El análisis de conglomerados (correlación cofenética: 0,923) diferenció 5 grupos: por alto NP (2 poblaciones); mayor PR (3 poblaciones); bajo PG e IC (T4 y 2 poblaciones); alto PG e IC (T1, T2 y 4 poblaciones) y un grupo conformado sólo por la población 3306-CRE, la de menor valor en todos los caracteres. El análisis corroboró amplia variación fenotípica entre las poblaciones para caracteres reproductivos, destacándose 3302-LAG y 3018-DP que no difirieron significativamente del mejor testigo en NP, PG e IC.

GV 16

VARIABILIDAD PARA MARCADORES SSR EN SEMILLA ORIGINAL Y REGENERADA *EX SITU* DE UNA INTRODUCCIÓN DE LA PAPA SILVESTRE *Solanum chacoense* BITTER

Poulsen Hornum A.¹, E.L. Camadro¹. ¹EAA INTA Balcarce, FCA, UNMdP. CONICET.
E-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

Las papas silvestres son una importante fuente de genes de interés para el mejoramiento que pueden reproducirse sexual y asexualmente. La mayoría es diploide, autoincompatible y alógama obligada. En la naturaleza están aisladas por barreras reproductivas que pueden ser incompletas, permitiendo hibridación intra- e interpoblacional. En bancos de germoplasma se conservan muestras de poblaciones naturales como introducciones con categorías específicas asignadas según fenotipos morfológicos. El método comúnmente utilizado para regeneración *ex situ* consiste en: cultivo de 20-25 plantas/introducción, cruzamientos controlados con mezcla de polen sin registros de viabilidad y/o de barreras a la hibridación, y composición de la introducción regenerada con números variables de frutos/planta y de semillas/fruto. Para evaluar si se mantienen las frecuencias alélicas luego de un ciclo de reproducción sexual *ex situ*, se inició la caracterización con dos marcadores microsatélites de 25 genotipos de una introducción de *Solanum chacoense* Bitter ($2n=2x=24$) del Banco de Germoplasma, INTA Balcarce, y de 25 genotipos tomados al azar de la población regenerada. Se observó variación en las frecuencias alélicas para ambos marcadores entre poblaciones. Por ello, la población regenerada no es una muestra representativa de la variabilidad genética conservada en el banco de germoplasma. Esto puede deberse a que el $N_e \neq N$, lo que puede conducir a la pérdida de genes de valor potencial en el mejoramiento.