

RRGG 1

CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE SEIS ACCESIONES DE *Ilex paraguariensis* (Saint Hilaire) DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE *Ilex* spp.

Bubillo R.E.¹, M.J. Fernández², M.C. de la C. Domínguez Muñoz¹, D.R. Guerrero¹, R.G. Feltan¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria Cerro Azul (EEA-Cerro Azul), Argentina; ²Biofábrica Misiones S.A., Argentina.
E-mail: bubillo.rosana@inta.gob.ar

El banco de Germoplasma de *Ilex* spp. perteneciente al INTA-EEA Cerro Azul es único en Sudamérica, contando con ejemplares recolectados en Argentina, Brasil y Paraguay de las diferentes especies de *Ilex* autóctonas. Este trabajo tuvo como objetivo caracterizar molecularmente las accesiones de *Ilex paraguariensis*, la cual presenta muy alta relevancia económica en la provincia de Misiones y norte de Corrientes, con proyección a que se utilicen estas accesiones como fuentes de variación en los planes de mejoramiento genético del cultivo de yerba mate y conservar su germoplasma, ya que debido a la erosión genética del hábitat se han perdido poblaciones completas de las mismas. Se analizaron seis accesiones, A1, A27, A34, A35, A37 y A41 de *I. paraguariensis*, constituidas por 29 plantas adultas, con 12 marcadores moleculares microsatélites SSR. Los datos obtenidos fueron procesados a través del software NTSYSpc 2.01e, tomando como medida de similitud el Índice de Jaccard. En el cladograma la similitud se encuentra en el rango de 0,32 y 0,93%, presentando dos clados bien definidos; el primero compuesto por cinco individuos de la Accesoión 1 (A1P1; A1P2; A1P3; A1P4 y A1P5) únicamente, que comparten un rango de similitud del 79 al 93%. El segundo clado está conformado por individuos de todas las accesiones, incluida la Accesoión 1, presentando un rango de similitud más amplio, entre el 45 y 93%. Esto podría explicarse a que, por el hecho de ser regiones geográficamente cercanas podrían tener un origen en común.

RRGG 2

DIVERSIDAD FENOTÍPICA DE 510 POBLACIONES LOCALES DE MAÍZ (*Zea mays* L.)

Defacio R.A.¹, G.R. Pratta², S.J. Bramardi³. ¹EEA INTA Pergamino, Argentina; ²IICAR (CONICET-UNR); ³Departamento de Estadística, Universidad Nacional del Comahue.
E-mail: defacio.raquel@inta.gob.ar

El aumento de rendimiento del maíz a través del mejoramiento genético ha generado un estrechamiento de la base genética, situación que puede revertirse usando la variabilidad presente en la especie. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar la diversidad fenotípica para atributos morfo-agronómicos en 510 poblaciones locales de maíz conservadas en el Banco de Germoplasma de la EEA INTA Pergamino. Se registraron 16 variables cuantitativas y 4 cualitativas. La caracterización de las poblaciones se realizó con Análisis de Componentes Principales (ACP) para el caso cuantitativo y la caracterización cualitativa por medio del Análisis de Coordenadas Principales (ACoP). Para el análisis conjunto de ambos tipos de variables se recurrió a la técnica de Análisis Procrustes Generalizado (APG). Las dos primeras Componentes Principales explicaron el 57,4% de la variabilidad y estuvieron conformadas por variables relacionadas con altura, ciclo y caracteres de mazorca, diferenciándose 6 grupos. Las primeras dos Coordenadas Principales explicaron el 45,4% de la variabilidad, siendo posible visualizar 9 grupos de diferente conformación a los determinados por ACP. Mediante APG, se conformaron 6 grupos que mostraron mayor concordancia con su forma racial que con su origen geográfico. Como conclusión, fue posible caracterizar la diversidad fenotípica conservada en el Banco de Germoplasma de maíz mediante APG, lográndose un claro agrupamiento de 510 poblaciones locales aun cuando presentan una gran dispersión en sus atributos cualitativos y cuantitativos.

RRGG 3

CARACTERIZACIÓN FENO-GENOTÍPICA Y SIMBIÓTICA DE RIZOBIOS AISLADOS DEL COMPLEJO *Desmanthus virgatus* EN SUELOS DEL CENTRO Y NORTE DE ARGENTINA

Fornasero L.V.¹, M.A. Toniutti¹, N.E. Zuber^{1,2}, M.F. Del Papa², A. Lagares². ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral, Esperanza, Argentina; ²Instituto de Biotecnología y Biología Molecular (IBBM), Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.
E-mail: lforfnase@fca.unl.edu.ar

Las leguminosas forrajeras nativas presentan un gran potencial productivo, siendo un ejemplo de ellas el complejo taxonómico *Desmanthus virgatus* de amplia distribución en el centro y norte de Argentina. Las bacterias simbiotas de plantas nativas representan una fuente importante de recursos genéticos para el desarrollo agropecuario sustentable de nuestro país. El objetivo de este trabajo fue realizar una caracterización fenotípica, genotípica y simbiótica de rizobios noduladores del complejo *D. virgatus*. Para ello, se estableció una colección de 65 aislamientos recuperados de suelos de Santa Fe, Jujuy y Corrientes. Se analizaron las características fenotípicas culturales y la tolerancia a estreses abióticos que incluyeron pH extremos, salinidad y altas temperaturas. El análisis de la biodiversidad genética se realizó a través de técnicas de *fingerprinting* de DNA por métodos de PCR. Posteriormente, se evaluaron las características simbióticas de los aislamientos en ensayos de inoculación de plantas en cámara de cultivo. Los rizobios noduladores mostraron una marcada diversidad fenotípica y genotípica, y se hallaron simbiotas con capacidad de crecimiento en condiciones que se consideran adversas y que sugieren una mayor flexibilidad fisiológica y capacidad de adaptación al ambiente. Los ensayos de plantas evidenciaron rizobios con muy buena capacidad potencial de fijación biológica de nitrógeno. La colección de simbiotas locales representa un recurso muy valioso para ser explorado de modo sistémico en programas de selección de rizobios inoculantes de *D. virgatus*.

RRGG 4

USO DE LA BIODIVERSIDAD GENÉTICA EN LA AGRICULTURA FAMILIAR

Maggio P.¹, M.B. Corbalán Gervasoni¹, S. Felgueras², D. Cohn², S. Virginillo², F. Pantuso^{1,2}. ¹Departamento de Tecnología, Universidad Nacional de Lujan, Buenos Aires, Argentina; ²Escuela de Agronomía, Universidad del Salvador, Campus Nuestra Señora del Pilar, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: ingvirginillo@gmail.com

La conservación y utilización sustentable de los recursos genéticos es una herramienta fundamental para preservar la biodiversidad. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la adaptación de poblaciones nativas de maíz dulce para su utilización en la agricultura familiar. El presente trabajo se desarrolló durante tres campañas agrícolas (2015/16 hasta 2017/18), en el campo experimental de la Universidad de Lujan, con la regeneración y evaluación de cuatro materiales del BAG del INTA Pergamino y dos variedades comerciales de maíz dulce. La siembra se realizó a mano, en surcos distanciados a 0,52 m, y una distancia entre plantas de 0,25 m en la última semana de septiembre. Se realizaron distintos cruzamientos con el propósito de ampliar la diversidad genética existente en los materiales. Los materiales evaluados presentan ciclos intermedios (80 ± 9 días) y largos (154 ± 12 días). Al analizar la altura de planta se observó una relación directa entre esta y el largo del ciclo alcanzando plantas de 188 ± 23 cm en los ciclos largos y 117 ± 11 en los ciclos cortos. La altura inserción de espiga estuvo entre los 34,5 y 69,3 cm. En todos los casos el color del grano fue blanco y la textura rugosa correspondiente a los maíces dulces (*Su*). El largo de espigas promedio fue de $14,27 \pm 2,1$ cm, y el diámetro fue de $4,25 \pm 0,64$ cm. El período de cosecha fue de 16 días. Se concluye que el material evaluado presenta una amplia diversidad genética, necesaria para continuar con el proceso de mejoramiento, siendo las características de los materiales utilizados de gran utilidad para ser empleados en huerta de agricultura familiar.

RRGG 5

DISEÑO DE ZONAS DE TRANSFERENCIA DE GERMOPLASMA DE *Trichloris crinita* FRENTE AL CAMBIO CLIMÁTICO

Marinoni L.^{1,2}, J.M. Zabala¹, M. Parra Quijano³, J.A. Giavedoni¹, P.A. Tomas¹, J.F. Pensiero^{1,2}. ¹Programa de Documentación, Conservación y Valoración de la Flora Nativa, Universidad Nacional del Litoral; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia.
E-mail: lmarinoni@fca.unl.edu.ar

Las zonas de transferencia de semillas (STZ) son áreas geográficas dentro de las cuales semillas de una población pueden ser trasladadas con un mínimo riesgo de no adaptación, siendo una estrategia valiosa ante el panorama de cambio climático. En el presente estudio se evaluó el impacto del cambio climático en la distribución de *Trichloris crinita* en Argentina, identificando las posibles fuentes de germoplasma y sus correspondientes destinos futuros, proponiendo un enfoque ecogeográfico basado en mapas de Caracterización Ecogeográfica del Territorio (ELC) para el establecimiento de SZT. Se desarrollaron modelos de distribución de *T. crinita* para el presente y proyectados para el año 2070 con un escenario de emisiones pesimista, promedio de diversos modelos de circulación global. Se utilizaron variables bioclimáticas, edáficas y geofísicas, aunque sólo las primeras se modifican en la proyección a futuro. Adicionalmente se generaron mapas ELC con las variables ecogeográficas para presente y futuro, manteniendo la homología de las categorías ecogeográficas. Los resultados revelaron zonas de riesgo por reducción de la distribución a futuro, y nuevos nichos para la especie. A futuro, dejarán de estar representadas algunas categorías ecogeográficas en la zona de riesgo, mientras que otras nuevas estarán disponibles. De las categorías análogas actuales de las que se dispone información de ocurrencia, sólo existe germoplasma conservado de algunas de ellas. Será necesario identificar y priorizar sitios de colecta para garantizar el resguardo de la diversidad genética de la especie y disponer de germoplasma para programas de mejora para nuevos nichos.

RRGG 6

CONSERVACIÓN *EX SITU* DE LOS RECURSOS FITOGENÉTICOS EN EL INTA

Rosso B.S. EEA INTA Pergamino.
E-mail: rosso.beatriz@inta.gov.ar

La Red de Recursos Fitogenéticos (<https://inta.gov.ar/proyectos/REDGEN-1137021>) enmarcada en la Red de Recursos Genéticos del INTA, comprende conservación *ex situ* de germoplasma vegetal en forma de semilla, *in vitro* y a campo, de las principales especies vegetales cultivadas en la República Argentina, incluyendo sus parientes silvestres. Incluyen especies introducidas y nativas de cereales, oleaginosas, hortícolas, frutales, forrajeras en industriales. Las colecciones se utilizan para la reintroducción de especies/poblaciones en comunidades rurales, como fuente de recursos para el mejoramiento genético, la re-vegetación de sitios degradados y el uso industrial. Están distribuidas en Estaciones Experimentales ubicadas en diversas áreas agroecológicas y estrechamente relacionadas con la agricultura y la alimentación. Las entradas conservadas comprenden a poblaciones silvestres, variedades tradicionales, razas locales, variedades obsoletas y especies emparentadas. Los datos se encuentran disponibles en un formato diseñado por el INTA en <http://redgen.inta.gov.ar/site/index.php/fitogeneticos/index>. Con las actividades desarrolladas por más de 30 años se ha contribuido a estudiar la variabilidad existente en el germoplasma conservado, a fin de lograr que la diversidad genética se encuentre disponible para la sociedad en su conjunto. La ratificación del Tratado Internacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (*TIRFAA*) refuerza la necesidad de fortalecer la conservación del germoplasma.

RRGG 7

RECURSOS GENÉTICOS: CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE RIZOBIOS NODULADORES DE *Macroptilium lathyroides* EN SUELOS DE CORRIENTES Y SANTA FE

Zuber N.E.^{1,3}, L.V. Fornasero¹, M.A. Toniutti¹, B.S. Trod². ¹FCA, Universidad Nacional del Litoral, Argentina; ²FBCB, Universidad Nacional del Litoral, Argentina; ³IBBM-CONICET, Universidad Nacional de La Plata, Argentina.
E-mail: nezuber@gmail.com

En la producción ganadera extensiva, las leguminosas forrajeras son la fuente principal de nitrógeno de la dieta animal. Actualmente la ganadería argentina se está desplazando hacia zonas marginales para la producción, donde las leguminosas adaptadas son escasas. Una estrategia es la introducción de especies leguminosas nativas con reconocido potencial forrajero, adaptadas a nuestras condiciones. Sin embargo, una limitación en el establecimiento es una simbiosis eficiente con rizobios noduladores. El objetivo de este trabajo fue el estudio, análisis y caracterización fenotípica y genotípica de los rizobios que nodulan a *M. lathyroides* en suelos de las localidades de General Obligado (Santa Fe) y Santo Tomé (Corrientes). Se recolectaron nódulos radicales de plantas trampa que crecieron en macetas con los suelos argentinos. Las bacterias dentro de los nódulos fueron aisladas, purificadas y caracterizadas fenotípicamente. La caracterización genotípica se llevó a cabo mediante el análisis de los productos de amplificación de ADN total de los aislamientos. La estructura genómica de los rizobios fue examinada a través de *fingerprints* de ADN, los cuales se realizaron empleando el cebador BOXA1R y se compararon con cepas de referencia caracterizadas. Se estableció una colección de 19 aislamientos que presentaron diversas tolerancias a estreses abióticos y grupos metabólicos genéticamente diferentes a las cepas de referencia. Existe un germoplasma nativo muy diverso en la colección, poco estudiado, que podría considerarse en programas de producción de inoculantes forrajeros.

RRGG 8

VARIABILIDAD DE LOS LINAJES MATERNOS EN YERBA MATE (*Ilex paraguariensis* ST. HIL.)

Paiva D.I.¹, J. Cascales², M.E. Gauchat¹, R.A. Scherer³, A.M. Gottlieb². ¹EAA-INTA Montecarlo, Misiones, Argentina; ²LACyE, Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEN-UBA, IEGEBA (UBA-CONICET), Argentina; ³Pindo S.A., Pto. Esperanza, Misiones, Argentina.
E-mail: paiva.daniela@inta.gov.ar

La yerba mate es una planta dioica cuyo genoma cloroplastídico se hereda maternalmente. En este trabajo se analizó la variabilidad cloroplastídica de materiales cultivados y silvestres como parte de la caracterización molecular exhaustiva del cultivo. Se emplearon 5 marcadores microsatélite especie-específicos para estudiar 41 plantas de yerba mate; 33 provenientes de 3 yerbales productivos de las provincias de Misiones y Corrientes, y las restantes representan distintas locaciones silvestres de Argentina, Brasil, Paraguay y Uruguay. Las bandas fueron identificadas en geles de poliacrilamida de alta resolución desnaturalizantes (6% p/v). El número de alelos detectados por *locus* fue bajo (rango: 1-3, media: 2/*locus*), y la frecuencia del alelo predominante fue de 0,1; 0,1; 0,93; 0,8 y 0,55. Las plantas cultivadas que corresponden a 4 grupos determinados por marcadores biparentales dominantes, representan 5 haplotipos maternos (frecuencia: 0,03-0,67). No se halló una asociación evidente entre los datos plastídicos y nucleares, lo cual era esperado ya que tienen fecundación cruzada. La preponderancia de un linaje podría explicarse por el intercambio de germoplasma entre zonas productoras. Para las 8 plantas silvestres se detectaron 6 linajes (frecuencia: 0,12-0,25); esta mayor variación estaría fundamentada en los diversos orígenes geográficos de las muestras. No obstante, entre Tacuarembó, Lavalleja y la Provincia de Misiones hay, al menos 2 haplotipos compartidos. Se espera que un mayor número de *loci* y plantas permitan acrecentar el conocimiento de la variabilidad cloroplastídica.

RRGG 9

PROPUESTA DE UN ENFOQUE ESTADÍSTICO PARA SELECCIONAR CLONES DE BANANA A PARTIR DE UN DISEÑO AUMENTADO, TENIENDO EN CUENTA LA VARIABILIDAD GENÉTICA

Del Medico A.P.¹, J.L. Ermini¹, G. Tenaglia⁴, M.S. Vitelleschi², A. Lavalle³, G. R. Pratta¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET/UNR, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas de la Escuela de Estadística (IITAE), CIUNR/UNR, Argentina; ³Departamento de Estadística, Universidad Nacional del Comahue, Argentina; ⁴Instituto de Investigación y Desarrollo Tecnológico para la Agricultura Familiar (IPAF), INTA, Argentina.
E-mail: delmedico@iicar-conicet.gob.ar

En el corto plazo, la selección de los mejores clones de banana (*Musa* spp., de reproducción asexual) se ve limitada por no contar con el número adecuado de repeticiones para estimar la variabilidad genética con métodos tradicionales. Una estrategia es emplear el diseño aumentado, contando sólo los testigos con repeticiones. El objetivo fue proponer un enfoque de análisis estadístico que permita seleccionar los mejores clones a partir de un diseño aumentado teniendo en cuenta la variabilidad genética. En 40 clones de banana y 4 testigos, se evaluaron 11 caracteres fenotípicos relacionados con la aptitud agronómica. Con los datos de los testigos, se calculó la heredabilidad en sentido amplio (H^2) para cada carácter. Se realizó un Análisis Cluster (AC) Jerárquico con las distancias euclídeas y el método de Ward, incluyendo a todos los genotipos. Integrando ambos análisis, se determinó el número adecuado de grupos, que fueron comparados por ANOVA. La H^2 fue significativa para pesos del raquis y de la mano, siendo el testigo 4 el que se diferenció de los demás. Por AC, el número adecuado de grupos fue 3, encontrándose el testigo 4 en el 1 y los demás en el 3. Por ANOVA se detectaron diferencias significativas entre grupos para todos los caracteres, excepto diámetro de la segunda mano. En los grupos 1 y 2 se encontraron clones con mejor aptitud agronómica. El enfoque propuesto tuvo en cuenta la variabilidad genética y permitió seleccionar los clones más promisorios para construir una variedad sintética, optimizando el uso de la información provista por el diseño aumentado.

RRGG 10

ANÁLISIS DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN UNA COLECCIÓN DE GERMOPLASMA DE *Vasconcellea quercifolia* MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES ISSR

Cerino M.C.^{1,2}, P.A. Tomas¹, G.D.L. Cervigni², E. Carrillo¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Esperanza, Santa Fe, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
E-mail: patomas@fca.unl.edu.ar

Vasconcellea quercifolia (mamón del monte) es una especie nativa ampliamente distribuida en el centro-norte de Argentina. Constituye un potencial recurso forestal no maderero, sus frutos presentan excelentes propiedades organolépticas, su látex posee propiedades industriales y es fuente de resistencia a virus de importancia para el cultivo de papaya. El objetivo del estudio fue caracterizar la variabilidad genética en una colección de germoplasma de esta especie mediante el uso de marcadores moleculares. Se analizaron 50 genotipos procedentes de seis poblaciones mediante siete *primers* ISSR, los que fueron seleccionados en previa prueba de eficiencia y repetibilidad. Se calculó la distancia genética entre materiales mediante el coeficiente de Jaccard y se generó el dendrograma correspondiente mediante el algoritmo UPGMA. La proporción de fragmentos amplificados polimórficos fue baja y se observó reducida diversidad genética, incluso entre poblaciones geográficamente distantes. En el dendrograma, los genotipos no conformaron agrupamientos definidos y no se conglomeraron de modo concluyente de acuerdo a su procedencia. A pesar de ello, fue posible identificar poblaciones que resultaron claramente diferenciables entre sí para los marcadores empleados. Ante la baja diversidad genética de la colección se considera relevante ampliar el número de colectas desde sitios distantes a los analizados. Se remarca la necesidad de ampliar el número de *primers* o incorporar otras técnicas moleculares para poder profundizar en la caracterización de la variabilidad de este recurso fitogenético.