

**GV**

**GENÉTICA  
VEGETAL**

**PLANT  
GENETICS**

## GV 1

**ANÁLISIS DE VARIABILIDAD Y RELACIONES GENÉTICAS EN GERMOPLASMA DE GARBANZO (*Cicer arietinum* L.) MEDIANTE MARCADORES SSR**

Delgado R.P., M.M. Sosa, M.J. Allende, M.I. Pocovi. Facultad de Ciencias Naturales, CIUNSA, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina. E-mail: romi.delgado88@gmail.com

La colección de germoplasma de la Universidad Nacional de Córdoba reúne accesiones que incluyen variedades locales, líneas y cultivares argentinos, así como materiales de centros internacionales (ICARDA; IFAPA-UCO). Caracterizar molecularmente el germoplasma optimizará su uso en el programa de mejoramiento. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la variabilidad y relaciones genéticas entre 49 genotipos promisorios a partir de datos de 26 SSR. Se estimó: porcentaje de loci polimórficos, número de alelos por locus, número promedio, número efectivo de alelos y contenido de información polimórfica (PIC). La clasificación, por el método UPGMA, y el ordenamiento, por Análisis de Coordenadas Principales (ACoP), se llevaron a cabo a partir de una matriz de distancia de Prevosti. Se obtuvo un 92,3% de loci polimórficos y un total de 126 alelos, variando el número de alelos de uno a nueve en los distintos loci. Si bien la media del número de alelos fue 4,85, el número efectivo medio fue 3,55. El valor PIC osciló entre 0 y 0,841, siendo 16 de los SSR analizados altamente informativos ( $PIC > 0,5$ ). El valor medio de distancia entre pares de accesiones fue 0,59. En el dendrograma se observan dos *clusters*, uno incluye RILs de IFAPA-UCO derivadas de un mismo cruzamiento, y en el otro RILs de IFAPA-UCO procedentes de otro cruzamiento, materiales de ICARDA y líneas y cultivares argentinos. Esta clasificación coincide con el ordenamiento de las accesiones al proyectarlo sobre la CP1 a pesar de que la misma sólo explica un 11,9 % de la variabilidad total. Se evidencian altos niveles de variabilidad genética en los materiales.

## GV 2

**EFFECTO DE DISTINTOS AMBIENTES SOBRE CARACTERES PRODUCTIVOS Y NUTRICIONALES EN GENOTIPOS DE LENTEJA (*Lens culinaris* Medik)**

Palacios Martínez L.T., F. Guindón, F. Maglia, E. Cointry, C. Bermejo. Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. E-mail: palaciostatiana72@gmail.com

El cultivo de lenteja, *Lens culinaris* Medik, es de gran valor por su alto contenido nutricional, sin embargo, su base genética estrecha genera pobre adaptación al cambio ambiental. A fin de identificar genotipos con alta calidad nutricional y adaptados a distintos ambientes, se evaluaron siete variedades de tipo macrosperma: Silvina (testigo comercial), 16a (ICARDA) y RILs derivadas del programa de mejora de la UNR, caracterizadas por presentar mayor contenido de hierro que Silvina. Se sembraron en un DBCA con dos repeticiones en cuatro ambientes (A): fecha de siembra temprana sin y con inoculante (A1 y A3, respectivamente), fecha de siembra tardía sin y con inoculante (A2 y A4, respectivamente). Se evaluó: DF (días a floración), AP (altura de planta), NVP y NSP (Nº de vainas y de semillas/planta), C (calibre de grano),  $P_{100}$  (peso 100 granos), R (rendimiento/planta), V/L (relación Vicilina/Legumina), P (porcentaje proteico), F (contenido de fenoles), T (contenido de taninos), AF (contenido de ácido fítico), TC (tiempo de cocción),  $ABH_2O$  (% absorción de agua). Se realizó un ANOVA con el *software* Infogen para todas las variables. Se observó interacción genotipo-ambiente en las variables R, P, F, T, AF y  $P_{100}$ , efecto ambiental en NVP, NSP, C, y efecto de genotipo en los caracteres restantes. Se realizó un análisis GGE biplot para R y P y se destacaron las variedades 57a en A2 y A4 y 16a en A1 y A3. Las variedades 58a y 59a presentaron un R estable y los mayores valores de P en fechas tardías siendo potenciales candidatas para ser usadas en ambientes más desfavorables o extremos.

## GV 3

### AVANCES EN LA CARACTERIZACIÓN DEL ALGODÓN TRANSGÉNICO PORTADOR DE SECUENCIAS QUE INTERFIEREN CON LA SÍNTESIS DE ALFA AMILASA ESPECÍFICA DE *Anthonomus grandis* Boheman

Gonzalez A.J.<sup>1</sup>, M.A. Tcach<sup>1</sup>, L.M. Klein<sup>1</sup>, M.V. Spoljaric<sup>1</sup>, M.D. Turica<sup>2</sup>, L. Maskin<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agropecuaria, Sáenz Peña, CR Chaco Formosa, INTA, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Genética Ewald A. Favret, CICVyA, INTA, Castelar, Argentina. E-mail: gonzalez.ariela@inta.gov.ar

El picudo del algodónero, *Anthonomus grandis* Boheman, es considerado una “super plaga”, lo que se debe en parte a su alta capacidad reproductiva y las numerosas generaciones que se producen en un ciclo agrícola. Para abordar su avance se propuso realizar la transformación genética de algodón mediada por *Agrabacterium thumefaciens* sobre genotipos Coker 312. Se obtuvieron así, plantas de algodón transgénicas, portadoras de una construcción génica que interfiere con la enzima alfa amilasa, presente en el intestino del insecto (interferencia mediada por ARN). Luego de confirmar por PCR la presencia del transgén en la generación T<sub>0</sub>, la descendencia T<sub>1</sub> fue sembrada en invernáculo en dos localidades; el análisis PCR evidenció 60% de positividad para el inserto, pero algunas de ellas no dejaron descendencia pudiéndose cosechar un 56% de la generación T<sub>2</sub>, indicando así, una posible segregación del mismo. En el año 2021, luego de obtener los permisos de CONABIA, se realizó la siembra del material regulado (PCR positivo), generación T<sub>2</sub>, dispuestos en 47 líneas consideradas como eventos independientes, que se están analizando por PCR. Dada la aparición de la plaga en el lote, pudieron observarse características diferenciales en cuanto a la presencia de larvas (mínimo 0; máximo 46), pimpollos recolectados (mínimo 0; máximo 64) y capullos cosechados (mínimo 8; máximo 72) por línea. Luego de la campaña se cosecharon las semillas de la generación T<sub>3</sub> de todas las líneas sembradas. Así se superó la barrera de pérdida de fertilidad, observada en plantas transgénicas y se observaron líneas promisorias.

## GV 4

### CARACTERIZACIÓN DE UN ARNlnc EN LA RESPUESTA A *Fusarium graminearum* Schwabe EN ESPIGAS DE TRIGO CANDEAL

Díaz M., D. Soresi, A. Carrera. Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, UNS y CERZOS (CONICET-UNS), Buenos Aires, Argentina. E-mail: mldiaz@criba.edu.ar

Los ARN largos no codificantes (ARNslnc) (>200 nt) son transcriptos con un rol clave en la respuesta a estreses bióticos y abióticos en plantas. En trigo candeal nuestro grupo identificó previamente ARNslnc diferencialmente expresados en genotecas de espigas inoculadas con *Fusarium graminearum* Schwabe de la variedad susceptible Langdon (LN) y de la línea resistente Langdon(Dic-3A)<sup>10</sup> (LND). El objetivo fue la caracterización del ARNlnc STRG.838404.1, debido a que el mismo se localiza en el segmento introgresado del cromosoma 3A de LND (Qfhs.ndsu-3AS), responsable de la resistencia. Se utilizó como referencia el genoma del cv. Svevo y se analizó mediante qRT-PCR su expresión en espigas infectadas a las 0, 6, 48 y 72 h post-inoculación en ambos genotipos. Se determinó que el mismo tiene una longitud de 316 nt y se encuentra en antisentido en el segundo intrón del gen de la anquirina, insertado junto a un retroelemento. Se identificaron además copias adicionales de STRG.838404.1 en los cromosomas 6A y 4A. El análisis de la expresión mostró que este ARNlnc está inducido significativamente a las 6, 48 y 72 h en LND, que existen diferencias significativas entre los distintos tiempos post-inoculación en LND y que el valor máximo de expresión se da a las 6 h. En LN no se detectó expresión. Concluimos que STRG.838404.1 forma parte de la respuesta a *F. graminearum* en el genotipo resistente, siendo más significativa su participación en las primeras horas desde el ingreso del patógeno. Este ARNlnc se suma a la lista de genes candidatos para la resistencia conferida por Qfhs.ndsu-3AS.

## GV 5

## EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES EN RESPUESTA A LA INFECCIÓN CON *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. EN GENOTIPOS CONTRASTANTES DE SOJA

Pardo E. M.<sup>1</sup>, S. Reznikov<sup>1</sup>, J. Bleckwedel<sup>1</sup>, R. Maldonado<sup>2</sup>, M.A. Chiesa<sup>2</sup>. <sup>1</sup>ITANOA (CONICET-EEAOC), Las Talitas, Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>IICAR (CONICET), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: mchiesa@unr.edu.ar

La Podredumbre Carbonosa (PC) de la raíz de la soja, causada por *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. es una enfermedad muy destructiva en el Noroeste Argentino (NOA) y gran parte de la región núcleo. Aunque el método más eficaz de control de la PC sería la resistencia genética, hasta el momento no se identificaron genes de resistencia en genotipos comerciales de soja. En este contexto, el objetivo fue identificar genes que se expresen diferencialmente a través de una caracterización masiva del transcriptoma en una variedad resistente, R (MunasqaRR), en comparación con otra susceptible, S (DM6.2iRR), en respuesta al patógeno. Para ello, se infectaron plántulas de ambos genotipos bajo condiciones controladas y a partir de ARNm extraído luego de 72 h del inicio de los tratamientos (T) se secuenciaron los transcriptomas mediante MACE (con los respectivos controles y réplicas). Se obtuvieron en promedio 14 millones de lecturas por muestra, 70% representan ARNm y 3% ARNr, el resto no fueron asignadas. Un 98% de las lecturas asignadas fueron mapeadas en el genoma de referencia de la soja. La calidad las lecturas y nucleótidos por fragmentos fue óptima. El análisis de componentes principales (CP) y el mapa de calor global demostraron una diferencia clara entre los T y genotipos (CP1 47%, CP2 23%). Los diagramas de volcán y de dispersión representaron el cambio en la expresión de genes entre cada T vs. su control y las variedades R vs. S. De un total aproximado de 46.000 genes mapeados, se identificaron 1.953 expresados diferencialmente (GED) en MunasqaRR y 1.472 en DM6.2iRR ( $p < 0,01$ ).

## GV 6

## EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES INDUCIDOS POR LA APLICACIÓN FOLIAR DE BIOINSUMOS EN SOJA

Trejo M.F., M.L. Toulet, N.R. Chalfoun, M.P. Filippone, B. Welin, A.S. Noguera, E.M. Pardo, C.F. Grellet-Bournonville. Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Tucumán, Argentina. E-mail: fer3jo@gmail.com

La utilización de productos de origen natural que disminuya el impacto negativo causado por los agroquímicos de síntesis constituye un desafío para lograr mayor sostenibilidad en la agricultura. En ITANOA se caracterizaron dos principios activos capaces de inducir la protección contra la mancha anillada de la soja (*Corynespora cassiicola*), una serin proteasa AsES de origen fúngico y un glicósido de ácido graso (GAG) derivado de hojas de frutilla. En base a estas moléculas patentadas se diseñaron bioinsumos denominados “Plant Stimulation and Protection” (PSP1 y PSP2, respectivamente). El objetivo de este trabajo fue identificar los mecanismos moleculares inducidos por la aplicación foliar de PSP1 y PSP2 en plantas de soja. Para ello, plantas del cv. A8000 RG fueron tratadas con PSP1 2%, PSP2 1,5% y H<sub>2</sub>O como control. Se tomaron folíolos a las 6 y 72 h post-aplicación, se extrajo ARN y se llevó a cabo la secuenciación de los transcriptomas de cada tiempo y tratamiento mediante la tecnología Illumina NovaSeq 6000. Se obtuvieron 40 millones de lecturas de buena calidad por muestra y un 70% de ellas fueron mapeadas contra el genoma de referencia de la soja. Los resultados indicaron que el tratamiento con PSP2 indujo mayores cambios globales en la expresión diferencial de genes respecto al PSP1, tanto en intensidad como en el número de vías activadas ( $p < 0,05$ ). Plantas de soja tratadas con ambos bioinsumos manifestaron una protección del 48% frente a la mancha anillada en relación al control, sin embargo, los perfiles transcriptómicos activados fueron diferentes.

## GV 7

## OPTIMIZACIÓN DE TÉCNICAS DE REGENERACIÓN *IN VITRO* Y TRANSFORMACIÓN GENÉTICA MEDIADA POR *Agrobacterium tumefaciens* EN *Lotus tenuis* (Wald et. Kit)

Gutierrez F.G.<sup>1</sup>, M.A. Affinito<sup>1</sup>, M.L. Roldán<sup>2</sup>, M.A. Maciel<sup>1,3</sup>, A.H. Díaz Paleo<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Argentina; <sup>2</sup>EEA INTA Pergamino, Pergamino, Argentina; <sup>3</sup>CITNOBA (CONICET-UNNOBA-UNSA DA), Pergamino, Argentina. E-mail: florencia\_gutierrez\_@hotmail.com

*Lotus tenuis* (Wald et. Kit) es una importante forrajera en suelos con limitantes edafoclimáticas. Para favorecer la cría de ganado en estos suelos es necesario disponer de cultivares de alta productividad con tolerancia incrementada a estreses abióticos, lo cual puede lograrse con el apoyo de herramientas biotecnológicas. El objetivo de este trabajo fue optimizar técnicas de regeneración *in vitro* y transformación mediante *Agrobacterium tumefaciens* en *Lotus tenuis*. Para esto se evaluó el porcentaje de regeneración de folíolos de cuatro genotipos de diversos orígenes a los 19, 30, 35, 45 y 60 días en un diseño experimental completamente aleatorizado con seis repeticiones. Se realizó ANOVA de dos factores. El genotipo PampaWT presentó mayor regeneración hasta los 35 días. Se repitió el ensayo con PampaWT comparando lugar de cultivo: invernáculo, sala de crecimiento e *in vitro*. Los explantes (folíolos) provenientes de plantas *in vitro* presentaron mayor regeneración. Posteriormente, se realizó transformación mediante *A. tumefaciens* cepa GV3101 portador del plásmido pCambia2301 que permite la expresión constitutiva del gen reportero *gusA-intrón*. Se comparó la transferencia de ADN mediante la adición o no del compuesto fenólico acetosiringona. Existió asociación (Chi cuadrado,  $p=0,003$ ) entre el co-cultivo con acetosiringona y la presencia de tinción azul en los explantes, dada por la expresión del gen *gusA*. En conclusión, la regeneración *in vitro* de la especie dependió del genotipo y su lugar de cultivo, y la adición de acetosiringona incrementó la eficiencia de transformación genética.

## GV 8

## MODO REPRODUCTIVO DE *Hippeastrum striatum* (Lam.) H. E. Moore AMARYLLIDACEAE

Rodríguez Mata O.A., A.I. Honfi, J.R. Daviña. Programa de Estudios Florísticos y Genética Vegetal, Instituto de Biología Subtropical (CONICET-UNaM) nodo Posadas, FCEQyN-UNaM, Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: orlandor761@gmail.com

*Hippeastrum striatum* (Lam.) H. E. Moore posee alto valor ornamental y fitoquímico porque sintetiza alcaloides con actividad biológica antiviral y anticolinesterásica. Sin embargo, sus flores son mayoritariamente estériles y no producen semillas. El objetivo del trabajo fue describir el modo reproductivo de dos citotipos (2x, 5x) de esta especie. Se obtuvo el nivel de ploidía mediante citometría de flujo de al menos 30 individuos de 16 accesiones provenientes del noreste argentino de *H. striatum* y se encontraron dos citotipos: A) diploide ( $2n=2x=22$ ), dos accesiones de comportamiento alógamo, que producen suficiente polen viable pero solo eventualmente producen semillas; y B) pentaploide ( $2n=5x=55$ ), 14 accesiones que producen polen viable, pero no semillas. Se determinó la vía reproductiva funcional de cinco semillas individuales y un pool de cinco semillas al azar por cada accesión diploide, mediante citometría de flujo, y se analizó la compatibilidad polen-pistilo de al menos 15 flores por cada accesión pentaploide estéril, mediante diafanizado y coloración con azul de anilina. Se consideró germinado el grano de polen cuyo tubo polínico presentó una longitud mayor al diámetro del grano. Se reveló la sexualidad como vía de reproducción que forma semillas en las accesiones diploides, con una relación del contenido relativo de ADN del embrión: endospermo 2C:3C. En las accesiones pentaploides el polen germinó en el estigma a partir de las 24 horas post-antesis. Sin embargo, ningún tubo polínico alcanzó la región micropilar de los óvulos maduros, lo que indica la esterilidad por autoincompatibilidad.

## GV 9

## IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS CON CARACTERÍSTICAS SUPERIORES DE *Turnera sidoides* L. (PASSIFLORACEAE, TURNEROIDEAE) CON POTENCIAL ORNAMENTAL

Solis C.J., I.E. Kovalsky, V.G. Solís Neffa. Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Corrientes, Argentina. E-mail: cristianjaviersolis10@gmail.com

*Turnera sidoides* L. es un complejo autopoliploide ( $x=7$ ) de hierbas rizomatosas perennes que constituye un modelo interesante para su desarrollo como ornamental debido a la variación en las formas de las hojas, el grado de incisión de la lámina foliar y el color de las flores. En el marco de un plan de mejoramiento para el cultivo en maceta de *T. sidoides*, el objetivo de este trabajo fue evaluar la variabilidad de algunas características de interés ornamental existente en poblaciones naturales representativas de las subespecies y morfotipos del complejo e híbridos intersubespecíficos experimentales. Para ello, se caracterizó el color de la corola y de las hojas usando la carta colorimétrica de Royal Horticultural Society. Además, se evaluó la duración del período de floración, el número de flores abiertas por día, el número de ramas florecidas y el área de la corola de 78 individuos provenientes de 39 poblaciones naturales y de 17 híbridos. Para cada característica cuantitativa se estimó el promedio, el desvío estándar, el rango de variación y se confeccionaron gráficos de barras. Se comprobó que en las poblaciones naturales provenientes de Uruguay y en algunos híbridos el color de las flores era homogéneo, mientras que en otras poblaciones provenientes de Capilla del Monte (Córdoba, Argentina) se observaron diferencias de color en las distintas partes del pétalo. Sin embargo, el color de las hojas no varió sustancialmente entre individuos. Las poblaciones naturales de Mercedes (Corrientes, Argentina) y Cuña Pirú (Rivera, Uruguay) presentaron un período de floración más prolongado y mayor área de la corola, mientras que los híbridos presentaron un promedio mayor de flores abiertas por día y de ramas florecidas. A partir de estos resultados, se identificaron genotipos con caracteres ornamentales superiores en promedio para ser incorporados a un programa de cruzamientos controlados.

## GV 10

## EFFECTO DEL ESTRÉS SALINO SOBRE EL CONTENIDO DE FITOQUÍMICOS Y LA CAPACIDAD ANTIOXIDANTE EN VARIEDADES DE ZANAHORIAS MORADAS

Mauricci M.T.<sup>1,2</sup>, A. Paez Tissera<sup>3</sup>, M.B. Perez<sup>1,2</sup>, F. Bannoud<sup>1,2</sup>, S. Carvajal<sup>1,2</sup>, P.F. Cavagnaro<sup>1,2,3</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>2</sup>EEA La Consulta - Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), San Carlos, Mendoza, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: mmauricci@agro.uba.ar

Las raíces de zanahorias moradas acumulan antocianinas y otros compuestos fenólicos no antociánicos que poseen propiedades benéficas para la salud, destacándose su capacidad antioxidante (CA). En el marco del programa de mejora genética de zanahorias del INTA estamos ensayando variedades de zanahoria morada. En la región de Cuyo, buena parte de las zonas productoras hortícolas poseen elevada salinidad. El presente trabajo evaluó el efecto de la salinidad sobre el contenido de antocianinas (AT) y fenoles totales (FT) y la CA en cuatro variedades de zanahorias moradas cultivadas en macetas y expuestas a tres niveles de salinidad (administrada en el agua de riego): 800 (Control), 2.000 y 4.000  $\mu\text{mhos/cm}$ . En tres momentos desde el inicio del tratamiento salino (60, 90 y 120 días) se tomaron muestras de raíces y se determinó AT, FT y CA por el método de pH diferencial, Folin-Ciocalteu y FRAP, respectivamente. Se encontró variabilidad significativa ( $p < 0,05$ ) entre las variedades y entre los tratamientos para todas las variables ensayadas, con incrementos de las variables directamente relacionados al nivel de salinidad (i.e., a mayor salinidad, mayores niveles de AT, FT, y CA). Al final del tratamiento (120 días) y para todas las variedades, el rango de incrementos porcentuales en el máximo nivel de salinidad, respecto al control, fue 24,51-32,90%, 15,40-35,86%, y 19,57-42,11% para AT, FT y CA, respectivamente. Los resultados sugieren que el estrés por salinidad promueve la síntesis de antocianinas y polifenoles, con el consecuente aumento de la capacidad antioxidante.

## GV 11

## PLOIDÍA Y RELACIONES DE COMPATIBILIDAD POLEN-ESTIGMA/ESTILO EN UNA COLECCIÓN DE *Stevia rebaudiana* Bertoni CONSERVADA EN LA EEA INTA FAMAILLÁ, TUCUMÁN.

Budeguer C.J<sup>1</sup>, E.L. Camadro<sup>2</sup> L.E. Erazzú<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>Unidad Integrada EEA "Domingo Pasquale" Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata y CONICET, Argentina; <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria INTA, Famaillá, Tucumán, Argentina. E-mail: carlos.budeguer@faz.unt.edu.ar

*Stevia rebaudiana* Bertoni (Asteraceae;  $2n=2x=22$ ) es una especie de valor económico que se reproduce por semillas y esquejes. Tiene flores hermafroditas de 7 mm de longitud y, alto porcentaje de alogamia debido a un sistema de autoincompatibilidad esporofítica. En 2013, y con fines de mejoramiento genético, se formó una colección de trabajo en la EEA INTA Famaillá, con introducciones provenientes de campos de productores de cuatro provincias: Tucumán, Jujuy, Misiones y Formosa. Dada la escasa y controvertida información disponible sobre la biología reproductiva de esta especie -y como parte de un proyecto mayor- en 56 plantas individuales se determinó la ploidía mediante el recuento de cromosomas en células de ápices radicales o de cloroplastos en células oclusivas de estomas; todas ellas fueron diploides. En tres años consecutivos se realizaron cruzamientos manuales en forma aleatoria entre 30 plantas con alta viabilidad de polen y se estudiaron, por microscopía de fluorescencia, las relaciones polen-estigma/estilo en pistilos polinizados. En 156 de 168 combinaciones genotípicas se observaron granos de polen germinados sobre el estigma que no penetraban en el mismo (incompatibles) y en 12 se observaron algunos tubos polínicos que llegaban al ovario (compatibles). La incompatibilidad observada puede deberse a la expresión de autoincompatibilidad esporofítica o de incompatibilidad cruzada. A pesar de la fuerte incompatibilidad detectada, es posible planificar cruzamientos dirigidos con fines de mejoramiento genético dentro de la colección.

## GV 12

## EFFECTO DE INTROGRESIONES SILVESTRES SOBRE LA CALIDAD DEL FRUTO EN POBLACIONES F<sub>2</sub> DERIVADAS DEL CRUZAMIENTO ENTRE LÍNEAS CASI ISOGÉNICAS DE TOMATE

Brulé F.F.S.<sup>1</sup>, M. Di Giacomo<sup>1</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>, J.H. Pereira da Costa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: brule@iicar-conicet.gob.ar

Los genes de las especies silvestres de tomate pueden extender la vida poscosecha (VP) y mejorar la calidad del fruto. El objetivo fue analizar el efecto sobre caracteres de calidad de fruto que tienen introgresiones silvestres de la accesión LA0722 de *Solanum pimpinellifolium* L. en el contexto genético del cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* L. Se caracterizaron tres poblaciones F<sub>2</sub> derivadas del cruzamiento entre líneas casi isogénicas (NIL) de tomate de alta VP. Se usaron como testigos 10 plantas de cada NIL (N069, N034, N320 y N327) y F<sub>1</sub>: F<sub>1</sub>A (N069xN034), F<sub>1</sub>B (N320xN327), F<sub>1</sub>C (N320xN069), y se evaluaron 90 plantas de cada F<sub>2</sub>: F<sub>2</sub>A (N069xN034), F<sub>2</sub>B (N320xN327) y F<sub>2</sub>C (N320xN069). Se midió firmeza, índice de color a/b y VP en seis frutos por planta (N=2.040). Se compararon los valores medios por ANOVA seguido de la prueba de Tukey. La heredabilidad en sentido amplio (H<sup>2</sup>) se estimó por el método de ANOVA. Se encontraron diferencias significativas ( $p<0,01$ ) entre progenitores y F<sub>1</sub> para todos los caracteres (excepto entre N320, N069 y su F<sub>1</sub>) y entre plantas en las tres F<sub>2</sub>. En F<sub>2</sub>A y F<sub>2</sub>B, se observó segregación para color de fruto, siendo N327 y N034 de frutos rojos y, N320 y N069, de frutos amarillos. Las H<sup>2</sup> para firmeza fueron 0,82, 0,80 y 0,75, para índice a/b 0,97, 0,96 y 0,47, y para VP 0,76, 0,82 y 0,64 en F<sub>2</sub>A, F<sub>2</sub>B y F<sub>2</sub>C, respectivamente. Se concluye que más del 64% de la variabilidad observada en firmeza y VP es atribuible a la segregación de las introgresiones silvestres en las tres poblaciones F<sub>2</sub>, no así para a/b en F<sub>2</sub>C cuya variación fue explicada mayormente por el ambiente.

## GV 13

## DETECCIÓN Y VALIDACIÓN DE QTLs EN GENERACIONES F<sub>2</sub> Y FAMILIAS F<sub>2</sub>-F<sub>3</sub> RECÍPROCAS DE TOMATE

Pérez Marder H., J.H. Pereira Da Costa, V. Cambiaso, G.R. Rodríguez. Instituto de Investigación en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina. E-mail: perezmarder@iicar-conicet.gob.ar

El efecto recíproco (ER) es el cambio en el valor medio de un carácter cuantitativo al invertir el rol sexual de los genotipos progenitores del cruzamiento o el híbrido. El objetivo fue validar *QTLs* para caracteres de calidad de fruto y evaluar la persistencia del ER mediante pruebas de progenie. En estudios previos se detectaron *QTLs* en poblaciones F<sub>2</sub> derivadas del cruzamiento entre el cultivar Caimanta de *Solanum lycopersicum* L. y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium* L. y su recíproco. Aquí, se seleccionaron 16 familias F<sub>2</sub>:F<sub>3</sub> recíprocas para validar los *QTLs* y la persistencia del ER en la detección. Las plantas F<sub>2</sub> que dieron origen a las familias F<sub>2</sub>:F<sub>3</sub> fueron seleccionadas por ser heterocigotas para el locus asociado al *QTL*. Cada familia segregante estuvo compuesta por 30 plantas y fue evaluada para la característica asociada al *QTL*. En frutos en estado pintón se evaluó: peso (en g), diámetro (en cm), altura (en cm), número de lóculos y vida poscosecha (Vp). En frutos maduros se evaluó: sólidos solubles (en °Brix), pH, y color a través de los índices a/b y L. Cada familia F<sub>2</sub>:F<sub>3</sub> fue caracterizada por el marcador molecular asociado al *QTL* en la F<sub>2</sub> y se hizo una nueva detección de *QTLs* mediante el análisis de un solo punto para la validación. Siete *QTLs* para características de calidad de fruto se validaron en familias F<sub>2</sub>:F<sub>3</sub>. Se encontró persistencia en familias F<sub>2</sub>:F<sub>3</sub> del ER observado en F<sub>2</sub> para el número de lóculos y la altura de los frutos. Se concluye que fue posible validar en familias F<sub>2</sub>:F<sub>3</sub> *QTLs* para caracteres de calidad de fruto y la persistencia del ER en su detección.

## GV 14

## EFFECTO DE LA SEGREGACIÓN DE LOS CROMOSOMAS 2 Y 8 SOBRE LA MORFOLOGÍA DEL FRUTO EN TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)

Godoy F.N.I.<sup>1</sup>, D.V. Vazquez<sup>1</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>, J.H. Pereira da Costa<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. Email: godoy@iicar-conicet.gob.ar

En tomate (*Solanum lycopersicum* L.) el índice de forma del fruto (IF) es controlado por el gen *FS8.1* del cromosoma 8 (cr.8). Existe evidencia que la región del cr.2 entre 54,6 y 55,2 Mb también controla el IF. En este trabajo se buscó confirmar el efecto de dicha región sobre caracteres morfológicos del plano longitudinal del fruto en retrocruzas autofecundas de tomate, considerando efectos fijos de *FS8.1*. Se evaluaron seis familias F<sub>3</sub>-BC<sub>1</sub>-S<sub>2</sub>, derivadas del cruzamiento entre el cultivar Rio Grande y la accesión LA1589 de *S. pimpinellifolium* L., que segregan para *FS8.1* y la región de interés del cr.2. Seis frutos por planta (N=733) fueron pesados, cortados y escaneados para medir trece caracteres morfológicos con *Tomato Analyzer 3.0*. Se caracterizó la población para *FS8.1* y la región de interés del cr.2 como en el trabajo previo, con cuatro marcadores ubicados entre 51,1 y 55,2 Mb. Se determinó la asociación entre fenotipo y marcadores mediante prueba t y ANOVA a un factor, para las distintas combinaciones genotípicas entre la región del cr.2 y *FS8.1*. Todos los marcadores del cr.2 se asociaron al ángulo proximal del fruto en todas las familias, y a peso, ángulo distal de fruto y forma obovoide en algunas de ellas. Sólo el marcador del cr.2 ubicado a 51,1 Mb, con *FS8.1* homocigota para ambos alelos, se asoció a IF en algunas familias. Se concluye que la región del cr.2 ejerce un efecto sobre la morfología de fruto de tomate, detectable bajo efectos fijos de *FS8.1*. A diferencia de los antecedentes, la porción superior de la región evaluada del cr.2 controlaría el IF.



## GV 15

## ESTIMACIÓN DE LA HEREDABILIDAD EN SENTIDO ESTRICTO EN FAMILIAS $F_5$ DERIVADAS DE UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Goytia Bertero V.<sup>1</sup>, M. Ambrogio<sup>2</sup>, C.B. Ruiz<sup>2</sup>, P. Cacchiarelli<sup>3</sup>, G.R. Pratta<sup>3</sup>, D.P. Arce<sup>1</sup>. <sup>1</sup>CIT-San Nicolás, CONICET, San Nicolás, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; <sup>3</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: valengoytia19@gmail.com

La heredabilidad es un parámetro de importancia a tener en cuenta en el diseño de estrategias eficaces para el manejo de las poblaciones en los programas de fitomejoramiento (PF). El objetivo fue estimar la heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) para caracteres del fruto de tomate en familias  $F_5$  derivadas por selección antagónica-divergente del cruzamiento ToUNR18 x ToUNR1, híbrido de segundo ciclo entre líneas endocriadas recombinantes obtenidas en el PF del grupo de investigación. Se analizaron 14 familias para las variables diámetro (D), altura (A), forma (F), peso (P), vida poscosecha (VP) y 13 para dureza (Du). Las comparaciones entre familias se realizaron a través de ANOVA con efectos aleatorios a un criterio de clasificación, siendo  $h^2 = 15/14 t$  (factor de corrección). Los valores de  $h^2$  fueron:  $0,66 \pm 0,08$  para D;  $0,61 \pm 0,08$  para A;  $0,27 \pm 0,05$  para F;  $0,55 \pm 0,07$  para P;  $0,51 \pm 0,07$  para VP y  $0,31 \pm 0,07$  para Du. Dado que en esta generación  $F_5$  aún existe variancia aditiva significativa para caracteres de calidad de fruto y que una respuesta exitosa a la selección artificial se logra a expensas de este componente, la heredabilidad en sentido estricto para todos los caracteres, excepto VP y Du, fue menor a la observada en la  $F_4$ . Sin embargo, al ser valores significativos, es posible continuar con la selección antagónica-divergente en este segundo ciclo de mejoramiento y avanzar hacia la obtención de nuevas líneas mejoradas capaces de satisfacer la demanda del mercado.

## GV 16

## PROSPECCIÓN Y COLECTA DE GERMOPLASMA DE PAPA SILVESTRE EN ÁREAS PROTEGIDAS DEL NOROESTE DE ARGENTINA

Digilio A., A. López Méndez. EEA Balcarce INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: digilio.ariana@inta.gob.ar

En Argentina se reconocen 18 especies silvestres de papa (ESP) correspondientes al género *Solanum* (sección Petota y Etuberosum). Las ESP representan una fuente valiosa de genes para el mejoramiento genético de la papa cultivada. Como objetivo general de un proyecto mayor se propuso: a) continuar explorando la diversidad genética de las ESP con énfasis en áreas protegidas y b) caracterizar morfológica, citogenética y molecularmente las poblaciones encontradas. En relación al primer objetivo, en la campaña de abril de 2022, se exploró por primera vez el Monumento Natural Laguna de Los Pozuelos y Parque Nacional Aconquija – portal Cochuna. En total se exploraron 18 sitios, recolectando las especies objetivo y flora acompañante. Se obtuvieron ejemplares de herbario, plantas vivas/tubérculos y/o frutos, hojas en sílica gel y botones florales. Además, se registraron datos de pasaporte y se tomaron fotografías. Se reconocieron poblaciones de *S. acaule* Bitter (cinco), *S. chacoense* Bitter (cinco) y *S. microdontum* Bitter (ocho). Se mantienen en invernáculo 82 plantas que serán empleadas para la realización de las caracterizaciones propuestas. A partir de los frutos se conformaron las muestras de semillas para su posterior regeneración e incorporación en el banco de germoplasma de la EEA INTA Balcarce. La exploración de nuevos sitios permitió profundizar el conocimiento de las ESP en sus ambientes naturales y a su vez, incrementar la diversidad genética de estas especies conservadas en el banco activo de germoplasma.

## GV 17

## VIABILIDAD Y VARIABILIDAD DEL TAMAÑO DE LOS GRANOS DE POLEN EN UNA POBLACIÓN DE *Solanum chacoense* Bitter DEL SE BONAERENSE

Echeverría M.M., J.F. Maune. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mecheverria@mdp.edu.ar

La papa común, *Solanum tuberosum* L. ( $2n=4x=48$ ) es uno de los cultivos de mayor importancia mundial en cuanto a superficie plantada. Debido a su estrecha base genética, es de especial interés la introgresión de genes de especies silvestres emparentadas mediante cruzamientos controlados, muchas veces complejos por la presencia de barreras internas a la hibridación. En este marco, se estudió una población espontánea de papa silvestre, morfológicamente afín a *S. chacoense* Bitter ( $2n=2x=24$ ), que crecía como maleza en un lote de la EEA INTA Balcarce y presentaba características de interés agronómico. Mediante tinción con carmín acético, se analizó viabilidad y la variabilidad del tamaño de granos de polen (GP) en 32 plantas. Los porcentajes de viabilidad observados fueron altos (>90% en 21 plantas), solo tres genotipos tuvieron viabilidad <40%. El tamaño medio de los GP fue variable entre los genotipos (18,5µm a 24,8µm). Para cada genotipo, se observaron GP de tamaño esperado ( $n$ ) (32,4% a 73,1%) de menor tamaño (< $n$ ) (12,7% a 37,8%) y de mayor tamaño (> $n$ ) (13,9% a 33,2%). En todos los genotipos se detectaron GP  $2n$  (con número cromosómico no reducido) (0,7% a 12,13%), pero solo en ocho plantas se detectaron GP  $4n$  (0,2% a 2,9%). El conocimiento de la presencia de genotipos que produzcan gametos  $2n$  es importante para diagramar cruzamientos, utilizando estos genotipos como puente para la introgresión de genes desde *S. chacoense* ( $2x$ ) a *S. tuberosum* ( $4x$ ) en lo que constituye uno de los primeros pasos en un programa de pre mejoramiento.

## GV 18

## VIABILIDAD POLÍNICA Y RELACIONES POLEN-PISTILO EN PLANTAS DE PAPAS SILVESTRES DE POBLACIONES NATURALES Y MALEZAS DE UN CULTIVO DE PAPA EN TUCUMÁN

Poulsen Hornum A.<sup>1</sup>, E.L. Camadro<sup>1,2</sup>, L.E. Erazú<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Unidad Integrada: Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA)-Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Bs. As., Argentina, <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>3</sup>EEA Famaillá, INTA, Tucumán, Argentina; <sup>4</sup>Facultad de Agronomía y Zootecnia (FAZ), Universidad Nacional de Tucumán (UNT), Tucumán, Argentina. E-mail: camadro.elsa@inta.gob.ar

Las papas silvestres (*Solanum* sp.) -en su mayoría diploides ( $2n=2x=24$ )- pueden hibridarse artificialmente con las papas cultivadas ( $4n=4x=48$ ) cuando las barreras reproductivas internas son incompletas. Hay datos de flujo génico entre papas silvestres y cultivadas en condiciones experimentales de campo, pero no en la naturaleza. En Tafí del Valle, Tucumán -zona productora de papa "semilla"- se encontraron dos poblaciones naturales separadas por 12 km (P1 y P2) y, a 100 m de P1, un cultivo de papa (R) con plantas de papas silvestres (M) y de otro cultivar (B) como malezas. Los fenotipos morfológicos fueron variables en los tres sitios, en los que se muestrearon aleatoriamente botones florales, flores abiertas y pistilos polinizados. El promedio de viabilidad del polen en plantas individuales -estimada indirectamente por tinción con carmín acético- fue (a) en el campo cultivado, 0,00% (R) y 64,7% (B) -esperable en tetraploides tetrasómicos- y 59,8% (M,  $n=8$ ); (b) en las poblaciones naturales, 54,1% (P1,  $n=7$ ) y 92,7% (P2,  $n=5$ ), con variabilidad en tamaño de los granos viables e inviables ( $n$ =normal, < $n$ , > $n$ ). La meiosis en plantas con ≤65% de polen viable fue irregular, lo que indica un posible origen híbrido o poliploide de M y P1. En 20 pistilos analizados por microscopía con luz UV se observó compatibilidad total o parcial e incompatibilidad polen-pistilo con distintas reacciones. El sistema encontrado permitirá obtener datos de flujo génico en condiciones naturales para establecer estrategias de manejo en áreas de superposición de papas silvestres y cultivares transgénicos.

## GV 19

## EFFECTO DE LA HIBRIDACIÓN ENTRE ESPECIES SILVESTRES DE PAPA DE DISTINTAS PLOIDÍAS. ANÁLISIS FENOTÍPICO Y CITOGENÉTICO DE HÍBRIDOS ANEUPLOIDES

Cara N., C. Prigione, P.C. Kozub, C.F. Calise, M.V. Bertoldi, R.W. Masuelli. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: ncara@fca.uncu.edu.ar

Las papas silvestres (*Solanum*, sección *Petota*) abarcan más de 100 especies con una gran diversidad morfológica y adaptadas a una amplia variedad de ambientes. La hibridación homoploide (entre especies de igual ploidía) y la poliploidización han sido muy estudiados y se han propuesto como los principales mecanismos involucrados en el origen y diversificación de estas especies; mientras que el rol de la hibridación interploide y la aneuploidía en la generación de diversidad genética ha sido poco abordado. Entre las papas silvestres de Argentina, *Solanum x rechei* Hawkes & Hjert. ofrece excelentes oportunidades para estudiar estos fenómenos, ya que es un híbrido interploide entre *Solanum kurtzianum* Bitter & Wittm. (diploide,  $2n=2x=24$ ) y *Solanum microdontum* Bitter (triploide,  $2n=3x=36$ ). El objetivo del proyecto fue caracterizar morfológica, citológica y genéticamente, híbridos aneuploides originados mediante cruzamientos controlados entre el triploide *S. microdontum* y el diploide *S. kurtzianum*, como así también genotipos silvestres del híbrido natural *S. x rechei*. Se efectuaron 216 cruzamientos interploides y seis cruzamientos intraploides control, de los cuales se establecieron finalmente 12 y 13 plantas, respectivamente. Con este material, más ocho genotipos de *S. x rechei*, se realizó una completa caracterización morfológica. Además, se realizaron conteos cromosómicos y estimación del tamaño de genoma por citometría de flujo. Se encontró mayor variabilidad fenotípica en híbridos interploides respecto a los intraploides, la cual podría ser producto de la aneuploidía generada.

## GV 20

## EFFECTOS GENOTÍPICOS Y AMBIENTALES SOBRE EL CONTENIDO DE FITOQUÍMICOS, ACTIVIDAD ANTIOXIDANTE Y SÓLIDOS TOTALES EN EL GERMOPLASMA ARGENTINO DE AJO

Perez M.B.<sup>1,2</sup>, M.T. Mauricci<sup>1,2</sup>, L. Togno<sup>2</sup>, A. Paez Tissera<sup>3</sup>, P.F. Cavagnaro<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; <sup>2</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) EEA La Consulta, San Carlos, Mendoza, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Cuyo, Mendoza, Argentina. E-mail: cavagnaro.pablo@inta.gob.ar

El ajo (*Allium sativum* L.) posee múltiples efectos benéficos para la salud, debido al contenido de compuestos fenólicos y organosulfurados. Por ello, en este trabajo se caracterizaron 95 accesiones del banco de germoplasma de ajo del INTA La Consulta (Mendoza, Argentina), cultivadas en dos localidades (La Consulta y Lujan de Cuyo), para contenido de sólidos, compuestos organosulfurados (mediante análisis de piruvato) y compuestos fenólicos (por el método de Folin Ciocalteu). Además, se determinó la capacidad antioxidante por ABTS, DPPH y FRAP. Considerando todas las accesiones y localidades, los niveles de piruvato variaron de 8,8-53,9  $\mu\text{mol/kg}$  peso fresco (pf) y los de fenoles de 314,4-1736,4 mg ácido gálico/kg pf. La capacidad antioxidante medida por los diferentes métodos varió de 31,1-4928,1 mg Trolox/kg pf. El contenido de sólidos varió entre 28,3% y 44,5%. El genotipo explicó 29%, 45%, 66% y 20-44%, de la variabilidad observada para piruvato, fenoles, sólidos y actividad antioxidante medida por los distintos métodos, respectivamente. El ambiente y su interacción con el genotipo explicaron, conjuntamente, el 25%, 43%, 31% y 23-42%, de la variabilidad observada para estos caracteres, respectivamente. Estos resultados indican que los niveles de piruvato, fenoles y sólidos, y la capacidad antioxidante del ajo están condicionados genética y ambientalmente. El amplio rango de variación encontrado para todos los caracteres sugiere que será posible seleccionar genotipos de alto valor funcional para su incorporación al programa nacional de mejoramiento genético.

## GV 21

## BÚSQUEDA DE MARCADORES SSR POLIMÓRFICOS A PARTIR DE ddRADseq EN CULTIVARES DE PECÁN (*Carya illinoensis* (Wangenh) K. Koch)

Aguirre N.C., J.G. Rivas, P. Villalba, M. García, C. Acuña, A.L. Grassi, E. Frusso, D. Ceballos, M.C. Martínez, S. Marcucci Poltri. IABIMO (INTA – CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: aguirre.natalia@inta.gob.ar.

El pecán, *Carya illinoensis* (Wangenh) K. Koch, es un cultivo en creciente expansión en Argentina. El INTA introdujo 27 cultivares provenientes del USDA-ARS Pecan Breeding and Genetics Program, EE.UU. Estos fueron multiplicados y caracterizados por morfología de la nuez y fenología, inscribiéndose 18 cultivares en el RNC y dos en el RNPC del INASE. Si bien se dispone de un sistema de marcadores microsatélite (SSR) para la identificación inequívoca y trazabilidad de los cultivares inscriptos, el mismo presenta un agotamiento en su poder de discriminación debido al aumento de cultivares presentes en el país con bajo grado de diferenciación molecular. El objetivo del trabajo fue la búsqueda de nuevos marcadores SSR como paso inicial a su desarrollo. Para esto se empleó ddRADseq (double digest Restriction site-Associated DNA sequencing), sobre material de los cultivares Pawnee, Osage, Riverside y Western. Se realizó la búsqueda bioinformática de SSR polimórficos entre las cuatro muestras y los genomas de referencia Pawnee, Elliot, Lakots y Oaxaca disponibles en el National Center for Biotechnology Information; se utilizaron los programas Bowtie2, Stacks y MISA. Como resultado para las cuatro muestras, un 80% de las secuencias mapearon en promedio con cada genoma, se detectó un total de 51 SSR putativos polimórficos distribuidos en todos los cromosomas, registrándose de dos a seis alelos por marcador. La estrategia empleada permitió encontrar y establecer un ranking de polimorfismo como guía para el desarrollo de nuevos SSR aplicables a los cultivares de pecán.

## GV 22

## USO DE MARCADORES MICROSATÉLITES PARA LA EVALUACIÓN GENÉTICA DE POBLACIONES NATURALES DE *Amburana cearensis* (Fr. Allem.) A.C. Sm.

Soldati M.C.<sup>1</sup>, M.F. Navarro<sup>2</sup>, P. Názaro<sup>3</sup>, N. Politi<sup>3</sup>, L. Rivera<sup>3</sup>, E. Balducci<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>ESCEyN, Universidad de Morón, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>INECOA (CONICET-UNJU), Jujuy, Argentina; <sup>4</sup>EEA Yuto, INTA, Jujuy, Argentina. E-mail: soldati.maria@inta.gob.ar

*Amburana cearensis*, también conocida como roble criollo, es una especie forestal de alto valor económico y ecológico, cuya distribución en Argentina se da en Salta y Jujuy, en el pedemonte de las Yungas. Si bien su aprovechamiento forestal se encuentra prohibido, la especie está categorizada como especie en peligro por la UICN, a causa de un aprovechamiento desmedido. A fin de conservar las poblaciones remanentes de la especie e identificar futuras fuentes de selección para programas de mejora y/o restauración, ensayamos la amplificación de 10 marcadores microsatélites (SSRs) desarrollados para poblaciones naturales de Brasil. Estos marcadores son una herramienta útil para realizar una evaluación genética de la especie que brinde mayor información sobre el estado de conservación del recurso forestal. Con el objeto de contar con un conjunto de marcadores SSR útiles para analizar las poblaciones de Argentina, evaluamos los patrones de amplificación de los SSR sobre 20 individuos de *A. cearensis* pertenecientes a dos poblaciones remanentes de Argentina localizadas en la provincia de Jujuy. Se detectó amplificación positiva para la totalidad de los SSRs, polimorfismo positivo para nueve y amplificación inespecífica para uno. Se observaron más de 25 variantes alélicas en los marcadores polimórficos. El PIC varió entre 0,42 y 0,93, evidenciando un buen poder discriminatorio de los marcadores. Se detectó un conjunto de nueve marcadores altamente variables para estudios de genética poblacional en la especie, que contribuirán a generar información para definir estrategias de conservación del roble criollo.