

ESPACIO JOVEN

YOUTH SPACE

ESTUDIOS DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN *Panicum coloratum* L. FRENTE A CONDICIONES DE ESTRÉS COMBINADO DE SALINIDAD–ANEGAMIENTO

Lifschitz M. Asesor privado. E-mail: mauroelif@hotmail.com

En la Argentina, la ganadería actual se desarrolla en ambientes con limitantes edafo-climáticas, entre ellas, suelos de moderada a alta salinidad combinada con períodos de anegamiento. Numerosas especies forrajeras han sido introducidas con el objetivo de incrementar la oferta en estos ambientes, entre ellas, *Panicum coloratum*, una gramínea subtropical. El objetivo de este estudio fue evaluar en dos variedades botánicas de esta especie, var. *makarikariense* y var. *coloratum*, la respuesta a condiciones de salinidad, hipoxia y su combinación. Se estudiaron las respuestas fisiológicas y oxidativas, así como también los cambios en la morfología y acumulación de biomasa aérea y radicular, en un sistema de hidroponía. Para la mayoría de los caracteres, no se observaron diferencias en los efectos observados en condiciones de salinidad y salinidad e hipoxia combinados. La variedad *makarikariense* resultó más tolerante a condiciones de salinidad que la variedad *coloratum*. Luego, se estimó la variabilidad genética y el avance por selección mediante selección fenotípica individual (SFI) y selección genotípica por prueba de progenie (SGPP). El método más eficiente difirió entre variedades. La SFI sería más exitosa en la variedad *coloratum* mientras que, SGPP en la variedad *makarikariense*. Los resultados muestran que sería posible incrementar la tolerancia a estrés combinado en *Panicum coloratum*.

IDENTIFICACIÓN DE QTL QUE CONTROLAN CARACTERES DEL FRUTO EN TOMATE POR SECUENCIACIÓN DE GRUPOS DISCREPANTES

Vazquez D.V. Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET–UNR, Santa Fe, Argentina. E-mail: vazquez@iicar-conicet.gob.ar

La forma del fruto es clave en el cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Como la mayoría de los estudios se centran en la dirección próximo–distal, propusimos identificar nuevas regiones genómicas que controlan la forma del fruto en dirección medio–lateral. Examinamos la diversidad para forma de frutos en la dirección medio–lateral en 183 accesiones de tomate y encontramos que los genes *LC* y *FAS* no eran suficientes para explicar la variabilidad para el carácter grado de irregularidad (GI). El cultivar Voyage presentó carpelos no fusionados, estando asociado dicho carácter al GI. Desarrollamos poblaciones F_2 cruzando cultivares divergentes para el GI y tipo de carpelos (TC), donde no segregaban *LC* y *FAS* (Yellow Stuffer x Heinz 1439 [F_2 YSxH] y Voyage x Old Brooks [F_2 VxOB]). Por *QTL-seq* se detectaron tres regiones genómicas asociadas al TC en los cromosomas (Cr) 3, 6 y 10. Sin embargo sólo los marcadores moleculares de la región del Cr 6 entre 40,98 y 44,17 Mb estuvieron asociados al TC. El fenotipo fusionado fue dominante sobre el no fusionado, y se encontró herencia epistásica monogénica o digénica en dos experimentos independientes. Para el GI se identificó un *QTL* en el Cr 8 en ambas F_2 , que se validó en F_2 YSxH mediante mapeo de intervalos y representó ~17% de la variabilidad fenotípica. Otros dos *QTLs* epistásicos localizados en los Cr 6 y 11 explicaron ~61% de la variabilidad en F_2 VxOB. Este trabajo representa un estudio original que mapea los caracteres GI y TC en tomate y aporta nuevas evidencias a las bases genéticas de la forma fruto en el plano medio–lateral.

ESTABLECIMIENTO DE RELACIONES DE CRUZABILIDAD Y GENÓMICAS EN EL GERMOPLASMA SILVESTRE DE MANÍ

García A.V. Instituto de Botánica del Nordeste, UNNE-CONICET, Corrientes, Argentina. E-mail: alevanina.g23@gmail.com

El uso de especies silvestres de *Arachis* en el mejoramiento del maní es limitado debido al poco conocimiento sobre su biología reproductiva y sobre los factores que influyen en la capacidad de hibridación y producción de descendencia viable y fértil. El objetivo fue analizar las relaciones de cruzabilidad entre especies de la sección *Arachis* y algunos de los factores que pueden condicionarla. Se trabajó con un diseño dialélico de 30 cruzamientos interespecíficos entre seis especies con diferentes genomas (AA, BB, y KK), ciclos reproductivos y constitución cariotípica. Se analizó la efectividad de hibridación (EH) en función de las eficacias reproductivas (ER) de cada especie, distancias genéticas (DG) pareadas de los progenitores estimadas por SNPs (48K), la homología cromosómica en meiosis (frecuencia de bivalentes, FB) y la viabilidad gamética (VP) de los híbridos F_1 . La EH entre pares de especies estuvo influenciada por las diferencias en los sistemas reproductivos de los parentales, combinación genómica y dirección del cruzamiento. Si bien las diferencias en la homología cromosómica y la distancia genética influyeron en la VP de forma directa, la correlación (significativa) es débil. La baja correlación entre la DG y la EH y FB/VP evidencia que las diferencias genómicas y cromosómicas sólo explican parcialmente el aislamiento reproductivo postcigótico. Los datos sugieren que las variaciones en el sistema reproductivo, así como otras barreras precigóticas o postcigóticas tempranas afectan significativamente la EH en algunas de las combinaciones parentales.

INFLUENCIA DEL TAMAÑO POBLACIONAL Y DEL FLUJO GÉNICO SOBRE LA VARIABILIDAD GENÉTICA: SIMULACIONES COMO HERRAMIENTA PARA SU ANÁLISIS

López Hermann F.A. Laboratorio de Genética de Poblaciones y del Paisaje, Instituto de Biología Subtropical – Nodo Posadas, UNaM – CONICET, Misiones, Argentina. E-mail: fatimalopezhermann0@gmail.com

Las simulaciones computacionales son un medio eficaz para evaluar los principios de genética de poblaciones ya que proporcionan conjuntos de datos que permiten explorar aquello que las ecuaciones predicen. Mediante la implementación de simulaciones computacionales y contrastando con datos empíricos obtenidos a partir de un repositorio de acceso abierto se analizaron los efectos de los cambios del tamaño poblacional y de los niveles de flujo génico sobre la variabilidad genética y los niveles de endocría. Se simularon cuatro escenarios combinando dos tamaños poblacionales ($N=100$ y $N=20$) y dos tasas de migración ($m=0,5$ y $m=0,005$), se tomó una muestra de 180 individuos para cada uno repitiéndose este proceso 100 veces. A partir de estos *pseudodatos* y de los datos empíricos se caracterizó y cuantificó la diversidad genética, se analizaron patrones de variabilidad genética y se estimó el tamaño efectivo poblacional. Las relaciones entre los parámetros de ambos conjuntos de datos se representaron mediante un análisis de componentes principales donde el 82,28% de la variabilidad se resumió en los primeros dos componentes, el 1^{er} componente agrupó a las poblaciones de acuerdo a la tasa de migración y el 2^{do} componente separó las poblaciones simuladas de las empíricas. El flujo génico mostró un rol preponderante sobre la variabilidad genética en ambos conjuntos de datos pudiendo establecerse que las simulaciones son una herramienta apropiada para testar parámetros poblacionales y evaluar el posible impacto de los procesos microevolutivos en poblaciones empíricas.

ESTRATEGIAS DE ANÁLISIS DE PROGENIES OBTENIDAS DE CRUZAMIENTOS INTERESPECÍFICOS CON MADRES DIPLOIDES AUTOESTÉRILES DE *Paspalum indecorum* y *P. notatum*

Rosas Rios M.P. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNaM, nodo Posadas, FCEQyN, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: mp.rosasrios@gmail.com

Paspalum es un género que presenta especies nativas con calidad forrajera y amplio rango de adaptabilidad ecológica. Poseen el número básico $x=10$; los diploides son sexuales auto-estériles y los poliploides se reproducen por apomixis y son pseudógamos. *Paspalum notatum* y *P. indecorum*, con citotipos diploides autoincompatibles, se utilizaron como parental materno en cruzamientos con *P. conduplicatum*, *P. bertonii*, *P. denticulatum*, *P. chacoense* y *P. pumilum*. Además, se analizó la progenie intraespecífica de una introducción triploide de *P. indecorum* e introducciones diploides. El carácter híbrido de la progenie se detectó mediante conteos cromosómicos clásicos, análisis de citometría de flujo y marcadores morfológicos indicadores de paternidad en el híbrido. El resultado de algunos de los cruzamientos interespecíficos fue la autofecundación debido a un fenómeno llamado *efecto mentor*, una posible herramienta para la obtención de líneas homocigotas en mejoramiento genético. Los híbridos resultantes presentaron nivel de ploidía uniforme y fertilidad baja a moderada. En la progenie intraespecífica de *P. indecorum* se reportaron 16 individuos diploides, seis triploides y uno hiper-aneuploide con $2n = 34$ cromosomas. Los rasgos morfológicos identificadores del progenitor masculino, el número cromosómico y la citometría de flujo constituyeron estrategias adecuadas de análisis para detectar a los híbridos en la progenie interespecífica y caracterizar genéticamente a la progenie intraespecífica.

NÚMEROS CROMOSÓMICOS Y FERTILIDAD DE ALGUNAS ESPECIES DEL GRUPO NOTATA DE *Paspalum* L. (PASPALAEAE, PANICOIDEAE, POACEAE)

Escobar L.M. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical, CONICET-UNaM, nodo Posadas, FCEQyN, UNaM, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: lucasmescobar17@gmail.com

Paspalum es un género de gran interés que incluye especies nativas con calidad forrajera y amplio rango de adaptabilidad ecológica. La mayoría posee el número básico $x=10$; generalmente los diploides son sexuales auto-estériles y los poliploides son apomícticos y pseudógamos. Se estudiaron cromosómicamente accesiones de ocho especies del grupo Notata, en las que se determinó el nivel de ploidía a través de técnicas de tinción convencional y citometría de flujo. También se estimó la fertilidad de semillas, se analizaron caracteres morfológicos y se realizó un análisis citogeográfico de las accesiones. Se registraron diploides, triploides, tetraploides, pentaploides, hexaploides y octoploides entre las 94 accesiones estudiadas procedentes de Argentina, Brasil y Paraguay. *Paspalum barretoii* fue $2n=2x=20$, autoincompatible con baja producción de semillas en autopolinización. Los ejemplares de *P. nummularium* fueron diploides ($2n=2x=20$). *P. subciliatum* fue $2n=3x=30$. Las accesiones de *P. cromyorrhizon* fueron $2n=4x=40$. Por primera vez se presenta el citotipo hexaploide ($2n=6x=60$) para *P. ellipticum*. Las accesiones de *P. ionanthum* presentaron dos niveles de ploidía, $2n=4x=40$ y $2n=8x=80$, y ambos produjeron semillas. *Paspalum lineare* resultó octoploide con $2n=8x=80$. Entre las procedencias de *P. notatum*, se encontraron diploides $2n=2x=20$ y tetraploides $2n=4x=40$, con altos valores de fertilidad en producción de semillas. La caracterización cromosómica del germoplasma de *Paspalum* realizada servirá para el futuro diseño de cruzamientos y la conservación de semillas.