

MV 1

TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE CULTIVARES ÉLITE DE FESTUCA ALTA, CON RESISTENCIA A GLUFOSINATO DE AMONIO MEDIANTE *Agrobacterium tumefaciens*

Ferri A.M.¹, L.M. Setten¹, J. Guarinielo¹, E.M. Pagano¹. ¹Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar, Buenos Aires, Argentina.
Email: ferri.andrea@inta.gob.ar

Festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) es la gramínea forrajera perenne más importante en los sistemas de producción ganaderos de la Argentina. Se destaca por su rol en la conservación de suelos, amplia adaptación geográfica y resistencia al pastoreo. Sin embargo, su lenta implantación determina una pérdida del rendimiento del cultivo en la competencia frente a malezas. El objetivo del presente trabajo fue desarrollar un protocolo de transformación vía *A. tumefaciens* que permita obtener eventos transgénicos de festuca resistentes a herbicidas. El protocolo de transformación se ajustó tomando como base los trabajos de Patel y colaboradores y de Wang y Ge. Los explantes, callos embriogénicos derivados de embriones maduros fueron transformados con la cepa *EHA 101* de *A. tumefaciens* portadora del gen *bar* de *Streptomyces hygroscopicus*, bajo el control del promotor pAct-1 de arroz. Dicho gen codifica para la enzima L-fosfotricina acetil transferasa que modifica al glufosinato de amonio (GA) inactivando su acción herbicida. Los controles consistieron en callos no inoculados e inoculados con la bacteria wt, cultivados con y sin medio selectivo (GA). Mediante la técnica de PCR se comprobó la presencia del transgen. Se hicieron controles para verificar que el transgen amplificado no fuera de origen bacteriano. Se obtuvieron 92 plantas de 55 eventos diferentes que toleraron 3,5 l/ha de glufosinato de amonio. Los eventos obtenidos correspondieron a los cultivares élite Palenque Plus, Brava y Luján del programa de mejoramiento de INTA.

MV 2

AMPLIACIÓN DE LA BASE GENÉTICA DEL GERMOPLASMA TETRAPLOIDE SEXUAL DE *Paspalum notatum*

Zilli A.L.^{1,2}, R.R. Schulz², C.L. Quarín^{1,2}, C.A. Acuña^{1,2}, E.J. Martínez^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE. ²Universidad Nacional del Nordeste.
Email: alexzilli@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea americana de importancia como forrajera y césped. Posee razas diploides de reproducción sexual y tetraploides apomícticos. El objetivo del trabajo fue transferir la gran variabilidad genética de los tetraploides apomícticos naturales al germoplasma tetraploide sexual de origen experimental, para ampliar su base genética. Una Población Tetraploide Sexual Sintética (PTSS) de 304 individuos fue generada por inter cruzamientos entre 29 híbridos F₁ sexuales, provenientes de 10 familias segregantes, obtenidas a partir del cruzamiento entre 3 madres tetraploides sexuales (MTS) y 10 padres tetraploides apomícticos (PTA). La variabilidad genética fue estimada en base a la evaluación de 129 marcadores moleculares del tipo SSR. A su vez, se evaluaron 6 caracteres morfológicos, sobre una muestra al azar de 140 individuos de la PTSS, junto a las MTS y PTA, en un diseño en bloques completos al azar con 3 repeticiones. Se consideraron como parámetros de diversidad genética el porcentaje de loci polimórficos (%LP), diversidad genética (DG) y heterocigosis insesgada de Nei (HIN), los cuales mostraron valores similares para la PTSS y los PTA. A su vez, los valores de %LP y DG de la PTSS fueron superiores en alrededor del 100% a los de la MTS; mientras que el valor de HIN fue superior en un 50 %. La correlación entre distancias genética/morfológica fue significativa ($p < 0,01$) pero de solo el 6%. Estos resultados demuestran que la transferencia del acervo génico desde los tetraploides apomícticos a los tetraploides sexuales de *P. notatum* fue efectiva.

MV 3

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE AGROPIRO ALARGADO CON DIFERENTE RESPUESTA A SALINIDAD

Maciel M.A.^{1,2}, M.L. Acuña^{2,3}, V. Decker³, A.N. Andrés^{2,3}, S. Pistorale^{2,4}, ¹CONICET CIT-NOBA, ²Universidad Nacional Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), ³INTA EEA Pergamino, ⁴Universidad Nacional de Luján (UNLu).
Email: mamaciel@comunidad.unnoba.edu.ar

Agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum*) es una de las forrajeras con mayor potencial productivo en ambientes marginales, caracterizados por suelos salinos. El estudio de la variabilidad genética (VG) del germoplasma se puede realizar mediante caracteres morfo-fisiológicos y/o marcadores moleculares, asistiendo así a los programas de mejoramiento. Los objetivos fueron: (i) caracterizar la VG a nivel molecular de tres familias de medio-hermanos (FMH) de agropiro alargado con diferente respuesta a salinidad; y (ii) realizar la puesta a punto de la técnica de microsatélites (SSR) en la especie. Las FMH fueron seleccionadas por su comportamiento a salinidad (tolerante, intermedio, susceptible) en estudios previos donde se evaluó el crecimiento de 12 FMH en condiciones semi-controladas de hidroponía y suelo salino. Se analizaron 20 individuos/FMH con cuatro SSR transferidos de otras poáceas (*Triticum aestivum* y *Schedonorus phoenix*). Los resultados demostraron que la VG analizada mediante el contenido de información polimórfica (PIC) en los SSR varió de 0,280 a 0,354 y entre las FMH de 0,239 a 0,361. El AMOVA fue significativo dentro de FMH ($p=0,04$), pero no entre FMH ($p=0,06$). Asimismo se logró desarrollar la puesta a punto de la técnica de SSR transferidos a agropiro alargado desde las especies mencionadas. Si bien estos resultados son preliminares ya que demuestran VG dentro de las FMH analizadas, además de capacidad discriminatoria de los SSR utilizados, sería conveniente incorporar mayor número de SSR polimórficos para realizar una caracterización de la VG más eficiente.

MV 4

IDENTIFICACIÓN DE POTENCIALES GRUPOS HETERÓTICOS EN EL GERMOPLASMA TETRAPLOIDE DE *Paspalum notatum*

Marcón F.¹, E.J. Martínez¹, C.A. Acuña¹, ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste.
Email: caalac77@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea nativa del continente americano. Esta especie posee un citotipo tetraploide de reproducción apomítica que podría ser utilizado como modelo para predecir la heterosis en el mejoramiento de especies apomíticas. Existen evidencias de que la distancia genética entre progenitores está relacionada con la ocurrencia de heterosis en la progenie. El objetivo de este trabajo fue identificar grupos de genotipos tetraploides sexuales y apomíticos de *P. notatum* con distancias genéticas diversas. Para ello, un grupo de 49 genotipos tetraploides sexuales y apomíticos de *P. notatum* y un genotipo apomítico de *P. cromyorrhizon* han sido utilizados. Se emplearon marcadores moleculares del tipo SSR (*Simple Sequence Repeat*) e ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) para la detección de los polimorfismos moleculares. Con los datos moleculares se estimaron las distancias genéticas a partir del índice de disimilitud de Jaccard (1-S). Un total de 116 y 146 marcadores polimórficos fueron generados a partir de los SSRs e ISSRs, respectivamente. Las distancias fueron similares con ambos marcadores y variaron entre 0,27 y 0,81. Esta amplia variabilidad nos permitió definir cuatro grupos de cruzamientos, tres de ellos entre genotipos sexuales y apomíticos de *P. notatum*, con distancia genética baja (0,27-0,38), intermedia (0,45-0,55) y alta (0,6-0,74), y un cruzamiento interespecífico con *P. cromyorrhizon* (0,81), para así poder identificar potenciales grupos heteróticos en la progenie resultante.

MV 5

ESTRATEGIA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO EN TRÉBOLES DE IMPORTANCIA ECONÓMICA PARA AUMENTAR LA PERSISTENCIA Y LA TOLERANCIA AL ESTRÉS ABIÓTICO

Castillo A.¹, M. Vaio², B. López Carro³, M. Dalla Rizza¹, R. Reyno¹. ¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. ²Facultad de Agronomía, Universidad de la República. ³Servicio de Clasificación Celular y Citometría de Flujo, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay. Email: acastillo@inia.org.uy

El trébol blanco (*Trifolium repens*, $4n=4x=32$) es una leguminosa muy adaptada a los suelos húmedos y ligeramente ácidos de Uruguay, presenta altos requerimientos de fósforo y su persistencia está condicionada por el déficit hídrico y las altas temperaturas del verano. *Trifolium polymorphum* ($2n=2x=16$) es una leguminosa nativa, perenne, altamente valorada, con presencia en diversas regiones productivas, de alto valor nutritivo y excelente adaptación al pastoreo, de hábito estolonífero, postrado con raíces en los nudos. Presenta interesantes características para pre-mejoramiento como persistencia, resistencia al pisoteo y prolongados períodos de sequía debido a su hábito de crecimiento. En el marco del programa de mejoramiento genético de pasturas de INIA, se planteó la estrategia de la hibridación interespecífica, para recombinar las características de interés. Como estrategia de mejora, se plantea viabilizar los cruzamientos y para ello se igualaron los niveles de ploidía entre las especies parentales; se generaron plantas tetraploides de *T. polymorphum* y posteriormente se realizaron cruzamientos recíprocos. Se usó citometría de flujo para evaluar los niveles de ploidía. Cuando *T. repens* se utilizó como madre se obtuvieron 74 individuos; cuando *T. polymorphum* se utilizó como madre, se generaron dos plantas denotando posibles restricciones naturales. Para recuperar los individuos obtenidos en los cruzamientos, se puso a punto la técnica de rescate de embriones. La progenie obtenida se caracterizó para confirmar la condición híbrida por marcadores moleculares.

MV 6

HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS TETRAPLOIDES CON MADRE SEXUAL Y PADRE APOMÍCTICO, AMBOS DEL GRUPO PPLICATULA DEL GÉNERO *Paspalum*

Novo P.E.¹, F. Espinoza¹, C.L. Quarin¹. ¹IBONE (UNNE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. Email: patriciaenovo@gmail.com

Unas 30 especies, mayormente neo-tropicales, constituyen el grupo Plicatula. El número es tentativo porque aún no existe una revisión que fundamente y clarifique la identidad taxonómica de las especies del grupo. Los datos disponibles indican que mayoritariamente son especies tetraploides apomícticas ($4xA$), aunque algunas contienen también citotipos diploides sexuales ($2xS$). El mejoramiento genético de especies $4xA$ está restringido por la apomixis y porque no existen en la naturaleza $4x$ sexuales ($4xS$). Por duplicación cromosómica del citotipo $2xS$ se obtuvo una planta $4xS$ de *P. plicatulum*. Aquí los objetivos fueron obtener híbridos a nivel $4x$ entre *P. plicatulum* x *P. rojasii* para comprobar si es posible la transferencia génica mediante cruzamientos con vistas al mejoramiento genético, y aportar información que ayude a resolver cuestiones taxonómicas relacionadas con *P. rojasii*. Para eso, mediante citogenética clásica y citometría de flujo en semillas se analizó la meiosis del germoplasma *P. rojasii* AK40732 y su sistema reproductivo. Los resultados indicaron que se trata de una especie autotetraploide y apomíctica. Con los mismos métodos se analizaron los híbridos. Se obtuvieron 17 y sobrevivieron siete. El carácter apomíctico de AK40732 segregó en la F_1 : cinco resultaron sexuales y dos apomícticos. Los datos preliminares indican que los híbridos son fértiles y que ambos parentales aportaron genomas con cromosomas homólogos u homeólogos. Esto sustenta la factibilidad de la transferencia génica con vistas al mejoramiento genético, y aporta datos para una revisión taxonómica del grupo.

MV 7

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE POBLACIONES DE FESTUCA ALTA [*Schedonorus phoenix* (SCOP.) HOLUB] ADAPTADAS A SUELOS CON LIMITANTES FÍSICO- QUÍMICAS

Martínez E.S.¹, P. Rimieri¹. ¹EEA Pergamino, INTA, Buenos Aires, Argentina.

Email: martinez.emilce@inta.gob.ar

Actualmente la ganadería vacuna de carne se desarrolla en suelos con restricciones físico-químicas. Hay evidencias que la emblemática población de festuca alta *El Palenque MAG*, de base genética amplia, se adapta a tales ambientes. *Brava INTA*, cultivar sintético derivado de aquél, de base genética estrecha y de mejor valor nutritivo, presenta buen comportamiento en esos ambientes limitantes en el establecimiento La Catalina de Bolívar, Buenos Aires, Argentina, desde 2008. Otros dos cultivares del mismo origen, *Baguala* y *Luján INTA*, de base genética amplia e intermedia, respectivamente, completan las tres poblaciones evaluadas con el objetivo de caracterizar fenotipos adaptados de los tres cultivares. Las tres poblaciones fueron sembradas entre 2008 y 2011 en lotes con suelos overos con salinidad temporaria y con limitantes físicas. En los fenotipos se evaluaron las siguientes características: superficie de la lámina, altura de planta, hábito de crecimiento, días a floración y producción de forraje. Si bien las tres poblaciones produjeron entre 4 y 7 mil kg MS ha⁻¹ se observaron diferencias fenotípicas entre las poblaciones para los caracteres evaluados. Se identificaron 23 fenotipos, que serán la base de nuevos cultivares a evaluar en un segundo ciclo de selección en esos ambientes de suelos alcalinos con pH > 8, Conductividad Eléctrica baja (<2) y salinidad temporaria, N (Nitratos) 4,7-5,3 mg kg⁻¹, S (SO₄) 0,7-1,3 mg kg⁻¹, Pe 5,2-5,5 mg kg⁻¹ con anegamientos, inundaciones y sequías temporarias registradas desde 2008 en *Brava INTA* y desde 2011 en *Baguala* y *Luján INTA*.

MV 8

TRANSFIRIENDO COMBINACIONES DE GENES DE RESISTENCIA A ROYA DE TALLO A *BACKGROUND* DE TRIGO ADAPTADO AL URUGUAY

Baráibar S.¹, P. Silva¹, C. Pritsch², S. Germán¹. ¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Est. Exp. La Estanzuela, Ruta 50 km 11.5, Colonia, Uruguay. ²Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Depto. Biología Vegetal, Montevideo, Uruguay.

Email: sbaraiibar@inia.org.uy

La roya de tallo del trigo (*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) fue considerada la roya más destructiva en Uruguay. Los genes más importantes que confieren resistencia en los cultivares a nivel regional y mundial son el *Sr24* y *Sr31*. En 1998 fue detectada en Uganda una nueva raza (Ug99) que junto con once de su linaje son virulentas sobre los genes *Sr24* y/o *Sr31*, y al 90 % de los cultivares comerciales del mundo. Los genes de resistencia *Sr26*, *Sr32* o *Sr39* son efectivos a estas razas. El objetivo del trabajo fue piramidar estos genes de resistencia mayores, de naturaleza raza-específicos, en germoplasma nacional adaptado de manera de obtener materiales con resistencia más duradera que si se utilizaran individualmente. Se realizaron cruzamientos entre las líneas mencionadas para obtener líneas con combinaciones de pares de genes. A partir de la F₁ se implementó un programa de retrocruzamientos, utilizando como padres recurrentes los cultivares adaptados LE2375 y LE2387. Se ajustaron los protocolos de PCR para marcadores de los tres genes de resistencia y se realizó la selección asistida de plantas RC₁F₁. Se identificaron ocho líneas con *Sr26* y *Sr32*, 2 líneas con *Sr26* y *Sr39* y 23 líneas con *Sr32* y *Sr39*. Partiendo de estas líneas se realizará un segundo ciclo de retrocruzamientos, seguido de una autofecundación y se seleccionarán líneas homocigotas para pares de genes de resistencia que poseerán un 87,5% del *background* adaptado al finalizar el trabajo.

MV 9

ESTABILIDAD E INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE DEL TIEMPO TÉRMICO A FLORACIÓN FEMENINA EN LÍNEAS PARENTALES DE MAÍZ CON VALOR DIFERENCIADO

Corcuera V.R.^{1,2}, M.V. Kandus², D. Almorza³, J.C. Salerno². ¹Com. Inv. Cientif. Pcia. Bs. As. ²Inst. Genética Ewald A. Favret, INTA Castelar, Pcia. Bs. As., Argentina. ³Universidad de Cádiz, Cádiz, España.
Email: vrcorcuera@gmail.com

Los objetivos fueron: a) evaluar la estabilidad del tiempo térmico a floración femenina; y b) valorar la interacción genotipo-ambiente del carácter. Se evaluaron 28 nuevas líneas endogámicas junto a cinco líneas testigo caracterizadas por producir granos con almidón modificado y/o alta lisina. Durante cinco años consecutivos (2010/11 a 2014/15) se condujo un ensayo multiambiental en Castelar (Provincia de Buenos Aires, Argentina). Se empleó un diseño de bloques completamente aleatorizados con tres repeticiones. La unidad experimental fue una microparcela de 2,5 m de longitud. Se midió el tiempo térmico a floración femenina según el modelo desarrollado por Gilmore y Rogers. La estabilidad de los materiales ensayados fue calculada mediante el coeficiente de variabilidad CV_i de Francis y Kannenberg y la interacción genotipo-ambiente aplicando un modelo AMMI1. El ANAVA reveló diferencias altamente significativas entre líneas ($F_{32-160} = 9340,0$; $p \leq 0,01$). Asimismo, se hallaron diferencias muy significativas entre ambientes y para la interacción línea x ambiente (IGA). Los resultados del análisis univariado (CV_i) señalan que las líneas testigo CIG14 y CIG15, así como las nuevas líneas CIG12 y CIG27, fueron las más estables en sentido biológico. El modelo AMMI1 permitió identificar a los ambientes C2 y C4 como extremos en el rango de variación del primer eje del análisis de componentes principales de la interacción (IPCA1), mientras que las líneas CIG7, CIG9, CIG10, CIG19, CIG22 (testigo), CIG27 y CIG31 se mostraron como las de comportamiento más predecible.

MV 10

HERRAMIENTAS DE ANÁLISIS Y VISUALIZACIÓN GENÓMICA

Quero G.¹, S. Fernandez², S.B. Brandariz¹, S. Simondi³, L. Gutierrez^{1,4}. ¹Facultad de Agronomía, UDELAR, Uruguay. ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. ³Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad Nacional de Cuyo, Argentina. ⁴Agronomy Department, University of Wisconsin, Madison, USA.
Email: gastonquero@fagro.edu.uy

El mejoramiento genético en plantas es una actividad que se viene desarrollando desde hace miles de años, y se encuentra completamente asociada al desarrollo de la agricultura. Para lograr ganancias genéticas relevantes es fundamental la evaluación fenotípica de miles de individuos anualmente. Esto genera grandes bases de datos que deben ser cuidadosamente analizadas. Cuando se incorporan marcadores moleculares a los programas de mejoramiento genético para realizar selección asistida por marcadores moleculares, el volumen de información generada es aún más importante. Saber cómo analizar y visualizar la información generada es actualmente la mayor limitante para el avance de la ciencia e innovación en mejoramiento genético vegetal. El objetivo de este trabajo es presentar y mostrar el uso y la aplicación de tres paquetes estadísticos para el análisis y visualización de información genómica en el contexto de mejoramiento genético vegetal. El paquete de R *lmem.qtlr* realiza el mapeo de QTL (*Quantitative Trait Loci*) en poblaciones balanceadas permitiendo un mapeo multi-ambiente y multi-carácter utilizando modelos mixtos. El paquete de R *lmem.gwaser* realiza el mapeo de QTL en poblaciones diversas incorporando estructura y relacionamiento genético con diferentes modelos que incluyen la matriz de relacionamiento genético (*kinship*, K), estructura con relacionamiento genético (Q+K) y *eigenanalysis* entre otros. Finalmente, el paquete de R *clusterhap* identifica y grafica los haplotipos más comunes dentro de los QTL previamente identificados.

MV 11

ANÁLISIS DE CONGLOMERADOS PARA DESCRIBIR LA ESTRUCTURA GENÉTICA EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ

Rossi E.A.¹, M.A. Di Renzo¹, N.C. Bonamico¹. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

Email: ezequiel455@hotmail.com

En los estudios de mapeo por asociación se requiere comprobar que el desequilibrio por ligamiento no se debe a un efecto de estratificación poblacional. La descripción de la estructura genética de las poblaciones se realiza mediante numerosos marcadores moleculares. El objetivo del presente trabajo consiste en determinar si una población de líneas endocriadas de maíz presenta estratificación genética. La población está constituida por 218 líneas y fue caracterizada mediante 3300 marcadores moleculares SNP (polimorfismos de nucleótido único). La clasificación de las líneas se realizó mediante el análisis de conglomerados utilizando métodos de agrupamientos jerárquicos y no jerárquicos en base a distintas medidas de distancias. El mayor coeficiente de correlación cofenética se observó con el método de encadenamiento promedio o UPGMA, independientemente de la medida de distancia utilizada. El ordenamiento obtenido mostró que la población de líneas de maíz no está genéticamente estratificada. Los marcadores SNP permitieron describir la estructura genética presente en este conjunto de líneas endocriadas de maíz que serán utilizadas en un estudio de mapeo por asociación, en el que se quieren identificar *loci* que regulan la resistencia al Virus del Mal de Río Cuarto (MRCV).

MV 12

GENERACIÓN DE LÍNEAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) CON ALTO CONTENIDO DE AMILOSA Y TOLERANCIA A FRÍO

Colazo J.L.¹, A.B. Livore¹, F.D. Cattaneo¹, M. Durand¹. ¹EEA INTA Concepción del Uruguay, Grupo de Mejoramiento Genético de Arroz, Argentina.

Email: colazo.jose@inta.gob.ar

Uno de los objetivos del programa de mejoramiento genético de arroz del INTA Concepción del Uruguay (CdU) es la generación de un ideotipo de planta que reúna características tales como: alto rendimiento, resistencia a enfermedades, tolerancia a frío y una adecuada calidad culinaria. Actualmente, los mercados a los que ingresa el arroz argentino (IRAK, IRÁN, BRASIL) demandan variedades que presenten una cocción suelta, consistente y suave apuntando hacia un grano con alto contenido de amilosa en el endosperma. La obtención de dicho ideotipo puede ser facilitada mediante la selección asistida por marcadores moleculares. Inicialmente, se seleccionaron fenotípicamente 106 líneas avanzadas resistentes a herbicida de la campaña 2015/2016 del criadero de la EEA INTA CdU. Cada línea se genotipificó usando la secuencia microsatélite RM 190 asociada al contenido de amilosa en grano. Se seleccionaron 44 materiales que presentaron el alelo CT₁₁ asociado a alta amilosa. Dichos materiales fueron analizados con un ensayo PCR-RFLP para detectar un SNP (A>G) asociado a tolerancia a frío en plántula. Se seleccionaron 7 líneas homocigotas para el alelo positivo (A). Estos materiales se multiplicaron en contra-estación para obtener suficiente semilla para evaluar rendimiento en la campaña 2016/2017. Los marcadores moleculares son una herramienta eficiente para seleccionar y acelerar la fijación de alelos favorables en un ideotipo de planta.

MV 13

OPTIMIZACIÓN DE LA POBLACIÓN DE ENTRENAMIENTO PARA SELECCIÓN GENÓMICA EN TRIGO Y ARROZ

Berro I.¹, B. Lado¹, L. Gutierrez^{1,2}. ¹Departamento de Biometría, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.

²Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, United States.

Email: inesberro@fagro.edu.uy

La Selección Genómica (GS) a través de un modelo estadístico estimado a partir de información fenotípica y genotípica de una muestra de entrenamiento, predice los valores de cría genéticos de líneas que sólo cuentan con información genotípica. La precisión de las predicciones (PRE) de la GS en los programas de mejoramiento se ve afectada por varios factores. Este trabajo tiene como objetivo (1) evaluar cómo afecta el tamaño y el relacionamiento genético entre los individuos de la población de entrenamiento a la PRE y (2) analizar cómo el relacionamiento genético entre población a predecir (PP) y población de entrenamiento (PE) afecta la PRE. Se utilizaron 1.353 líneas avanzadas de Trigo genotipadas con 81.999 SNPs y 644 líneas avanzadas de Arroz genotipadas con 15.000 SNPs, ambas poblaciones evaluadas para rendimiento. Se ajustaron modelos G-BLUP según dos estrategias de agrupamientos, basada en el relacionamiento genético y basada en historia del programa de mejoramiento. Se emplearon dos estrategias para elegir líneas de la PE para predecir PP, según matriz de similitud genética con la PP y según el efecto de los marcadores moleculares. Se encontraron tres grupos que presentaron mayor precisión que con grupos del mismo tamaño elegidos al azar y con la utilización de toda la población. Modelar la estructura no mejora las precisiones. Incluir la estimación de los efectos de los marcadores moleculares mejora la PRE respecto de utilizar solo el relacionamiento genético, de modo que la posición donde se es más parecido es importante.

MV 14

COMPARACIÓN DE METODOLOGÍAS DE PREDICCIÓN DE CRUZAMIENTOS PARA RENDIMIENTO EN TRIGO

Lado B.¹, S. Battenfield², J. Poland³, M. Quincke⁴, P. Silva⁴, L. Gutiérrez^{1,5}. ¹Departamento de Biometría, Estadística y Cómputo, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.

²AgriPro Wheat, Syngenta, Junction City, KS, USA. ³Department of Plant Pathology, Kansas State University, Manhattan, KS, USA.

⁴Programa Nacional de Investigación Cultivos de Secano, Est. Exp. La Estanzuela, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay.

⁵Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, Wi, USA.

Email: betti_la@hotmail

En mejoramiento genético vegetal una de las decisiones más importantes es la definición de los cruzamientos para obtener una mejora genética en las siguientes generaciones, manteniendo la diversidad. La selección genómica es una herramienta que permite utilizar información genética para determinar los mejores cruzamientos. Se han desarrollado metodologías que permiten realizar la selección de cruzamientos, pero que aún no han sido evaluadas empíricamente. Este trabajo compara dos metodologías de selección de cruzamientos (POPVAR y GENVAR) en 1465 individuos del programa de mejoramiento genético de trigo de Uruguay evaluados para rendimiento. POPVAR simula el genoma de la progenie tomando en cuenta la recombinación y estima los valores de cría de la progenie (GEBV); GENVAR usa la diferencia genética entre ambos padres ponderada por el efecto de los marcadores para estimar los GEBV de la progenie. Se compararon los GEBV, su varianza en la progenie y la performance del 10% superior de la progenie. La media de los GEBV de la progenie es igual en ambos métodos ($r=0,996$). La varianza muestra diferencias entre ambas metodologías ($r=0,234$), con mayores valores para POPVAR (max. var~80.000) que para GENVAR (max. var~20.000). A pesar de estas diferencias en la varianza, la selección por ambos métodos tiene un alto porcentaje de cruza en común (74,5%). Si la selección de cruza se realiza tomando en cuenta la descendencia del 10% superior de la progenie ambas metodologías son adecuadas, siendo GENVAR computacionalmente más eficiente.

MV 15

DETECCIÓN DE QTLs PARA CARACTERES DE RESISTENCIA A *Fusarium verticillioides* EN TRES POBLACIONES DE MAÍZ

Belich Y.E.¹, R.N. Pioli², G.R. Pratta². ¹Nidera S.A. Ruta 8 Km 376.5, Venado Tuerto, Santa Fe, Argentina. ²IICAR (CONICET-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario) Zavalla, Santa Fe, Argentina.
Email: yebelich@nidera.com.ar

El objetivo fue detectar QTLs para resistencia a *Fusarium verticillioides* (*Fv*) en tres poblaciones de líneas endocriadas recombinantes de maíz derivadas, respectivamente, de cruzamientos SxS (S= susceptible), RxR (R= resistente) y RxS. Habiendo confirmado la existencia de variancia genética para Severidad e Incidencia de *Fv*, la detección de QTLs se realizó por análisis de único punto con SNP (*Single Nucleotide Polymorphisms*) de ubicación cromosómica conocida que mostraron segregación 1:1. El porcentaje de variancia fenotípica total (VF) explicada para cada QTL fue estimado por el valor de R² del modelo de ANOVA. En la población SxS, se detectaron QTLs en los bins 1.11, 4.03, 8.05, 8.07 y 9.01, explicando 8 a 17% de la VF; en la población RxR las regiones que resultaron significativas fueron 1.02, 1.12, 2.04, 3.04, 3.05, 4.03, 5.03, 5.04, 5.05, 6.07, 7.02 y 8.02 explicando de un 8 a un 13% de la VF y por último, en la población RxS se encontraron marcadores en los bins 1.08, 4.03, 4.05, 5.03 y 5.05 explicando entre 8 y 22% de la VF. Además, se encontraron interacciones significativas entre QTLs con efectos aditivos individuales esperados y no esperados de acuerdo al comportamiento del padre que los aportó. En cuatro casos hubo aditividad entre marcadores y se halló epistasis significativa en la población RxR. Como conclusión, se demostró la importancia de las regiones comprendidas por los bins 4.03 en todas las poblaciones y 5.03-5.05 en las poblaciones con al menos un padre R y la existencia de interacciones entre QTLs para la resistencia a *Fv* en los materiales bajo estudio.

MV 16

DETERMINACIÓN DE DL₅₀ PARA TRIGO Y TRITICALE EXPUESTOS A DISTINTAS DOSIS DE RADIACIÓN IONIZANTE

Di Pane F.J.¹, López S.C.². ¹CEI Barrow (MAI-INTA). ²CNEA, Argentina.
Email: dipane.francisco@inta.gob.ar

El uso de las técnicas nucleares en el mejoramiento ha estado dirigido a la inducción de mutaciones. La dosis de radiación aplicada es clave en la inducción de mutaciones en los vegetales, dosis altas se utilizan para la esterilización. Dosis más bajas, entre 60 a 700 Gy, se utilizan para inducir mutaciones en semillas. En Argentina, el uso de rayos ionizantes en el mejoramiento está poco difundido y podría ser una alternativa para la generación de cultivares. Existen pocos trabajos que determinen el valor máximo de radiación donde el daño producido afecte el número de plantas viables de manera significativa. El objetivo del trabajo fue determinar la dosis letal media (DL₅₀) de radiación gamma en dos especies: trigo y triticale. Se diseñó un ensayo donde intervinieron ambas especies en 8 niveles de exposición a radiación (0, 50, 200, 400, 550, 700, 850 y 1000 Gy). Se pusieron a germinar a temperatura controlada 100 semillas en 3 repeticiones según metodología ISTA. Se observó la supervivencia de las plántulas a los 6, 12 y 18 días. A los 6 días el recuento de semillas germinadas/no germinadas no mostró diferencias significativas. A los 12 días se encontró que, a partir de la dosis de 550 Gy las plántulas habían detenido su crecimiento (sin emerger la plúmula del coleoptile). A los 18 días todas las plántulas a partir de los 550 Gy habían muerto. Sin embargo, las provenientes de dosis bajas (hasta 400 Gy) permanecieron vivas, con un menor crecimiento que el testigo (0 Gy). A partir de éstos resultados se pudo determinar el valor de DL₅₀ entre los 400 y 550 Gy para trigo y triticale.

MV 17

QTL PARA TOLERANCIA AL ANEGAMIENTO EN CEBADA: IMPACTO SOBRE CLOROSIS FOLIAR Y DESARROLLO VEGETAL

Locatelli A.¹, L. Viega², G. Quero², A. Castro³. ¹CENUR Litoral Oeste, UDELAR, Paysandú, Uruguay. ²Dpto. de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UDELAR, Paysandú, Uruguay. ³Dpto. de Producción Vegetal, Est. Exp. "Dr. Mario A. Cassinoni", Facultad de Agronomía, UDELAR, Paysandú, Uruguay.
Email: aloca@fagro.edu.uy

El anegamiento es uno de los principales factores reductores del rendimiento de los cultivos, incluyendo a cebada (*Hordeum vulgare* L.). En Uruguay durante el invierno llueve muchas veces por encima de las necesidades de los cultivos provocando el anegamiento de los suelos. El objetivo principal de este trabajo fue avanzar en la identificación de los componentes genéticos asociados a la tolerancia al anegamiento en cebada cervecera. La población de mapeo (Ceibo/Carumbé) compuesta por 84 RILs, fue evaluada en tres ensayos en cámara de crecimiento y uno en invernáculo. En cámara se midió la tolerancia al anegamiento en plántula, midiéndose clorosis foliar (CF), peso seco de raíces (R), parte aérea (PA), relación PA/R, peso de planta entera (PPE) y volumen radicular (VR). En invernáculo se evaluó la tolerancia al anegamiento en planta adulta midiéndose CF, tallos totales (TT), peso por tallo (PT), fertilidad de tallos (FT) y granos en tallo principal (GTP). El período de anegamiento impuesto fue de 15 días, desde Z13 y Z30 para los ensayos de cámara e invernáculo respectivamente. El genotipado y el mapa de ligamiento fueron realizados con 128 marcadores SNP y 14 SSR. Se detectaron 19 posibles QTL, seis para CF, dos para PA y VR y uno para PA/R, TT, PT, FT y GTP. Los cuatro restantes QTL se asociaron a más de una variable; PA/R y GTP (2H), TT y PT (2H), VR y GTP (5H), VR y PPE (7H). Estos resultados preliminares estarían mostrando varias regiones cromosómicas asociadas al control genético de la tolerancia al anegamiento, una variable extremadamente compleja de evaluar.

MV 18

LOOKING FOR NEW SOURCES OF PARTIAL RESISTANCE TO WHEAT RUSTS IN HISTORICAL GERMPLASM FROM SOUTH AMERICA

Silva P.¹, M. Quincke¹, S. Germán¹. ¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Est. Exp. La Estanzuela, Ruta 50 km 11.5, CP 7006, Colonia, Uruguay.
Email: mpsilva@inia.org.uy

Wheat leaf rust (LR) and wheat stem rust (SR), threaten global wheat production. Frequently new races overcome LR and SR mayor resistance genes deployed in cultivars. As an alternative strategy to increase the duration of resistance, race non-specific partial resistance (PR) has been used for many years in wheat breeding programs. The Old South American Wheat (OSAW) collection is a valuable resource to look for new sources of PR to LR and SR. The collection consisting of 122 wheat lines from different countries of South America, mainly Argentina and Uruguay, was characterized under field conditions for resistance to LR (2014 and 2015 seasons) and SR (2015 season) to the naturally occurring pathogen populations, *Ltn* (leaf tip necrosis, associated to the presence of PR genes) and heading date. For LR, final DS ranged between 0-95%, with mean values of 40% (2014) and 46% (2015). For SR, final DS ranged between 0-50 %, with a mean value of 5%. Additionally, molecular markers linked to the PR genes *Lr34/Sr57* and *Sr2*, were screened. Only 20.5 % of the lines were positive for *Lr34* and 3.3% for *Sr2*. No lines with the combination of both genes were found. Lines with good levels of resistance to LR and SR, high expression of *Ltn*, and absence of *Lr34/Sr57* and *Sr2* were identified, indicating that their resistance is conferred by other genes which might be novel sources of PR. Testing additional molecular markers for other known PR genes and whole genome genotyping of candidate lines will provide further information about the basis of resistance present in these lines.

MV 19

GENETIC CONTROL OF PHENOLOGY IN INIA CEIBO X NORTEÑA CARUMBÉ UNDER TEMPERATE CONDITIONS IN SOUTH AMERICA

Grignola P.¹, S. Bartaburu¹, A. Locatelli¹, J. Mosqueira¹, L. Viega², A. Castro¹. ¹EEMAC, Facultad de Agronomía, UDELAR, Uruguay. ²Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, UDELAR, Uruguay. Email: vontruch@fagro.edu.uy

Understanding the genetic control of phenology, in particular the control of pre-anthesis phases, is key for the development of novel genotypes with tailored phenology. In South American conditions an increase in the length of the critical period (GS32-GS49) should not result in delayed grain filling in order to profit from a higher yield potential. We studied a RIL population derived from the cross of two adapted varieties with contrasting phenology: INIA Ceibo (late variety with photoperiod sensitivity) and Norteña Carumbé (early and with less sensitivity to photoperiod). The population was genotyped with 128 SNPs and 14 SSRs and phenotyped in seven field experiments (during three years, with contrasting planting dates). A total of ten phenotypes were measured: length of GS00-GS22, GS22-GS30, GS30-GS49, GS00-GS49, GS49-GS90 and photoperiod response in all of them. Two QTLs, on chromosomes 2H and 3H with coincident location with *eps2S* and *denso*, explained most of the phenotypic variation for anthesis date: *denso* affected the length of GS22-GS30 and *eps2S* affected the length of GS49-90. Photoperiod sensitivity for anthesis time was explained by differences in the magnitude of these effects on contrasting planting dates and also by specific effects for GS30-GS49 on 2H (in a genomic location coincident with *Ppd-H1*). This latter QTL was detected under a photoperiod of 12.5 - 13 hrs at GS30 (corresponding to late planting dates).

MV 20

TECNOLOGÍAS PARA EL DESARROLLO DE LÍNEAS RECOMBINANTES DE TRIGO

Esteves P.¹, L. Hernández², A. Castillo¹, M. Dalla Rizza¹, M. Quincke². ¹Estación Experimental Wilson Ferreira Aldunate, INIA-Las Brujas, Rincón del Colorado, Canelones, Uruguay. ²Estación Experimental Dr. Alberto Boerger, INIA-La Estanzuela, Colonia, Uruguay. Email: estevesp@hotmail.com

En los programas de mejoramiento genético uno de los recursos más escasos es el tiempo. Bajo un planteo convencional, luego de realizar las cruza iniciales deben cumplirse varios ciclos de autofecundación para alcanzar alta homocigosis antes de evaluar las líneas derivadas. Estas tareas implican varios años de trabajo con baja eficiencia. Reducir este lapso de endocria disminuye los costos del programa, y aumenta la ganancia genética. Atendiendo a esta problemática, en el grupo de mejoramiento genético de trigo de INIA iniciamos trabajos en el área de las Tecnologías para el Desarrollo de Líneas Recombinantes (TDLR). Las tareas abarcan: 1) la aceleración de generaciones con cultivo de embriones (AG+CE), y 2) la producción de haploides-duplicados (HD) por cultivo de anteras y de microsporas (CAM). En el área AG+CE establecimos un protocolo de base que comprende el cultivo de plantas en condiciones controladas de luz y temperatura, y los resultados actuales nos permiten avanzar un mínimo de cuatro generaciones al año. Buscando mejorar el sistema, en la etapa siguiente exploraremos el impacto del fotoperíodo para acortar el ciclo de las plantas. En el área CAM, estamos evaluando el impacto de factores físicos y químicos clave en cada una de las siguientes etapas: a) la cosecha de los tallos y el pretratamiento de las microsporas; b) la inducción *in vitro* de la embriogénesis en las microsporas; y c) la regeneración de plantas HD. El protocolo en desarrollo busca lograr una alta frecuencia de embriogénesis en las microsporas y de regeneración de plantas verdes HD.

MV 21

META-ANÁLISIS DE *LOC* PARA RESISTENCIA A ENFERMEDADES VIRALES EN MAÍZ

M. Balzarini¹, A. Rueda Calderón¹, E. Del Vecchio¹, E. Rossi², C. Bruno¹, N. Bonamico². ¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina.
Email: mbalzari@gmail.com

La identificación de *loci* de caracteres cuantitativos (QTL) asociados a rasgos de interés agronómico se ha realizado en las últimas décadas para contribuir con el mejoramiento genético vegetal. En relación a la reacción de genotipos vegetales frente a enfermedades provocadas por virus, se han publicado numerosos trabajos en distintas especies. En este trabajo realizamos una revisión sistemática de publicaciones de QTL para resistencia/tolerancia en maíz en diferentes bases de datos de trabajos científicos (Scopus, Science Direct, ESCOhost, Pubmed, SciELO, Agrícola, JSTOR y Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal). Para la búsqueda se utilizaron combinaciones de palabras clave como (maíz OR “*Zea mays*” OR maize OR corn), ((tolerance OR resistance) AND “virus disease”), (QTL OR *Loci* OR “Quantitative Trait *Loci*”), (biparental OR crosses). Se identificaron 600 trabajos no duplicados, de los cuales 349 corresponden a mapeo de QTL con poblaciones experimentales obtenidas por cruzamientos biparentales. Se seleccionaron trabajos según criterios de inclusión en relación a la información presentada para implementar estrategias de meta-análisis orientadas a identificar la posición de QTL de efectos mayores. Consensos en las publicaciones sugieren que los QTL posicionados en el Cromosoma 1 presentan efecto aditivo relativamente importante, mientras que los del cromosoma 3, se corresponden con *loci* de efecto relativamente menor. El análisis resultó útil para sintetizar conocimientos sobre resistencia genética a enfermedades virales en maíz.

MV 22

BASES GENÉTICAS DE LA ADAPTACIÓN AGRONÓMICA DE CEBADA EN EL CONO SUR: USO DE GWAS EN UNA POBLACIÓN AMPLIA

Locatelli A.^{1,4}, L. Guitierrez², L. Viega³, P. Grignola¹, A. Castro¹. ¹Departamento de Producción Vegetal, Est. Exp. “Dr. Mario A. Cassinoni”, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Paysandú. ²Departamento de Estadística, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ³Dpto. de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. ⁴Polo Agroalimentario e industrial, Centro Universitario de Paysandú, Universidad de la República, Paysandú, Uruguay.
Email: aloca@fagro.edu.uy

La fenología es un factor clave en la adaptación agronómica de cualquier cultivo, en particular en regiones templadas como Uruguay cuya estación de crecimiento del cultivo es reducida. Este trabajo buscó reafirmar las bases genéticas más importantes de valor adaptativo en la región y explorar nuevas regiones cromosómicas asociadas a fenología. Se evaluó una población de 297 genotipos de cebada (*Hordeum vulgare* L.) en cuatro ensayos a campo en Paysandú y en dos fechas de siembra. Se midió según escala Zadoks: duración de las fases Z10-Z20, Z10-Z30, Z20-Z30, Z30-Z49, Z10-Z49, Z49-90 y la respuesta al fotoperíodo en dichas etapas. Para la caracterización genotípica se utilizaron 1096 SNPs. La detección de asociaciones marcador-carácter se realizó por mapeo asociativo. Se detectaron 39 asociaciones marcador-carácter por lo menos para una variable. El brazo largo del 1H y 4H y en el brazo corto del 2H, 3H, 5H y 6H fueron las regiones donde se detectaron los QTL más importantes. Mediante análisis discriminante utilizando los 25 marcadores más relacionados a las variables evaluadas, se puede sugerir que la fenología es el principal patrón de estructuración genética en la población. Esto indicaría que las bases genéticas de la fenología han tenido un rol clave en la conformación de la adaptación diferencial de los genotipos a las distintas exigencias climáticas de cada región geográfica. Estos resultados preliminares estarían ampliando la información acerca de los componentes genéticos de valor agronómico-adaptativo con los que se cuenta para el mejoramiento de la cebada en el cono Sur.

MV 23

UTILIZACIÓN DE POBLACIONES NATIVAS DE LA REPÚBLICA ARGENTINA COMO FUENTE DE PRECOCIDAD EN MAÍZ

Solmi A.¹, R. Defacio^{2,3}, N. Salvi³, R.D. Lorea^{2,3}. ¹Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia. de Bs. As. ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Pergamino, Bs. As. ³Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Pergamino, Bs As.
Email: lorea.roberto@inta.gob.ar

Una estrategia posible en la región pampeana Argentina para disminuir el monocultivo de soja y aumentar la sustentabilidad, es la implementación de secuencias de cultivos múltiples (maíz/soja) en un mismo ciclo agrícola, para ello se debe contar con maíces de ciclo ultraprecoz. Así, evaluamos 6 poblaciones nativas de maíz (del sur de Argentina) y sus cruzamientos con 2 líneas precoces (LP29 y LP214) en un ensayo dialélico parcial. Se realizaron 2 ensayos (2014/15 y 2015/16) en fechas de siembras tempranas utilizando un diseño DCBA con dos repeticiones. Las variables evaluadas fueron tiempo térmico a antesis (A), floración femenina (R1), madurez fisiológica (MF), período de llenado de granos (R1-MF), sincronía floral (ASI) y rendimiento en grano (REND). Se realizaron análisis de variancia y test de comparación de medias. Se aplicó la metodología de Dudley para determinar la frecuencia de alelos favorables y la estrategia de utilización. Se realizó un análisis dialélico parcial para determinar la aptitud combinatoria general y específica. Los resultados indican que las poblaciones aportan precocidad (R1 y MF) y permiten aumentar R1-MF, pero no permiten mejorar el REND. Se detectaron efectos aditivos y no aditivos en la mayoría de las variables, pero para precocidad los efectos más importantes fueron aditivos. Se detectaron alelos favorables en las poblaciones ARZM21006 y ARZM19010 para mejorar la precocidad de LP29 y LP214 respectivamente, pero el comportamiento para rendimiento implica generar poblaciones de mejora con sólo un 25 % de población nativa.

MV 24

GENOME WIDE ASSOCIATION (GWAS) DISCOVERS RICE GRAIN QUALITY GENES IN THE STARCH METABOLISM, GRAIN SIZE AND CELL WALL SYNTHESIS PATHWAYS

Quero G.¹, L. Gutiérrez², S. Fernández³, P. Blanco³, F. Pérez de Vida³, S. Garaycochea⁴, E. Monteverde⁴, S. McCouch⁴, J. Rosas³, N. Berberian⁵, S. Simondis⁶, V. Bonnacarrère³. ¹Department of Plant Biology, College of Agriculture, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ²Department of Agronomy, University of Wisconsin, Madison, USA. ³Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. ⁴Department of Plant Breeding and Genetics, Cornell University, Ithaca, USA. ⁵Department of Statistics, College of Agriculture, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. ⁶Matemathics Area, College of Natural and Exact Sciences, Universidad Nacional de Cuyo (FCEN-UNCuyo), Mendoza, Argentina.
Email: vbonnacarrere@inia.org.uy

Rice is one of the most important staple foods in the world. There has recently been a shift in consumer demand for higher grain quality. Therefore, understanding the genetic basis of grain quality in rice is key to produce rice in a sustainable manner. The main objective of this work was to identify the genomic regions associated to grain quality in rice. We used a large GWAS panel of rice composed of 637 elite rice lines from the indica and tropical japonica rice breeding programs. Lines were genotyped with GBS to obtain 92 K SNPs for indica and 45 K SNPs for tropical japonica. Elite lines were phenotyped in three years and evaluated for three key grain quality properties: percentage of total milled rice after milling (YAM), percentage of head rice recovery (PHR), and the weight of chalky grains (GC). GWAS was conducted using mixed models. After quantitative trait loci (QTL) identification, a candidate gene approach using genome annotation for credible biological function was performed. This strategy allowed us to understand the genetic basis of rice grain quality, identifying genes and markers readily available for deployment in breeding programs. We identified genes associated to starch metabolism, cell wall synthesis and grain size. Furthermore, we detected a variation of the OsSPL16 gene that has been proven to be associated to grain size, shape and quality in rice. This shows how a thorough approach to GWAS and gene annotation in a large structured rice breeding population could lead to causative variants readily available in breeding programs.

MV 25

TAMAÑO ÓPTIMO DE PARCELA Y PODREDUMBRE BLANCA DE CAPÍTULOS DE GIRASOL EN ENSAYOS DEL SUDESTE BONAERENSE

Dinon M.A.¹, Delgado S.G.¹, Castaño F.¹ ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar Del Plata, Balcarce, Argentina.

Email: anabella005@yahoo.com.ar

A fin de señalar el tamaño de parcela que permita medir con precisión la incidencia de Podredumbre blanca provocada por *Sclerotinia sclerotiorum*, optimizando los recursos empleados, se evaluaron dos híbridos de comportamiento disímil, A-B, en un ensayo de uniformidad en Balcarce. Los híbridos se sembraron consecutivamente en 15 surcos a 0,70 m y 22 m de longitud. Para cada uno, hubo 165 parcelas mínimas, de unas 7 plantas, formadas de un surco de 2 m x 0,70 m (1,4 m²). Los capítulos se inocularon con unas 2.500 ascosporas del hongo y se cubrieron con sobres Kraft durante 15 días. A los 30 días de la inoculación, se registró el número de capítulos enfermos respecto de los inoculados (=incidencia de la enfermedad) en cada parcela mínima. El tamaño óptimo se dedujo desde el punto de inflexión de la curva que relacionó el coeficiente de variación (CV) y los nueve tamaños de parcelas generados por combinaciones de parcelas mínimas adyacentes (método de máxima curvatura). La incidencia promedio de A y B fue similar. Los CV decrecieron ante aumentos del tamaño de parcela, variando 22-5% (A) y 17,6-6,5% (B). La forma rectangular de parcela (con los lados más largos, perpendiculares a los surcos) coincidió en A y B, aunque su tamaño óptimo difirió (A= 4,2 m² y B= 5,6 m²). Suponiendo una heterogeneidad edáfica similar en todo el ensayo, esa diferencia de tamaño se atribuyó a la variabilidad genética dentro del híbrido (A= simple, B= triple). Ensayos adicionales permitirán mejorar la evaluación genotípica y valorar si la interacción genotipo-ambiente afecta el tamaño y forma de parcela encontrados.

MV 26

ESTRUCTURA POBLACIONAL DE UNA COLECCIÓN DE GERMOPLASMA DE SOJA DESTINADA AL MAPEO POR ASOCIACIÓN DE GENES DE INTERÉS AGRONÓMICO

Ghione C.E.¹, R.A. Heinz^{2,3}. ¹Estación Experimental Agropecuaria Marcos Juárez, INTA. ²Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA. ³CONICET.

Email: ghione.celina@inta.gob.ar

Las colecciones de germoplasma son una fuente valiosa para el mapeo de genes por asociación, que explota los eventos de recombinación históricos y evolutivos a nivel poblacional. Un aspecto crítico en el mapeo por asociación de germoplasma de cultivos elite es la posible distorsión debida al efecto de la estructura genética poblacional, la que puede llevar a resultados espurios. La inclusión de la misma en modelos de asociación es crítica para que el análisis sea significativo. Debido a la naturaleza autógama de la soja es esperable que presente un gran nivel de estructuración. En este estudio, una colección de 94 genotipos de soja, de distintos grupos de madurez, con diferentes características de sanidad y calidad se analizó con 14 SSRs y 220 SNPs ampliamente distribuidos a lo largo del genoma. La estructura de la población se obtuvo mediante el software STRUCTURE y se seleccionó el mejor agrupamiento basándose en el estadístico ΔK . La estructura poblacional se analizó con SSRs y SNPs por separado y se compararon ambas estructuras. Ambos análisis mostraron que el mayor nivel de estructuración se encuentra en $K= 2$ (dos poblaciones). Por lo tanto, ambos tipos de marcadores moleculares son útiles para la determinación de la estructura poblacional. Además, se observó una subestructuración en $K= 4$ para SSRs y $K= 3$ para SNPs. En ambos análisis se observó que el mayor nivel de estructuración corresponde al origen del germoplasma y al grado de mejoramiento que presenta. Uno de los grupos está constituido por materiales mejorados y el otro grupo por materiales exóticos no mejorados.

MV 27

RESPUESTA DE ZANAHORIAS (*Daucus* SP.) SILVESTRES Y CULTIVADAS FRENTE A LA INOCULACIÓN DEL NEMATODE *Meloidogyne* SP.

Ibañez M.S.¹, E.L. Camadro¹. ¹EEA Balcarce, INTA-FCA, UNMdP. CONICET.

Email: ibanezmariasilvina@gmail.com

La zanahoria comercial es uno de los 10 cultivos hortícolas de mayor importancia económica en el mundo, en término de áreas cultivadas y valor de mercado. En la Argentina se siembran anualmente entre 7.000 y 9.500 ha, principalmente en las provincias de Mendoza, Buenos Aires, Santiago del Estero, Santa Fe, Córdoba y San Juan. Cada zona difiere en condiciones ambientales y cultivares adaptados. La sanidad representa una preocupación a nivel de producción. Se han identificado regionalmente nematodos fitófagos (*Ditylenchus* spp., *Meloidogyne* spp. y *Nacobus aberrans*), que desmejoran la calidad comercial de la raíz. El empleo de resistencia heredable constituye una alternativa sustentable en el manejo de los nematodos. Posibles fuentes de resistencia genética son genotipos de la misma especie y de especies emparentadas, silvestres o cultivadas. Como estudio exploratorio, se evaluó la respuesta de cuatro introducciones de especies silvestres y dos cultivares comerciales de zanahoria frente a una población de *Meloidogyne* sp. Se inoculó cada planta con 300 juveniles en estadio 2. Todas las introducciones presentaron síntomas de infección. No se observaron diferencias entre las introducciones respecto al número de agallas/gramo de peso fresco. Sin embargo, el número de masas de huevos/gramo de peso fresco fue menor en las introducciones silvestres que en los cultivares. Estos resultados abren un panorama alentador en la búsqueda de fuentes de resistencia en especies silvestres.

MV 28

ESTRÉS HÍDRICO SIMULADO CON PEG6000 SOBRE LA GERMINACIÓN DE GENOTIPOS DE TOMATE

Millones Chanamé C.E.¹, T.K. Lopes², A.M. Souza de Oliveira², W.R. Maluf², W. Mauro de Castro³. ¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Lavras (UFLA), Lavras, MG, Brasil. Bolsista CAPES. ²Departamento de Agricultura, UFLA, MG, Brasil. ³Departamento de Biología, UFLA, MG, Brasil.

Email: emillonesch@hotmail.com

El estrés hídrico es el mayor factor abiótico que limita la productividad y desarrollo de los cultivos. Varias metodologías se vienen desarrollando para identificar genotipos de tomate tolerantes al estrés hídrico, entre las cuales destaca la germinación en potenciales osmóticos (PO) con Polietilen Glicol (PEG6000), por ser un método rápido, simple y utilizado en los primeros estadios de desarrollo de la planta. El objetivo del presente trabajo fue evaluar diferentes PO con PEG6000 para la germinación y agrupación de genotipos de tomate tolerantes al estrés hídrico. Semillas de siete genotipos de tomate (LA-760, BPX-441E-88-Bulk, BPX-441E-55-Bulk, Ibiza, TOM-760, TOM-684 y Santa Clara) fueron colocadas en papel germitest humedecidos con solución en diferentes PO (0,0; -0,2; -0,4 e -0,6 MPa), evaluándose porcentaje de germinación, largo de radícula/tallo y biomasa de plántulas. Los resultados fueron sometidos a análisis de varianza, y las medias comparadas mediante la prueba LSD. La respuesta comparativa en los genotipos de tomate bajo estrés hídrico simulado con PEG6000, en el porcentaje de germinación destacó LA-760 e BPX-441E-88-Bulk en PO -0,2 y -0,4 MPa; en el largo de radícula LA-760, BPX-441E-55-Bulk, IBIZA y TOM-684 en PO -0,2 e -0,4 MPa; en el largo de tallo LA-760 y BPX-441E-88-Bulk en PO -0,2 MPa; biomasa de plántulas LA-760 e IBIZA en PO -0,2 e -0,4 MPa. La respuesta comparativa de los genotipos de tomate bajo estrés hídrico simulado con PEG6000 a -0,2 e -0,4 MPa fueron los PO más adecuados en la evaluación de genotipos tolerantes al estrés hídrico.

MV 29

DIVERSIDAD GENÉTICA Y FENOTÍPICA PARA LA DETERMINACIÓN DE LA ESTRUCTURA POBLACIONAL EN GENOTIPOS DE PAPA DE DIVERSO ORIGEN

Tagliotti M.E. (*ex-aequo*)^{1,2}, S.I. Deperi (*ex-aequo*)^{1,2}, M.C. Bedogni², M.A. Huarte². ¹CONICET. ²EAA-INTA, Balcarce. Email: tagliotti.martin@inta.gob.ar

La papa es el cuarto cultivo en superficie plantada y el tercero en importancia alimentaria mundial. Debido a su herencia tetrasómica el mejoramiento genético molecular ha tenido limitada aplicación en este cultivo. El mapeo asociativo surge como una estrategia eficiente utilizando marcadores moleculares a nivel tetraploide. Para dicho análisis, la estructura de la población utilizada debe ser considerada de forma previa. El objetivo de este trabajo fue analizar la estructura de una población para mapeo asociativo mediante marcadores moleculares SNPs (polimorfismo de secuencia simple) y marcadores fenotípicos. Se analizaron 4859 SNPs en 191 genotipos de diverso origen. La estructura poblacional se determinó mediante un análisis discriminante de componentes principales (DAPC). Para los datos fenotípicos se realizaron análisis de agrupamiento teniendo en cuenta descriptores cualitativos de uso frecuente en mejoramiento, el rendimiento, la materia seca y la aptitud para fritura. El análisis genético por DAPC dividió a la población en cinco grupos mientras que el análisis fenotípico lo hizo en siete. En todos los casos se diferenciaron las dos subespecies en tres grupos definidos, siendo el tercero una transición entre ambas. El resto de los mismos fueron definidos por las variables asociadas a las dos metodologías, evidenciándose en ellos, el efecto ambiental, la base genética y los criterios de selección utilizados. Ambas metodologías permitieron demostrar gran diversidad genética poblacional y determinar su estructura para futuros análisis por mapeo asociativo.

MV 30

SELECCIÓN POR RESISTENCIA A *Peronospora destructor* EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEBOLLA (*Allium cepa*)

Galván G.A.¹, E. Vicente², M. Arias¹, P. González Rabelino³. ¹Centro Regional Sur, Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. ²Estación Experimental Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. ³Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República. Email: hortiers@fagro.edu.uy

Este trabajo reseña la identificación y utilización de fuentes de resistencia y estudios histológicos de accesiones y líneas de mejoramiento de cebolla con diferentes reacciones frente a *P. destructor*. El cultivar Regia presentó el mayor nivel de resistencia parcial seguido por Naqué. En cruzamientos Regia x Pantanoso del Sauce (PS), la F₁ y la mayoría de las líneas F₁S₁ tuvieron un comportamiento similar al padre susceptible. Se seleccionaron las líneas más resistentes, y sus progenies F₁S₂ mantuvieron la resistencia. En observaciones histológicas, Regia presentó mayor proporción de estomas sanos que PS y menor proporción de colonización subestomática. Plantas F₁ mostraron valores intermedios. En inoculaciones experimentales, la penetración estomática fue anterior y a mayor tasa en PS que en Regia. En INIA Salto Grande se utilizó la resistencia de Naqué en cruzamientos con INIA Casera, y posteriormente, un cruzamiento Regia x (Naqué x Casera). Líneas de medios hermanos tuvieron valores de severidad intermedios entre Regia y Naqué x Casera, con distribución sesgada hacia el padre más susceptible. La correlación entre la proporción de estomas sanos y la severidad fue -0,96. La resistencia estaría determinada por varios genes de efecto aditivo, y eventualmente recesivos. La menor incidencia y severidad se correspondieron con una menor tasa de infección y de colonización del parénquima foliar. Progenies F₁S₂ y líneas de medios hermanos mostraron niveles de resistencia parcial comparables a Regia, lo que permitiría desarrollar cultivares resistente con una buena adaptación.

MV 31

COMPUESTOS BIOACTIVOS EN CLONES DE PAPAS (*Solanum tuberosum* L.) DE PULPA COLORIDA

Cima F.F.¹, M.V. Schiavon², E.S. Pereira³, P.C. Munhoz⁴, M. Vizzotto⁵, A.S. Pereira⁵. ¹Programa de Pós-graduação em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil. ²Bacharel em Química de Alimentos, UFPel. ³Programa de Pós-graduação em Ciência e Tecnologia de Alimentos, UFPel. ⁴Tecnólogo em Viticultura e Enología, UFPel. ⁵Pesquisador(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.
Email: franci_cima@yahoo.com.br

El objetivo de este trabajo fue evaluar la concentración de compuestos bioactivos de 16 clones de papa de pulpa colorida. El trabajo se realizó en el Núcleo de Alimentos de Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, utilizando muestras de tubérculos producidos en la cosecha de otoño de 2014. Para la extracción de los compuestos fenólicos y antioxidantes, se utilizó el solvente metanol; para la cuantificación de los compuestos fenólicos, se utilizó el reactivo Folin-Ciocalteu y, de la actividad antioxidante, el radical estable DPPH; para antocianinas, etanol acidificado con HCl; y, para carotenoides, solución de etanol/acetona. La ANOVA reveló diferencia significativa entre los clones cuanto a las concentraciones de los compuestos fenólicos y antocianinas, y actividad antioxidante. En relación a la media de los compuestos fenólicos, los clones C2715-01-09, C2743-01-09, C2715-22-09, C2721-22-09 y C2719-24-09 formaron el grupo superior, presentando concentraciones por encima de 141 mg 100 g⁻¹ de muestra fresca; para antocianinas, los clones C2716-05-09 y C2743-01-09 se sobresalieron, con medias por encima de 109 mg 100 g⁻¹ de muestra fresca; y, para actividad antioxidante, se destacaron los clones C2715-01-09, C2743-01-09 y C2715-22-09, con medias por encima de 2.021 µg g⁻¹ de muestra fresca. Estos resultados confirman la presencia de elevadas concentraciones de compuestos fenólicos y antocianinas, y actividad antioxidante en papas de pulpa colorida, y demuestran variabilidad genética entre los clones analizados.

MV 32

MOLECULAR AND BIOCHEMICAL EFFECTS OF EFR-GENE INSERTION AFFECTING POTATO-BACTERIAL WILT INTERACTION

Boschi F.¹, F. Vilaró², S. Murchio², G.A. Galván³, C. Schwartzman², C. Zipfel⁴, M. Dalla Rizza². ¹Instituto Nacional de Semillas. ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. ³Universidad de la República. ⁴The Sainsbury Laboratory.
Email: fboschi@inase.org.uy

Bacterial Wilt is a potato disease caused by *Ralstonia solanacearum* responsible for losses in crops worldwide. Plants can detect conserved microbial molecules (PAMPs) through pattern recognition receptors (PRR), leading to PAMP triggered Immunity. Particularly, EFR receptor is a PRR from *Arabidopsis thaliana*, that confers plant defense to a range of phytopathogenic bacteria from different genera by recognition of the Elongation Factor Tu (EF-tu) protein. We have evaluated the combination of classical potato breeding (clones with introgressed resistance genes from *S. commersonii*) and the use of genetic engineering for the transference of the *efr* gene to find qualitative resistance to bacterial wilt in potato. Ten transgenic events from INIA Iporá variety (susceptible) and ten events from a breeding clone 09509.6 (partially resistant) with EFR receptor were developed and characterized. The presence of the *efr* gene was evaluated by PCR, copy number was determined by Real time PCR and protein expression and function by Western Blot and ROS assay. The 10 genotypes INIA Iporá-EFR variety presented the *efr* gene, and expressed a functional protein whereas the copy number was from one to four copies. From Clone 09509.6-EFR, seven had the *efr* gene and five expressed a functional protein whereas copy number varied from zero to 12 copies controlled plant inoculation with *R. solanacearum* under biosafety protocols was performed and results will be presented and discussed. In conclusion, EFR-potato lines characterized could be promising genotypes for breeding for resistance to bacterial wilt.

MV 33

CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE CLONES DE PAPA EN LA COSECHA DE OTOÑO EN EL SUR DE BRASIL

Wolter D.D.¹, F.F. Cima¹, E.A. Lenz¹, T.A. Silva¹, F.Q. Azevedo², A.S. Pereira³. ¹Programa de Pós Graduação em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil. ²Analista, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil. ³Pesquisador, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.
Email: daianawolter@gmail.com

La identificación de germoplasma adaptado es importante para los programas de mejoramiento de papa, especialmente cuando proceden de diferentes acervos genéticos. En este contexto, el objetivo de este estudio fue verificar los caracteres de componentes de producción de nueve clones de papa. El experimento se llevó a cabo en el otoño de 2013 y 2014, en Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Brasil (31° 40" S, 52° 26" W; 60 m.s.n.m.). Se evaluaron los clones C91.640, C90.170, WA077/320.16 y WA104 originado a partir de Perú (CIP), Achirana de la Argentina (INTA), Atlantic (USDA Beltsville), Granola de la Alemania (Pflanzenzucht SAKA) y Pukara y Yagana del Chile (INIA). El diseño experimental fue de bloques al azar con cuatro repeticiones. Se evaluaron los caracteres de producción: masa total de tubérculos, masa de tubérculos comerciales, masa media de tubérculos comerciales, y el porcentaje de masa de tubérculos comerciales. La ANOVA reveló diferencia significativa entre los clones para todos los caracteres. El promedio de la masa total de tubérculos, los clones C91.640, C90.170 y WA.104 con más de 20 t ha⁻¹ se pusieron de relieve, al carácter masa de tubérculos comerciales de nuevo los clones C91.640 y C90.170 tenían un mejor rendimiento, por lo que respecta al peso promedio de tubérculos comerciales los clones C91.640 y Atlantic obtuvieron los valores más altos de porcentaje en masa de tubérculos comerciales por encima de 89 %. Por lo tanto, C91.640 y C90.170 los clones derivados a partir del CIP, se han adaptado a la cosecha de otoño en el sur de Brasil.

MV 34

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA PRELIMINAR DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE FRUTILLA DE INIA, URUGUAY

Arruabarrena A.¹, M. Salvo³, M. Giambiasi¹, E. Vicente¹, G. Giménez², P. Speranza⁴. ¹Estación Experimental INIA Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. ²Estación Experimental INIA Las Brujas, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. ³Laboratorio de Virología Molecular, CENUR Litoral Norte, Universidad de la República, Uruguay. ⁴Laboratorio de Evolución y Domesticación de las Plantas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.
Email: aarruabarrena@inia.org.uy

El cultivo de frutilla en Uruguay se realiza principalmente en el Litoral Norte (Salto) y en la zona Sur (San José). La primera se especializa en la producción de fruta de invierno y principios de primavera con cultivares de día corto de origen nacional y cultivo protegido. En la zona Sur la producción de fruta se concentra en primavera y verano utilizando principalmente cultivares introducidos de día neutro. En 1992 surge el Proyecto de Mejoramiento de Frutilla de INIA en la zona Sur. En 1999 se iniciaron en la zona norte cruzamientos y selección de individuos en dos ambientes: invernadero y a campo, y a partir de 2005 se realizan cruzamientos específicos para cada ambiente. Con el objetivo de conocer el efecto de las diferentes estrategias de selección y cruzamientos sobre la estructura genética del germoplasma se analizaron un total de 72 clones representativos de las tres poblaciones con marcadores moleculares. Se utilizaron 13 loci de microsatélites que originaron 98 alelos. Debido a que el genoma de la frutilla es octoploide, los datos se analizaron como marcadores dominantes. Se realizó un análisis de agrupamiento y un análisis molecular de la varianza que muestran que los programas del norte y el sur se diferencian significativamente en un 5% y que la diferenciación en el germoplasma del norte entre los dos ambientes es solo incipiente. A pesar del origen de todo del germoplasma en un único programa y de la utilización de varios progenitores comunes en ambas zonas, las decisiones tomadas en cada zona han conducido a la conformación de dos acervos genéticos diferentes.

MV 35

ANÁLISIS DE VÍA METABÓLICA Y SEÑALIZACIÓN DE GIBERELINAS EN SEGREGANTES CON FENOTIPOS CONTRASTANTES PARA TAMAÑO DE BAYA Y SEMILLA EN UVA DE MESA

Castro M.H.¹, G. Ravest¹, M. Mamani¹, S. Silva¹, R. Silva¹, C. Muñoz-Espinoza¹, P. Hinrichsen¹. ¹INIA La Platina.
Email: gravest82@gmail.com; phinrichsen@inia.cl

En uva de mesa una de las características fenotípicas más importantes en investigación es el tamaño de baya, en el cual la fitohormona giberelina juega un rol fundamental. En este trabajo se realizó una búsqueda exhaustiva de genes de la vía metabólica y de señalización de giberelinas. Para esto se utilizó información de un análisis de RNAseq de segregantes con fenotipos contrastantes para tamaño de baya del cruzamiento “Ruby Seedless” x “Sultanina”. Se identificaron 22 genes de la vía metabólica (siete VvGA20ox, cuatro VvGA3ox y 11 VvGA2ox) y 15 genes de vía de señalización (siete VvDELLA y ocho VvGID1), encontrándose expresión diferencial en los genes VvGA20ox2, VvGA20ox6, VvGA3ox4, VvGA2ox7 y VvGID1-1. Estos genes fueron posteriormente validados mediante *Real Time* PCR en tres temporadas en estados fenológicos claves del desarrollo de la baya, observándose diferencias en expresión entre el fenotipo de baya pequeña sin semilla, con los de baya grande y mediana, con y sin semilla respectivamente. Además, se realizó análisis de metabolitos en estados fenológicos claves detectándose presencia de las giberelinas bioactivas GA1 y GA4, con un desfase temporal en la producción de ambas. Este trabajo es una importante contribución para entender la determinación del tamaño de la baya mediada por giberelinas.

MV 36

IDENTIFICACIÓN DE GENES RELACIONADOS AL CONTENIDO DE AZÚCAR Y ACIDEZ TITULABLE EN UVA DE MESA (*Vitis vinifera* L.)

Mamani M.^{1,2}, J. Correa¹, G. Ravest¹, M.H. Castro¹, P. Hinrichsen¹.
¹INIA, La Platina. ²Universidad de Chile.
Email: Phinrichsen@inia.cl; Maribel.viviana@gmail.com

El contenido de azúcares simples (glucosa y fructosa) y de ácidos orgánicos (tartárico y málico) es determinante en la calidad organoléptica y el sabor de la baya de vid de mesa. Con el objetivo de identificar genes asociados con estas características, se realizó primero la construcción de un mapa genético altamente saturado usando un cruzamiento de “Ruby Seedless” x “Sultanina” (RXS; n= 138) genotipada con el chip GrapeReSeq Illumina_20K. De los 18.071 SNP genotipados, 6.363 fueron informativos. En el mapa integrado de esta población se distribuyeron 1.731 marcadores en los 19 GLs de la especie, con una cobertura total de 1.197 cM y una densidad media de 0,6 cM. Utilizando R/qlt, cinco QTLs fueron identificados para el contenido de azúcar y acidez titulable; estos QTLs explicaron 20% y 18 % de las respectivas varianzas fenotípicas. Paralelamente se realizó un estudio de expresión de genes relacionados con el metabolismo de los ácidos tartárico, ascórbico y málico, encontrando que los genes L-IDNDH1 y TK1 muestran un perfil de expresión relacionado con el momento de síntesis del ácido tartárico, además de presentar una asociación significativa con el fenotipo de alta y baja acidez, mientras que el gen PEPCK, relacionado con la degradación del ácido málico, presenta una asociación con el fenotipo de baja acidez en el estado de post-envero. En este trabajo fue posible identificar genes que presentan asociación con el fenotipo de alto y bajo dulzor y acidez. Estos resultados podrían ser la base para desarrollar herramienta de selección asistida en mejora genética de la Vid.

MV 37

GENETIC DIVERSITY USING ISSR IN CITRUS FRESH FRUIT MARKET CULTIVARS IN SANTA CATARINA - BRAZIL

Mariguele K.H.¹, A. Pereira¹, L. de Jesus Corrêa², L.A. Castilho Maro¹. ¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina, Estação Experimental de Itajaí (Epagri-EEL), Itajaí, SC, Brazil. ²Universidade Estadual de Roraima, Rorainópolis, RR, Brazil.
Email: kmariguele@hotmail.com

To quantify the degree of dissimilarity between genotypes is important to know the genetic variability available and the formation of heterotic groups. For from that, making crossings to obtain segregating populations or the formation of hybrids. Thus, the goal of this work was to study genetic diversity using ISSR of 17 citrus fresh fruit market cultivars in Santa Catarina, Brazil. Twelve ISSR markers were used: UBC 817, UBC 834C, 834T UBC, UBC 849C, 849T UBC, UBC 851C, 851T UBC, UBC 862, 864 UBC, UBC 886, UBC 868 and UBC 881. The Jaccard coefficient was used to estimate the genetic similarity between genotypes and the phenogram was obtained based on UPGMA, through the NTSYS 1.7 software. Genetic analysis showed that the similarity coefficient ranged from 0.51 between Satsuma/Blood up 1.00, between Reinaldo/Cara-cara, and Rio/Sanguinelli. Through generated dendrogram it was observed the formation of five groups. Group I consisted of all genotypes of Citrus sinensis - SCS Catarina, Souza, Sigmar, Reinaldo, Cara-cara, Moro and Sanguinelli; Group II - Fallglo and Tankan; Group III - Citrus reticulata (Oota and Ponkan), Citrus delicious (Rio) and Citrus clementine (Clemenules); Group IV - containing only the Champanha and group V - Citrus unshiu (Satsuma and Okitsu). The average values of the Shannon Index and Nei's Gene Diversity were 0.68 and 0.48, respectively. With these results, we can conclude that there is genetic variability among genotypes and it is possible to produce promising interspecific hybrids.

MV 38

PRIMER REPORTE DE LA CONSTRUCCIÓN DE UN MAPA GENÉTICO EN *Acca sellowiana* (BERG.) BURRET EMPLEANDO GENOTYPING BY SEQUENCING

Quezada M.^{1,4}, C. Pritsch¹, B. Vignale², D. Cabrera³, A.A.F. Garcia⁴. ¹Departamento Biología Vegetal, Facultad de Agronomía (UDELAR). ²Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía (UDELAR). ³Programa Fruticultura, Estación Las Brujas (INIA). ⁴Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz (USP).
Email: mquezada@usp.br

Acca sellowiana ($2n=2x=22$) es una promisoria especie frutal, considerada una especie huérfana dado que es escaso el conocimiento genético sobre ella y su incipiente uso comercial. Las estrategias de genotipado actuales, como *genotyping by sequencing* (GBS), permiten desarrollar una alta densidad de marcadores sin la necesidad de contar con información genómica previa. Estas estrategias facilitan el desarrollo de mapas genéticos saturados, herramientas que auxilian el mejoramiento genético pudiendo acelerar los ciclos de mejoramiento. El objetivo de este trabajo fue el desarrollo de marcadores de polimorfismo único (SNPs) mediante la metodología GBS y la construcción de un mapa genético saturado. El desarrollo de SNPs se realizó a partir del genotipado de una población F_1 (H_2) segregante compuesta por 160 individuos. De un total de 456.962.262 lecturas obtenidas se identificaron 12.502 SNPs empleando el *pipeline* Tassel. Análisis genotípicos utilizando el programa SuperMASSA identificaron 2.064 SNPs de alta calidad, polimórficos entre los genotipos parentales. Se construyó un mapa genético saturado e integrado de 11 grupos de ligamiento incluyendo los marcadores SNPs identificados así como información del primer mapa de la especie previamente publicado (493 marcadores AFLP, ISSR y SSR) utilizando el paquete OneMap (versión 2.0.6). El mapa obtenido será particularmente útil en la identificación de loci de caracteres cuantitativos (QTLs) para caracteres de interés relacionados con calidad de fruta y la construcción de un mapa consenso para la especie.