

Trabajos de investigación  
relacionados al proyecto

# Mejoramiento Genético de Hortalizas

Jornada “Mejoramiento  
Genético de Hortalizas: ciencia y  
tecnología para la producción  
y el consumidor”

20 de noviembre de 2019  
Salto, Uruguay



Frutillas



Tomates



Boniatos



Cebollas



Papas



Ciclo  
**DES  
TACA  
DAS**  
INIA 2019



Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria  
URUGUAY



## INDICE

INTRODUCCIÓN.....	5
Caracterización fisicoquímica y sensorial de variedades de boniato uruguayas preparados mediante dos métodos de cocción .....	6
Análisis sensorial integrado al mejoramiento genético de hortalizas uruguayas .....	8
Aplicación del Mapeo Proyectivo y CATA para mejorar la calidad sensorial de los cultivares de boniato uruguayos .....	9
Caracterización de la pungencia en cebollas del Programa de Mejoramiento Genético de Hortalizas de INIA.....	11
Cebollas del Programa de Mejoramiento Genético de Hortalizas de INIA como fuente de quercetina para una dieta saludable.....	12
Compuestos bioactivos y capacidad antioxidante en boniatos, frutillas y tomates del Programa de Mejoramiento Genético de INIA .....	14
Selección por resistencia a <i>Peronospora destructor</i> en el mejoramiento genético de cebolla ( <i>Allium cepa</i> ) .....	16
Bacteriosis en cultivos de cebolla en Uruguay: identificación y análisis filogenético de las especies involucradas .....	17
Evaluación de la susceptibilidad de las variedades de frutilla ‘INIA Ágata’, ‘INIA Yurí’ y ‘SGN25.1’ a <i>Neopestalotiopsis clavispora</i> , <i>Rhizoctonia</i> AG-A y <i>Macrophomina phaseolina</i> .....	18
Etiología de la muerte de plantas de frutilla en el departamento de Salto, Uruguay....	19
Avances en el mejoramiento genético de papa para introducción de resistencia a marchitez bacteriana .....	20
Estudio de la sarna común de la papa en Uruguay: avances y desafíos.....	22
Evaluación de fuentes de resistencia contra bacterias vasculares de importancia en el cultivo de tomate.....	24
Herramientas de selección temprana en la mejora de la calidad sensorial de las frutillas nacionales.....	26
Identificación de fuentes genéticas con bajo nivel de síntomas inducidos por <i>Tomato chlorosis virus</i> (ToCV) en germoplasma <i>Solanum</i> sección <i>Lycopersicon</i> .....	28
Primer reporte de un marcador molecular asociado a un factor genético de tomate que controla la reacción de tolerancia al virus de la clorosis del tomate (ToCV).....	29
Expresión fenotípica, herencia y localización cromosómica de <i>mtz</i> : locus recesivo que aporta altos niveles de tolerancia a metribuzin en tomate .....	31

Una introgresión asociada con el locus <i>Sw-5</i> del cromosoma 9 de tomate produce un aumento del contenido de ácido ascórbico en fruta madura .....	32
Alelo con pérdida de función de un gen tipo <i>TAC-1</i> ( <i>SITAC1</i> ) localizado en el cromosoma 10 de tomate es candidato para el mutante Hoja Erecta ( <i>Erl</i> ) .....	34
Utilización de marcadores moleculares asociados a genes de resistencia en el mejoramiento genético de tomate.....	35
Identificación molecular de un clon de frutilla mediante marcadores microsatélites ....	36
Mejoramiento de precisión para incrementar el contenido de licopeno en frutos de tomate .....	38
Identificación de grupos genéticos y distribución de la variabilidad de papas silvestres para su conservación en colecciones núcleo y uso en mejoramiento genético .....	40
Afiliaciones.....	42

## INTRODUCCIÓN

El siguiente libro de resúmenes pretende mostrar los trabajos de investigación relacionados en forma directa al proyecto “Mejoramiento Genético de Hortalizas: aportes a la competitividad del sector productivo”.

El proyecto comenzó en el 2017, con el objetivo de desarrollar nuevos cultivares hortícolas con características diferenciales que constituyan, desde el factor genético, aportes directos a la competitividad del sector productivo, teniendo en cuenta la eficiencia y estabilidad productiva, bajo impacto ambiental, alta calidad del producto comercializado y disponibilidad a lo largo del año. Pensamos que este aporte a nivel productivo facilitará, al menos en parte, el proceso por un mejor abastecimiento del consumo interno de hortalizas frescas. Para el 2021, se espera liberar al menos ocho cultivares hortícolas, teniendo en cuenta todas las especies que participan del proyecto: papa, boniato, cebolla, frutilla y tomate.

Los trabajos de investigación que aquí se presentan están destinados a generar conocimiento fundamental para los procesos de mejoramiento, con aportes concretos en generación de diversidad, evaluación de caracteres de interés y soporte para la selección. Además, alimentan otros procesos relacionados con la ciencia y la tecnología. Significan el esfuerzo y la interacción complementaria de más de 30 investigadores, 18 estudiantes, pertenecientes a 8 instituciones de 5 países.

# Caracterización fisicoquímica y sensorial de variedades de boniato uruguayas preparados mediante dos métodos de cocción

Moltini AI<sup>2</sup>, Luque E<sup>1</sup>, Pintos P<sup>1</sup>, Ghelfi B<sup>1</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Ares G<sup>4</sup>, Lado J<sup>1,2</sup>

[amoltini@inia.org.uy](mailto:amoltini@inia.org.uy)

El programa de mejoramiento genético de boniato en INIA tiene como objetivo el desarrollo de nuevas variedades que además de un buen comportamiento agronómico, tengan características sensoriales que sean positivamente valoradas por los consumidores. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar desde el punto de vista fisicoquímico y sensorial variedades de boniatos nacionales, preparadas con dos métodos de cocción (hervido y horneado). Se incluyeron seis variedades de boniato del tipo comercial “Morado” o “Criollo”, tres de las cuales correspondían a variedades liberados por INIA (Arapey, Cuarí, Cambará) y tres eran nuevos clones avanzados obtenidos por el programa de mejoramiento genético (U1160.6, U1166.5 y U1103.7) obtenidas de los ensayos agronómicos de INIA Salto Grande. Una vez cocidos mediante hervido y horneado, se analizaron los principales parámetros fisicoquímicos de las muestras listas para consumo (sólidos solubles totales-SS, color interno-CI y análisis de perfil de textura-TPA). Además, un panel de evaluadores semi-entrenados realizó una caracterización sensorial de las variedades para cada método de cocción utilizando mapeo proyectivo. La metodología aplicada permitió caracterizar desde el punto de vista fisicoquímico y sensorial las diferentes variedades y evidenciar diferencias y similitudes entre ellas para cada método de cocción. Las principales diferencias entre las variedades de boniato estuvieron relacionadas con la intensidad de sabor y características de textura vinculadas con la percepción de humedad. Las variedades Arapey y U1160.6 se destacaron por ser percibidas como secas y con poca intensidad de sabor, independientemente del método de cocción y a pesar de tener un contenido muy diferente de SS. Esto demuestra que otros factores influyen también en la percepción y clasificación de las muestras. Algunas de las diferencias entre variedades se vieron afectadas por el método de cocción. En el caso del horneado, las

variedades Cuarí, U1166.15 y U1103.7 se destacaron por su humedad, mientras que la variedad Cambará se caracterizó por su cremosidad. Estas características se asociaron con variables del perfil de textura, siendo muy diferentes entre muestras. En la cocción por hervido estas cuatro variedades fueron destacadas por su dulzor e intensidad de sabor, mientras que la variedad Cambará presentó características de textura similares a la variedad Arapey. Los resultados del presente trabajo señalan el potencial del programa de mejoramiento genético para la obtención de variedades de boniato con características sensoriales valoradas positivamente por el consumidor uruguayo.

Presentado en: 2do Congreso Iberoamericano de Ingeniería de los Alimentos-CIIAL 2016, Punta del Este, Uruguay.

## **Análisis sensorial integrado al mejoramiento genético de hortalizas uruguayas**

Lado J<sup>1,2</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Moltini A<sup>2</sup>, Pintos P<sup>1</sup>, Luque E<sup>1</sup>, Manzoni A<sup>1</sup>, Ghelfi B<sup>1</sup>, Ares G<sup>4</sup>

[jlado@inia.org.uy](mailto:jlado@inia.org.uy)

En INIA Salto Grande se desarrollan actividades de mejoramiento genético de hortalizas desde 1990 con el objetivo de generar nuevos cultivares adaptados a las condiciones de la zona hortícola del litoral norte del Uruguay, sin una caracterización objetiva de la calidad. Desde 2009 se incorporó la evaluación fisicoquímica y sensorial de los genotipos avanzados obtenidos en frutilla (*Fragaria x ananassa* Duch.) y boniato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.), como parte de la caracterización de los mismos. Se trabaja con evaluadores semi-entrenados y la metodología del mapeo proyectivo, mediante la cual se comparan los nuevos materiales con cultivares de referencia. Esta metodología permite identificar las principales características sensoriales de cada genotipo y seleccionar materiales con el mayor potencial. Además, se realizan evaluaciones con al menos 100 consumidores para determinar la aceptabilidad de los genotipos e identificar las características sensoriales deseadas en el producto mediante la metodología CATA (check all that apply). La información de calidad fisicoquímica y sensorial ha sido integrada al resto de las evaluaciones de comportamiento agronómico, necesarias para tomar la decisión de liberar un cultivar. Este enfoque integrado ha sido utilizado en los cultivares de frutilla INIA Yuri, Guapa, Ágata y de boniato Cuarí, Cambará y Chapicuy, así como en la selección de parentales. Se han logrado mejoras importantes en la calidad sensorial de los cultivares INIA Guapa e INIA Cambará, los cuales poseen características que posibilitarían una comercialización diferenciada. La aplicación de estas metodologías durante varios años ha permitido integrar la demanda del consumidor a los programas de mejora genética nacionales, lo cual podría contribuir a aumentar su consumo.

Presentado en: INNOVA 2017, LATU, Montevideo, Uruguay.



## **Aplicación del Mapeo Proyectivo y CATA para mejorar la calidad sensorial de los cultivares de boniato uruguayos**

Moltini AI<sup>2</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Alcaire F<sup>4</sup>, Luque E<sup>1</sup>, Pintos P<sup>1</sup>, Ghelfi B<sup>1</sup>, Ares G<sup>4</sup>, Lado J<sup>1,2</sup>

[amoltini@inia.org.uy](mailto:amoltini@inia.org.uy)

El programa de mejoramiento genético de boniato del Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA) se focaliza en el desarrollo de nuevos cultivares destacados en su comportamiento agronómico (aspectos como rendimiento, forma, tamaño y resistencia a plagas y enfermedades) y cumplimiento de los estándares comerciales, así como con una calidad sensorial destacada. En este contexto, se aplicó la metodología de mapeo proyectivo, con 25 evaluadores semi-entrenados con el objetivo de evaluar las características sensoriales de nuevos materiales de boniato, mientras que la metodología CATA (check-all-that-apply) fue utilizada para evaluar la percepción del consumidor sobre los materiales más destacados. En una primera etapa, se analizaron seis materiales aplicando mapeo proyectivo (INIA Cuarí, INIA Cambará, INIA Arapey, U1103.7, U1166.15 and U1160.6). Se evaluaron también las características fisicoquímicas (color, firmeza, textura-TPA y sólidos solubles) luego del proceso de horneado de las muestras (200°C, en promedio 80 min). Los materiales INIA Cuarí, U1166.15 y U1103.7 fueron percibidos como claramente diferentes del resto, siendo descritos por los evaluadores como húmedos, mientras que INIA Cambará fue caracterizado como cremoso. INIA Cuarí, INIA Cambará y U1103.7 se describieron como sabrosos, dulces y con buena textura, mientras que INIA Arapey y U1160.0 fueron clasificados como fibrosos, duros, desagradables y secos. Estas diferencias no se asociaron con el contenido de sólidos solubles, mientras que otras características fisicoquímicas como la textura sí mostraron ejercer un papel relevante en la percepción global de la muestra por los evaluadores. INIA Arapey, INIA Cambará, INIA Cuarí y U1103.7 fueron a su vez evaluados por 100 consumidores en una prueba realizada en el Mercado Agrícola en Montevideo, utilizando una escala hedónica de aceptabilidad de 9 puntos. Todos los materiales mostraron una elevada aceptabilidad (6,3-7 en una escala de 0-9). El cultivar INIA Cambará fue el material que los consumidores

clasificaron como más cercano al boniato ideal, siendo descrito como sabroso, cremoso y dulce. Los resultados obtenidos en el presente trabajo destacan el potencial de las metodologías sensoriales como herramientas clave para retroalimentar los programas de mejoramiento genético.

Presentado en: Sensometrics 2018, Montevideo, Uruguay.

## Caracterización de la pungencia en cebollas del Programa de Mejoramiento Genético de Hortalizas de INIA

Ibañez F<sup>1,2</sup>, Rodríguez G<sup>1</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Martínez C<sup>2</sup>

[fibanez@inia.org.uy](mailto:fibanez@inia.org.uy)

Aunque las cebollas son una de las hortalizas de mayor valor nutricional, son consumidas principalmente por su sabor distintivo y la capacidad de saborizar otros alimentos. En este sentido las cebollas de sabor más suave, con bajo nivel de pungencia se han vuelto más populares en su consumo. La tendencia es hacer disponible cultivares de baja pungencia y sabor más dulce. La variación genética y la fertilización sulfurada son los mayores factores que afectan la pungencia. El objetivo de este trabajo fue determinar el contenido de piruvato como indicador de pungencia en las variedades y material avanzado proveniente del Programa de Mejoramiento Genético Hortícola (PMGH) de INIA, para poder relacionarlo con la pungencia percibida por los consumidores y tomarlo como insumo en el PMGH. Las determinaciones se realizaron en cebollas frescas de cultivos de Salto y Canelones en los años 2016-2018. La metodología de análisis implica el procesado mecánico de las cebollas para la liberación de compuestos sulfurados responsables de la pungencia y del piruvato como co-producto de la reacción enzimática. Posteriormente se separa el piruvato generado por HPLC, usando ácido pirúvico como estándar externo. Los resultados mostraron que cebollas cultivadas en INIA Salto Grande tienen niveles de piruvato en un rango que va desde valores 2,31  $\mu\text{mol}/\text{mL}$  hasta valores de 9,41  $\mu\text{mol}/\text{mL}$ , mientras que cultivares y líneas avanzadas en INIA Las Brujas el rango se extiende entre 3,02  $\mu\text{mol}/\text{mL}$  y 13,12  $\mu\text{mol}/\text{mL}$ . En las determinaciones de sólidos solubles (SS) y acidez titulable, estos estuvieron dentro de los rangos esperables para cebollas y se observa una correlación media (0,58-0,60) de SS con la pungencia mientras una correlación muy baja con la acidez (0,08-0,32). Sería interesante evaluar el efecto del contenido de S en los suelos y las variaciones norte-sur para las variedades y líneas avanzadas.

# Cebollas del Programa de Mejoramiento Genético de Hortalizas de INIA como fuente de quercetina para una dieta saludable

Ibáñez F<sup>1,2</sup>, Ferrari V<sup>2</sup>, Rodríguez G<sup>1</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Martínez C<sup>2</sup>, Alvarez AL<sup>2</sup>

[fibanez@inia.org.uy](mailto:fibanez@inia.org.uy)

Los flavonoides son un grupo muy extenso de compuestos fenólicos (CF) con efectos antioxidantes. La cebolla (*Allium cepa* L.) es uno de los alimentos hortícolas con mayor contenido de flavonoides, principalmente quercetina. Este flavonoide, además de su alto poder antioxidante puede ayudar a bajar el riesgo de cáncer, reducir la presión arterial y enfermedades cardiovasculares, al inhibir la agregación de plaquetas. El objetivo de este trabajo fue evaluar el contenido de quercetina de las variedades y material avanzado proveniente del Programa de Mejoramiento Genético Hortícola de INIA, además de otros parámetros de calidad, nutricionales y nutraceuticos (CF totales, Vitamina C, antocianinas, pungencia, sólidos solubles y acidez titulable). Las determinaciones se realizaron en cebollas frescas de cultivos de Salto y Canelones en los años 2016- 2018, por metodologías analíticas espectrofotométricas y HPLC. Los resultados mostraron valores de quercetina en un rango muy amplio que va desde valores por debajo del límite de detección para la variedad Albana cultivada en INIA Las Brujas hasta valores de 589 mg/kg para la selección avanzada SG10 de INIA Salto Grande. Analizando una misma variedad cultivada en Salto y en Canelones, se observa un contenido de quercetina cercano al doble para las cultivadas en el norte, lo que muestra una clara interacción con las condiciones ambientales y de manejo. En otras determinaciones de calidad organoléptica y nutricional de los clones y variedades, los valores de estos estuvieron dentro de los rangos esperables para cebollas. Se concluye que la variabilidad encontrada en cebolla para quercetina permitiría utilizar este parámetro como una variable a evaluar en el desarrollo de nuevas variedades, permitiendo resaltar los atributos para la salud de las cebollas frescas. Asimismo, dado que la acumulación de flavonoides es muy dependiente de las condiciones de cultivo (ej. estreses bióticos y abióticos), resulta interesante continuar los estudios enfocados en cómo estos

factores impactarían en el contenido de quercetina en las cebollas provenientes del norte y sur del país.

# Compuestos bioactivos y capacidad antioxidante en boniatos, frutillas y tomates del Programa de Mejoramiento Genético de INIA

Ferrari V<sup>2</sup>, Ibáñez F<sup>1,2</sup>, Lado J<sup>1,2</sup>, Alvarez AL<sup>2</sup>, Martínez C<sup>2</sup>, Moltini AI<sup>2</sup>, Giménez G<sup>1</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Rodríguez G<sup>1</sup>, Vicente E<sup>1</sup>

[vferrari@inia.org.uy](mailto:vferrari@inia.org.uy)

Los compuestos antioxidantes juegan un rol importante en la salud humana, en la prevención y mitigación del daño celular provocado por especies oxidantes o radicales libres provenientes principalmente de la alimentación y el ambiente. En los últimos años aumentó a nivel mundial la demanda de alimentos saludables por parte de los consumidores, exigiendo productos que además de frescos e inocuos, sean también funcionales. El objetivo de este trabajo es evaluar la calidad fisicoquímica y nutricional de diferentes variedades y material avanzado de boniato, frutilla y tomate provenientes del Programa de Mejoramiento Genético Hortícola de INIA. Se ha determinado el contenido de los compuestos antioxidantes más abundantes en estos tres agroalimentos: compuestos fenólicos, vitamina C, antocianinas y carotenoides totales y la capacidad antioxidante total medida por los métodos de DPPH y ORAC. Las metodologías para determinar compuestos bioactivos y capacidad antioxidante fueron validadas a escala de microvolúmenes, siguiendo principios de “Química Verde” para evitar el uso de solventes nocivos, disminuir la contaminación y reducir tiempo de análisis. Existe una gran variación en el contenido de los compuestos bioactivos entre las especies y variedades estudiadas ( $p \leq 0,01$ ). En boniatos se destaca el contenido de carotenoides totales en las variedades de pulpa naranja (9,14 mg/100 g peso fresco en promedio), el contenido de vitamina C en frutillas (156,3 a 196,7 mg ácido ascórbico/100 g peso fresco) y en tomates (26,7 a 69,8 mg ácido ascórbico/100 g peso fresco). La capacidad antioxidante total (DPPH y ORAC) es menor en tomates y boniatos en relación con la determinada en frutillas, siendo los valores en el rango de los reportados en bibliografía. Para ORAC se obtuvieron valores promedio de 99, 130 y 2286  $\mu$ moles Trolox/100g peso fresco para las variedades de boniatos, tomates y frutillas, respectivamente. Existen diferencias significativas en la

capacidad antioxidante entre variedades dentro de las tres especies estudiadas y se encontraron correlaciones con el contenido de determinados compuestos bioactivos. Se observaron efectos de factores ambientales cuando se compararon los mismos genotipos cultivados en la zona sur y norte del país, por lo que sería clave investigar el efecto de otras variables agronómicas y culturales utilizadas mediante las técnicas optimizadas y validadas en este trabajo. La información generada a nivel nacional sobre la caracterización de estos materiales seleccionados permitiría potenciar la diferenciación a nivel comercial de acuerdo con propiedades nutricionales y/o funcionales destacadas.

## Selección por resistencia a *Peronospora destructor* en el mejoramiento genético de cebolla (*Allium cepa*)

Galván GA<sup>6</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Arias M<sup>6</sup>, González-Rabelino P<sup>8</sup>

[ggalvanv@gmail.com](mailto:ggalvanv@gmail.com)

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 F1 S1 tuvieron un comportamiento similar al padre susceptible. Se seleccionaron las líneas más resistentes, y sus progenies F1 S2 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 F1 S2 y líneas de medios hermanos mostraron niveles de resistencia parcial comparables a Regia, lo que permitiría desarrollar cultivares resistente con una buena adaptación.



---

## Bacteriosis en cultivos de cebolla en Uruguay: identificación y análisis filogenético de las especies involucradas

De Armas S<sup>5</sup>, Pianzola MJ<sup>5</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Galván G<sup>6</sup>, Siri MI<sup>5</sup>

[dearmasstefanie@gmail.com](mailto:dearmasstefanie@gmail.com)

El suministro de cebolla muestra variaciones interanuales en Uruguay, asociadas a grandes pérdidas durante la conservación poscosecha. Las pudriciones bacterianas son la principal causa de tales pérdidas. Las lesiones foliares pueden ser devastadoras para algunas variedades, mientras que las infecciones en bulbo-semilla pueden provocar pérdida de semillas. El objetivo de este trabajo es por tanto identificar a nivel de especie los agentes causales de pudriciones de bulbos y lesiones foliares en cultivos de cebolla en Uruguay. Las muestras con síntomas se recolectaron de predios comerciales y estaciones experimentales en el Sur (bulbos y hojas) y Norte (hojas) de Uruguay. Los aislamientos de cultivos bacterianos se identificaron a nivel de género utilizando herramientas clásicas (microscopía, tinción de gram, pruebas bioquímicas primarias) y amplificación y secuenciación del gen del ARNr 16S. Las cepas aisladas correspondieron principalmente al género *Pantoea*, generándose de esta manera una colección de 43 aislados de *Pantoea* (39 a partir de hojas y 4 a partir de bulbos). Se evaluó la habilidad patogénica de aislamientos seleccionados, mediante diferentes metodologías de inoculación en bulbos y hojas de diferentes variedades, tanto del Sur como del Norte del país. Los aislados evaluados difirieron en su agresividad, observándose niveles altos de severidad con las cepas de *P. ananatis*, tanto en las variedades del Norte como del Sur. Por último, la técnica *Multi-Locus Sequence Analysis* (MLSA) basada en el análisis filogenético de los genes housekeeping *rpoB*, *gyrB*, *fusA* y *leuS* se llevó a cabo para estudiar la diversidad genética de las cepas aisladas, y determinar las especies de *Pantoea* que afectan los cultivos de cebolla en Uruguay. La técnica molecular utilizada permitió identificar 5 especies de *Pantoea* que afectan los cultivos de cebolla, destacándose *P. vagans* y *P. eucalypti*, que aún no han sido reportadas como especies patógenas de cebolla.

# Evaluación de la susceptibilidad de las variedades de frutilla ‘INIA Ágata’, ‘INIA Yuri’ y ‘SGN25.1’ a *Neopestalotiopsis clavispora*, *Rhizoctonia* AG-A y *Macrophomina phaseolina*

Laxague M<sup>7</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Boffano L<sup>7</sup>, Rubio L<sup>1</sup>, Estelda C<sup>7</sup>, Ghelfi J<sup>1</sup>, Amaral J<sup>1</sup>, Silvera E<sup>7</sup>

[esilvera@fagro.edu.uy](mailto:esilvera@fagro.edu.uy)

La producción de frutilla en la zona de Salto, que abastece la oferta de otoño, invierno y primavera temprana está siendo afectada por un complejo de patógenos que producen debilitamiento y muerte de plantas. El uso de cultivares resistentes o tolerantes, integrado a prácticas culturales son una alternativa de manejo a las enfermedades. En Uruguay no se conoce el comportamiento de las variedades utilizadas a necrosis de raíz y corona. El objetivo de este trabajo fue evaluar la susceptibilidad de las variedades INIA Ágata, INIA Yuri e INIA N25.1 a *Neopestalotiopsis clavispora*, *Rhizoctonia* AG-A y *Macrophomina phaseolina*. Plantas de frutilla de 12 semanas fueron inoculadas con los tres patógenos. *N. clavispora* se inoculó colocando las raíces en una suspensión de conidios ( $1 \times 10^5$  esporas mL<sup>-1</sup>), *Rhizoctonia* AG-A se inoculó a través de una mezcla de arena con salvado (5%) al sustrato, mientras que para *M. phaseolinase* adicionó granos de avena (0,9%). El diseño experimental consistió en bloques completamente al azar con tres repeticiones, cinco plantas por parcela en *N. clavispora* y *Rhizoctonia* AG-A y cuatro en *M. phaseolina*. Las plantas se incubaron en cámaras de crecimiento durante siete, 14 y 70 días para *N. clavispora*, *Rhizoctonia* AG-A y *M. phaseolina*, respectivamente. Se evaluó la severidad (%) foliar, raíz y corona por medio de escala y se calculó el índice de enfermedad (%). Se realizó análisis de varianza y las medias de los tratamientos se compararon por Tukey (5%) (Genes 2013.5.1). Las variedades INIA Ágata e INIA N25.1 inoculadas con *N. clavispora* y *Rhizoctonia* AG-A presentaron menor severidad a nivel de raíz y corona que INIA Yuri. En cambio, *M. phaseolina* afectó corona y raíz de las tres variedades. INIA Ágata e INIA N25.1 resultaron menos susceptibles a *N. clavispora* y *Rhizoctonia* AG-A, pero las tres variedades son susceptibles a *M. phaseolina*.

---

## Etiología de la muerte de plantas de frutilla en el departamento de Salto, Uruguay

Machín A<sup>7</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Silvera E<sup>7</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Estelda C<sup>7</sup>, Bóffano L<sup>7</sup>,  
González-Rabelino P<sup>8</sup>

[esilvera@fagro.edu.uy](mailto:esilvera@fagro.edu.uy)

La frutilla es el tercer cultivo bajo protección más importante en el departamento de Salto. A partir del año 2015 se ha observado una disminución en el rendimiento de los cultivos asociado a una importante mortandad de plantas. Es así que recientemente se aislaron diferentes géneros de hongos y oomycetes a partir de plantas con síntomas de la enfermedad. El objetivo del trabajo fue evaluar la incidencia de hongos y oomycetes patógenos en las distintas etapas del cultivo (marzo- noviembre de 2018) de las variedades INIA Ágata, INIA Guapa e INIA Yuri en los predios de dos productores del departamento. Se colectaron 463 plantas (al azar) con síntomas de marchitamiento, hojas rojizas y secas, de las tres variedades; el muestreo se realizó mensualmente durante todo el ciclo del cultivo. A partir de lesiones en raíces y coronas se aislaron e identificaron morfológicamente los organismos presentes en las plantas sin considerar los géneros no asociados a la enfermedad. *Neopestalotiopsis* sp. fue el género con mayor incidencia en el ciclo del cultivo (41%), seguido por *Fusarium* spp. (28%), *Dactylonectria* spp. (ex *Cylindrocarpon*, 12%), *Rhizoctonia* spp. (12%), *Macrophomina* sp. (5%) y *Phytophthora* spp. (2%). A su vez, la proporción de hongos aislados a lo largo del ciclo del cultivo fue muy variable, aumentando gradualmente *Dactylonectria* spp. y *Rhizoctonia* spp. mientras que *Neopestalotiopsis* sp., *Fusarium* spp. y *Macrophomina* sp. fueron decreciendo. Todos los géneros estuvieron presentes en las tres variedades con la excepción de *Macrophomina* sp. que se aisló únicamente de INIA Ágata e INIA Guapa. El trabajo confirma a un complejo de géneros asociados a la necrosis de raíz y corona, en donde la proporción de cada uno varió en las diferentes etapas del ciclo del cultivo.

## Avances en el mejoramiento genético de papa para introducción de resistencia a marchitez bacteriana

Ferreira V<sup>5</sup>, Vilaró F<sup>6</sup>, Pianzola MJ<sup>5</sup>, Rodríguez G<sup>1</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Galván GA<sup>6</sup>, Siri MI<sup>5</sup>

[virginiaferreira20@gmail.com](mailto:virginiaferreira20@gmail.com)

La marchitez bacteriana causada por la bacteria *Ralstonia solanacearum* es la segunda enfermedad más importante para el cultivo de papa y es responsable de daños directos e indirectos, especialmente para la producción de papa semilla. No hay control eficiente de esta enfermedad a nivel de campo, ni variedades comerciales de papa resistentes disponibles para la producción. La estrategia adoptada por el programa nacional de mejoramiento genético desarrollado en INIA implica la introgresión de genes de resistencia a partir de la especie nativa silvestre *Solanum commersonii* Dun, ampliamente distribuida y adaptada a nuestras condiciones ambientales. El esquema ha abarcado varias generaciones de selección por resistencia bajo condiciones controladas y retrocruzas sucesivas con germoplasma susceptible para restringir los caracteres desfavorables del germoplasma silvestre. Nuestro grupo trabaja desde hace muchos años asistiendo a INIA en la selección de genotipos con resistencia a marchitez bacteriana. Se desarrollaron métodos moleculares de diagnóstico que han sido aplicados para la detección de infecciones latentes en plantas asintomáticas inoculadas con *R. solanacearum*, adoptando un criterio adicional para la selección de germoplasma resistente. También se profundizó en el estudio del proceso de infección del patógeno y respuestas de defensa que intervienen en los materiales resistentes generados por el programa de mejoramiento. Los resultados obtenidos sugieren que la resistencia a la marchitez bacteriana en estos genotipos está relacionada con la capacidad de la planta de restringir la colonización y multiplicación del patógeno, particularmente limitando la diseminación a lo largo del tallo. Por otro lado, se evaluó el rol de los minerales en esta interacción, verificando que el calcio tiene un efecto inhibitor en la multiplicación y virulencia de *R. solanacearum* y en la resistencia a marchitez bacteriana. Se propone continuar profundizando en este tema para consolidar los avances de muchos años de trabajo que el Grupo ha realizado en relación a la introducción de resistencia a marchitez bacteriana a

partir de germoplasma silvestre local. Se cuenta con materiales avanzados promisorios, con buenos niveles de resistencia y que ya han pasado por un proceso de selección por caracteres agronómicos, sobre los cuales se apunta a seguir trabajando para facilitar eventualmente su adopción comercial. Sobre estos materiales se verificará el nivel de resistencia a marchitez bacteriana bajo condiciones controladas y en macrotúnel intentando reproducir las condiciones de infección natural a campo. También se analizará la capacidad de desarrollar infecciones latentes a nivel de tallo y de tubérculo. Estos materiales, a su vez, podrán ser utilizados como progenitores en nuevos ciclos de cruzamientos con germoplasma silvestre local, de forma de ampliar la base genética disponible y complementar atributos de resistencia.

Este trabajo se desarrollará en el marco del Proyecto CSIC Grupos I+D realizado en conjunto entre investigadores de Facultad de Química, Facultad de Agronomía e INIA.

## Estudio de la sarna común de la papa en Uruguay: avances y desafíos

Lapaz MI<sup>5</sup>, Pianzola MJ<sup>5</sup>, Vilaró F<sup>6</sup>, Rodríguez G<sup>1</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Galván GA<sup>6</sup>, Siri MI<sup>5</sup>

[ineslapaz@gmail.com](mailto:ineslapaz@gmail.com)

La sarna común de la papa es una enfermedad de distribución mundial causada por bacterias del género *Streptomyces*. Se caracteriza por la presencia de lesiones necróticas con una textura corchosa en la superficie de los tubérculos que varían en severidad y apariencia dependiendo de la interacción entre la planta, las condiciones ambientales y el patógeno. A partir de una demanda desde el sector productivo en la zafra 2009-2010 por pérdidas significativas asociadas a esta enfermedad, nuestro grupo realizó el relevamiento de cepas a partir de tubérculos y suelos de campos paperos, generando una colección de 70 cepas de *Streptomyces* patógenas caracterizadas, identificando las especies patógenas presentes como *S. scabies*, *S. acidiscabies*, *S. europaescabiei* y *S. niveiscabiei*. También se profundizó en el estudio de los factores responsables de la virulencia en estas especies, reportando por primera vez la producción de una nueva fitotoxina en cepas patógenas atípicas que carecían de la taxtomina A, factor determinante de patogenicidad en *Streptomyces*. Los resultados obtenidos a partir de estos trabajos permitieron conocer las especies actualmente presentes en nuestro país y avanzar en la comprensión de los mecanismos de patogenicidad y aparición de nuevas variantes patogénicas de *Streptomyces* patógenos de papa. En esta nueva etapa de trabajo se propone aprovechar la experiencia y capacidades generadas en este tema para implementar nuevas estrategias de manejo y avanzar en el desarrollo de variedades de papa resistentes a sarna común. El programa de mejoramiento de papa de INIA cuenta con clones avanzados en diferentes etapas de evaluación agronómica y validación comercial. En este germoplasma se han identificado diferentes reacciones de resistencia a sarna común bajo condiciones naturales. Nuestro grupo optimizará un método de *screening* que permita discriminar niveles de susceptibilidad a esta enfermedad. Se evaluarán diferentes tipos de ensayos, seleccionando aquel que logre un mejor poder de discriminación entre materiales de referencia con

diferentes niveles de resistencia, conjugando además adecuados niveles de reproducibilidad y adecuación a las condiciones disponibles. Este método se utilizará para caracterizar el germoplasma avanzado con dos objetivos: (i) determinar grados de resistencia en futuros cultivares a liberar, (ii) identificar fuentes de resistencia para incorporar en cruzamientos, con la idea de generar nuevas poblaciones para selección y el posible estudio de las bases genéticas de esta respuesta.

Este trabajo se desarrollará en el marco del Proyecto CSIC Grupos I+D realizado en conjunto entre investigadores de Facultad de Química, Facultad de Agronomía e INIA.

## Evaluación de fuentes de resistencia contra bacterias vasculares de importancia en el cultivo de tomate

González MV<sup>6</sup>, Denis N<sup>5</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Siri MI<sup>5</sup>, Galván GA<sup>6</sup>

[marvi3112@gmail.com](mailto:marvi3112@gmail.com)

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es una de las cuatro hortalizas principales del Uruguay considerando la superficie que ocupa, el número de productores y el valor bruto de producción. La producción se destina principalmente para el consumo en fresco como tomate de mesa (91%), con una producción total de 33139 toneladas y un área de 395 ha. La producción de tomate de mesa es a campo en la zona sur en verano-otoño y bajo cubierta en primavera-verano-otoño, mientras que en la zona norte se produce bajo cubierta en otoño-invierno-primavera (contraestación). Los problemas sanitarios en los cultivos repercuten negativamente en la rentabilidad y, por consiguiente, en el ingreso económico de los productores. Las bacterias son patógenos con gran incidencia en los cultivos protegidos y a campo en nuestro país. Tanto *Clavibacter michiganensis* ssp. *michiganensis* (Cmm) como *Ralstonia solanacearum* (Rs) son bacterias vasculares que causan muerte de plantas, afectando la productividad del cultivo de tomate. Los objetivos generales de este trabajo son la identificación de nuevas fuentes de resistencia a las enfermedades bacterianas de tomate producidas por Cmm y Rs, con potencialidad de ser utilizadas en el mejoramiento genético de tomate, y analizar la base genética de la resistencia. Se utilizarán especies del género *Solanum* sección *Lycopersicon* como pool genético a evaluar y se generarán poblaciones segregantes entre genotipos contrastantes para analizar la base genética de la resistencia. Para Cmm, las evaluaciones fenotípicas se realizarán con una cepa de alta agresividad. Con el propósito de evaluar la resistencia al marchitamiento o fase sistémica (cancro primario), se inoculará con una suspensión de bacteria sobre la zona radicular. Para evaluar la resistencia al cancro secundario, se inyectará una suspensión de bacteria sobre una herida en tallo. Los síntomas se evaluarán en forma periódica en base a escalas de marchitamiento y daños foliares. Para marchitez bacteriana (Rs), se cuenta con una única cepa de Rs aislada de cultivos de tomate del sur del país



en el año 2007, la cual pertenece al filotipo IIA-sequevar 7. Por otro lado, se cuenta con una cepa de referencia (GMI1000), también aislada de tomate perteneciente al filotipo I sequevar 18. En todas las etapas, se evaluará la expresión de síntomas, así como la presencia de los patógenos en forma asintomática mediante qPCR con primers específicos para Cmm y Rs. Se espera que el conocimiento generado a partir de este proyecto contribuya a introducir fuentes de resistencia en el programa de mejoramiento genético de tomate de INIA Uruguay, tanto como genotipos cultivados o como pies portadores de múltiples resistencias a enfermedades persistentes en el suelo para producción de plantas mediante injertos.

## Herramientas de selección temprana en la mejora de la calidad sensorial de las frutillas nacionales

Pedrozo P<sup>1,2</sup>, Moltini A<sup>1,2</sup>, Pintos P<sup>1</sup>, Luque E<sup>1</sup>, Salvo M<sup>1</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Ares G<sup>4</sup>, Alcaire F<sup>4</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Lado J<sup>1,2</sup>

[jlado@inia.org.uy](mailto:jlado@inia.org.uy)

La selección temprana por marcadores moleculares asociados a características de interés sensorial, sería una herramienta clave para optimizar y acelerar la selección de frutillas desde etapas tempranas del programa de mejoramiento genético. Recientemente se describió que los genes *FaFAD 1* y *FaOMT* determinan directamente la presencia de gamma-decalactona (GD) y mesifurano (MF), respectivamente, compuestos clave en la percepción del sabor de frutillas maduras. El presente trabajo consiste en conocer el impacto de la presencia/ausencia de estos compuestos en la percepción del consumidor uruguayo, así como validar el uso de selección asistida por estos marcadores en el proceso de mejora genética de frutilla. Para ello se realizó la extracción de ADN de 32 genotipos del germoplasma disponible por el programa de mejoramiento genético de INIA para su caracterización molecular. Se detectó la presencia del alelo funcional para *FaOMT* y se identificó la presencia o ausencia del gen *FaFAD1*, utilizando el protocolo descrito por Cruz-Rus et al. 2017 y Sánchez-Sevilla et al. 2014. En función de los resultados se seleccionaron 6 genotipos (4 nacionales y 2 extranjeros, Marisol y Sabrina) con características contrastantes: Marisol (*FAD1* ausente; *OMT* ausente), INIA Ágata (*FAD1* presente; *OMT* ausente), Sabrina (*FAD1* presente; *OMT* presente), U20.4 (*FAD1* presente; *OMT* ausente), S73.1 (*FAD1* ausente; *OMT* ausente) y T17.4 (*FAD1* presente; *OMT* ausente). El estudio con consumidores se realizó en dos momentos del ciclo productivo (setiembre y octubre) en Montevideo, siguiendo el método Rate-All-That-Apply (RATA) para cinco características (olor típico a frutilla, dulzor, acidez, sabor típico a frutilla, sabor extraño) y tres intensidades (leve, media, alta). En la primera etapa se contó con 64 consumidores (48% hombres, 52% mujeres) de entre 18 y 52 años de edad. En la segunda etapa se contó con 57 consumidores (64,91% hombres, 35,09% mujeres) de entre 16 y 62 años de edad. Los resultados mostraron una

ausencia de correlación entre las características sensoriales evaluadas y la presencia/ausencia de los genes marcadores. El sabor típico a frutilla destacó en Marisol en comparación con Sabrina, S73.1, U20.4 y T17.4, especialmente en la segunda cosecha. En aroma típico a frutilla destacó en Sabrina y Marisol en comparación con INIA Ágata, U20.4 y T17.4, sin diferenciarse de S73.1 en la segunda cosecha, mientras que en la primera no existieron diferencias entre los cultivares. Los resultados preliminares no mostraron relación entre la presencia/ausencia de los genes seleccionados y las características sensoriales de los materiales evaluados, por lo que existirían otros factores determinantes que influyen directamente en la percepción de los consumidores.

# Identificación de fuentes genéticas con bajo nivel de síntomas inducidos por *Tomato chlorosis virus* (ToCV) en germoplasma *Solanum* sección *Lycopersicon*

González-Arcos M<sup>1</sup>, Fonseca MEN<sup>11</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Lima MF<sup>11</sup>, Michereff Filho M<sup>11</sup>, Moriones E<sup>15</sup>, Fernández-Muñoz R<sup>15</sup>, Boiteux LS<sup>11</sup>

[matgon@inia.org.uy](mailto:matgon@inia.org.uy)

El virus de la clorosis del tomate o *Tomato chlorosis virus* (ToCV) pertenece al género Crinivirus, es transmitido por moscas blancas y está asociado a pérdidas de rendimiento y calidad en cultivos de tomate de Sudamérica. La búsqueda de fuentes de resistencia/tolerancia es un objetivo importante dentro de los programas de mejoramiento genético de la región. Una colección de germoplasma de 33 accesiones integrada por especies cultivadas y salvajes del género *Solanum* (sección *Lycopersicon*), fue evaluada por su comportamiento ante ToCV en una serie de tres ensayos conducidos en Uruguay y Brasil bajo condiciones de infección natural y experimental. La reacción ante la presencia de ToCV fue medida a partir de una escala de severidad de síntomas y la infección sistémica fue evaluada por RT-PCR y/o hibridación molecular. Un subgrupo de accesiones fue también evaluado por su comportamiento ante mosca blanca en dos ensayos con “libertad de elección” conducidos en Uruguay (con *Trialeurodes vaporariorum*) y Brasil (con *Bemisia tabaci* Middle-East-Asia-Minor1 – MEAM1 = biotipo B). La fuente más estable de tolerancia a ToCV fue identificada en *S. habrochaites* PI 127827 (síntomas leves y bajo título viral) y *S. lycopersicum* ‘LT05’ (síntomas leves pero alto título viral). Las dos accesiones fueron colonizadas por ambas especies de mosca blanca, por lo que se descarta la potencial intervención de algún mecanismo de resistencia al vector. Otras fuentes promisorias para el mejoramiento fueron *S. peruvianum* (sensu lato) ‘CGO 6711’ (síntomas leves y bajo título viral), *S. chilense* LA1967 (síntomas leves pero alto nivel de oviposición de *B. tabaci* MEAM1) y *S. pennellii* LA0716 (síntomas medios y bajo nivel de oviposición de *B. tabaci* MEAM1). Serían necesarios estudios adicionales para conocer aspectos de la base genética de las fuentes de tolerancia/resistencia identificadas en este grupo de accesiones.

## Primer reporte de un marcador molecular asociado a un factor genético de tomate que controla la reacción de tolerancia al virus de la clorosis del tomate (ToCV)

González-Arcos M<sup>1</sup>, Fonseca MEN<sup>1</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Boiteux LS<sup>11</sup>

[matgon@inia.org.uy](mailto:matgon@inia.org.uy)

Hasta el momento, el Virus de la Clorosis del Tomate o *Tomato chlorosis virus* (ToCV) es la única especie de *Crinivirus* reportada infectando tomate en Sudamérica. Los síntomas típicos son amarillamiento intervenal y senescencia prematura, resultando en la reducción de la capacidad fotosintética. Nuestro trabajo previo identificó accesiones de tomate silvestre y cultivado con altos niveles de tolerancia al desarrollo de síntomas inducidos por ToCV. Para estudiar la base genética de este carácter, la línea elite tolerante de tomate (*Solanum lycopersicum*) 'LT05' fue cruzada con la accesión sensible de *S. pimpinellifolium* 'TO-937'. Seis poblaciones experimentales (P<sub>R</sub>, P<sub>S</sub>, F<sub>1</sub>, BCP<sub>R</sub>, BCP<sub>S</sub> y F<sub>2</sub>) derivadas de este cruzamiento interespecífico fueron inoculadas (en plántulas) mediante moscas blancas adultas de *Bemisia tabaci* MEAM1. Las plantas inoculadas fueron trasplantadas a recipientes individuales para su caracterización fenotípica. El contenido de clorofila fue medido en forma indirecta a los 60 días de plantación (DDP) usando un medidor SPAD Minolta. La evaluación de síntomas de ToCV fue realizada a los 120 DDP a partir de una escala de expresión de síntomas (índice de severidad) que varía entre 0 (tolerante) y 3 (muy sensible). La infección sistémica de ToCV fue evaluada por hibridación molecular (*tissue blot*). Aunque todas las plantas F<sub>2</sub> mostraron infección sistémica de ToCV, se identificaron diferentes niveles de expresión de síntomas, con la línea LT05 mostrando síntomas muy leves (índice de severidad = 1,2) y la línea 'TO-937' mostrando amarillamiento severo generalizado (índice de severidad = 2,93). Las lecturas altas de SPAD fueron fuertemente correlacionadas con síntomas leves de ToCV. Las proporciones de estos caracteres en las poblaciones segregantes indican un control genético a partir de un único locus recesivo. Este factor de tolerancia a crinivirus fue tentativamente denominado como *cvt* (= *crinivirus tolerance*). Un marcador molecular basado en PCR fue identificado en estrecha asociación con *cvt* a

partir de un Bulked Segregant Analysis. Esta información puede ser usada para futuros trabajos destinados a localizar este factor genético en el genoma de tomate. El control genético simple indica que el desarrollo de cultivares de tomate con tolerancia a ToCV es un objetivo alcanzable por el mejoramiento genético.

## Expresión fenotípica, herencia y localización cromosómica de *mtz*: locus recesivo que aporta altos niveles de tolerancia a metribuzin en tomate

González-Arcos M<sup>1</sup>, Fonseca MEN<sup>1,1</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Correia NM<sup>1,1</sup>, Boiteux LS<sup>1,1</sup>

[matgon@inia.org.uy](mailto:matgon@inia.org.uy)

El metribuzin es un herbicida ampliamente usado en cultivos de tomate (*Solanum lycopersicon*) a campo, ya sea para mesa o procesamiento. Los productores generalmente lo utilizan en pre-trasplante o en etapas tempranas del desarrollo del cultivo. Aún a las dosis y momentos recomendados, muchas variedades muestran síntomas típicos de fitotoxicidad luego de su utilización, situación que se puede agravar en condiciones ambientales favorables como radiación insuficiente, suelos arenosos y lavado del producto con absorción por raíces. En este contexto, el desarrollo de cultivares de tomate tolerantes al metribuzin facilitaría las estrategias de manejo de malezas. En este trabajo, utilizamos como fuente de tolerancia la línea de tomate 'UGA1113-MT (= 'CNPH-0498') que puede tolerar sin daños visibles aplicaciones foliares de metribuzin de hasta 2.88 Kg.ha<sup>-1</sup> en estado de plántula con tres hojas verdaderas. Para los estudios de herencia fueron generadas diferentes poblaciones por cruzamiento entre dos líneas contrastantes: 'Viradoro' (sensible al metribuzin) y CNPH-0498. Se utilizaron los híbridos recíprocos, la generación F<sub>2</sub> así como familias F<sub>3</sub>. Veinte días luego del trasplante, el producto comercial Sencor fue pulverizado a la dosis de 2 L.ha<sup>-1</sup> (0.96 kg.ha<sup>-1</sup> de metribuzin) en condiciones de invernadero. La generación F<sub>1</sub> fue tan sensible como el parental Viradoro, descartándose efectos maternos. La generación F<sub>2</sub> (n=515 plantas) tuvo un típico patrón de segregación 3:1, con 126 individuos tolerantes y 389 sensibles, indicando la acción de un único locus nuclear recesivo. Lo denominamos tentativamente *mtz*. El marcador molecular OPZ11-930 fue identificado en asociación con *mtz* a través de la estrategia de *Bulked Segregant Analysis*. La secuencia del amplicón polimórfico permitió localizar el locus en el cromosoma 1. Esta información será útil para futuros esfuerzos en identificar candidatos para la identidad genética del locus *mtz*.

# Una introgresión asociada con el locus *Sw-5* del cromosoma 9 de tomate produce un aumento del contenido de ácido ascórbico en fruta madura

González-Arcos M<sup>1</sup>, Fonseca MEN<sup>11</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Boiteux LS<sup>11</sup>

[matgon@inia.org.uy](mailto:matgon@inia.org.uy)

En tomate han sido identificados y mapeados varios loci de herencia cuantitativa (QTL) relacionados al contenido de ácido ascórbico (AA). Algunos colocalizan con diferentes enzimas relacionadas a las rutas metabólicas de AA. Alelos de interés para el mejoramiento han sido identificados en *Solanum pennelli*, *S. habrochaites* y *S. lycopersicon var cerasiforme*. En estudios preliminares, hemos observado aumentos significativos del contenido de AA en frutas maduras portadoras del alelo *Sw-5* (resistencia a Tospovirus) en el cromosoma 9. Para confirmarlo, generamos tres grupos de líneas casi isogénicas (NIL), incorporando por retrocruzamiento el alelo *Sw-5* derivado del cultivar 'Stevens' en tres líneas elite de tomate (*S. lycopersicum*) que representan contextos genómicos diferentes: LAM147, CNPH1247 y LAM186. La presencia contrastante del alelo *Sw-5* en cada par de NIL fue confirmada con un marcador molecular funcional. El contenido de AA en fruta madura fue determinado por HPLC utilizando una columna de intercambio iónico. Para tres ensayos independientes, demostramos que la presencia del locus *Sw-5* se asociaba a incrementos de AA del orden de 1,46; 1,24; y 1,63 veces (peso fresco) en las NIL generadas con LAM147, CNPH1247 y LAM186, respectivamente. Este incremento fue heredado de forma dominante en la generación F<sub>1</sub> derivada del cruzamiento de ambas NIL. Una población F<sub>2</sub> de 50 individuos derivada del cruzamiento entre LAM186 y su NIL mostró una fuerte relación entre la presencia de *Sw-5* y el alto contenido de AA, con porcentaje de recombinación  $\leq 12\%$ . Tentativamente, denominamos *Vtc* al locus dominante ligado a *Sw-5* y relacionado con este efecto fenotípico. Al menos cinco genes diferentes pertenecientes a la ruta metabólica de síntesis y reciclaje de AA están localizados en el cromosoma 9. Entre ellos, solo los genes *GME2* (GDP-mannose 3', 5'-epimerase) y *LOC101249491* (Rho GDP-dissociation inhibitor



1) localizan en una posición que puede explicar los resultados obtenidos y, por tanto, son postulados como candidatos para la identidad de Vtc. La secuencia genómica de ambas NIL permitirá comparar la región que contiene estos candidatos y así avanzar con la selección de polimorfismos que expliquen las diferencias fenotípicas encontradas.

## **Alelo con pérdida de función de un gen tipo *TAC-1* (*SITAC1*) localizado en el cromosoma 10 de tomate es candidato para el mutante Hoja Erecta (*Erl*)**

González-Arcos M<sup>1</sup>, Fonseca MEN<sup>11</sup>, Zandonadi DB<sup>13</sup>, Peres LEP<sup>14</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Ferreira DS<sup>16</sup>, Kevei Z<sup>16</sup>, Mohareb F<sup>16</sup>, Thompson AJ<sup>16</sup>, Boiteux LS<sup>11</sup>

[matgon@inia.org.uy](mailto:matgon@inia.org.uy)

La base genética del fenotipo hoja erecta fue investigada en distintas poblaciones, incluida la derivada de *Solanum lycopersicum* 'LT05' (con hoja erecta y maduración uniforme, genotipo uu) × *S. pimpinellifolium* 'TO-937' (con fenotipo de hoja salvaje o normal y fruta con hombros verdes, genotipo UU). El fenotipo hoja erecta fue heredado en forma semidominante y cosegregando con el alelo *u* del gen *SIGLK2* (*Solyc10g008160*). Esta información coincide con la ya descrita mutación semidominante *Erectoid leaf* (*Erl*). Los genomas de LT05, TO-937 y otras cuatro líneas de tomate portadoras de fenotipo salvaje (alelo *Erl*<sup>+</sup>) fueron resecuenciados con el objetivo de identificar genes candidatos. Del análisis comparativo de estos genomas se identificó un polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) exclusivo del fenotipo hoja erecta dentro del gen *Solyc10g009320*. Este SNP provoca un cambio entre el codón glutamina (CAA, presente en todos los genotipos *Erl*<sup>+</sup>) y un codón de parada (TAA, presente en el genotipo *Erl*). El cambio resulta en una versión más pequeña de la proteína codificada, pasando de 279 a 221 aminoácidos. El gen previamente anotado como desconocido, fue identificado dentro de la familia de genes denominada *TILLER ANGLE CONTROL 1* (*TAC1*). El ligamiento entre *Erl* y *Solyc10g009320* fue confirmado mediante la secuencia de los amplicones generados por PCR de la región genómica que contiene el SNP. No se detectaron variantes en un total de 256 individuos F<sub>2</sub> analizados. Líneas isogenéticas (S<sub>7</sub>) contrastantes para el fenotipo hoja erecta fueron homocigotas para cada uno de los alelos del gen, reforzando que el gen *Solyc10g009320* es un fuerte candidato para la identidad de *Erl*. Estos resultados deberán ser confirmados por una validación funcional del gen y abren la posibilidad de realizar un control fino de la arquitectura de la planta de tomate por los programas de mejoramiento.

## Utilización de marcadores moleculares asociados a genes de resistencia en el mejoramiento genético de tomate

Giambiasi M<sup>1,3</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Arruabarrena A<sup>1</sup>

[mgiambiasi@inia.org.uy](mailto:mgiambiasi@inia.org.uy)

En el tomate (*Solanum lycopersicum*) la resistencia a enfermedades es determinada, en varios casos, por un gen de efecto dominante. Esta característica es utilizada en el mejoramiento de cultivares híbridos creando líneas avanzadas que, a la hora de cruzar con otras líneas, generen un híbrido (F1) con un adecuado complemento de genes de resistencia. A nivel productivo, los cultivos que presentan genes de resistencia a enfermedades otorgan numerosas ventajas al productor: disminución de pérdidas por patógenos o enfermedades, menor uso de fitosanitarios, menor costo de mano de obra, ente otros. El proyecto de mejoramiento genético de tomate de INIA intenta seleccionar numerosos genes de resistencias para diferentes patógenos: Tospovirus (gen Sw-5), Tobamovirus (gen Tm2<sup>2</sup>), *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* raza 1, 2 y 3 (genes I, I-2 y I-3), *Verticillium albo-atrum* o *V. dahliae* raza 1 (gen Ve), Begomovirus (gen Ty-1), *Pseudomonas syringae* (gen Pto) y *Meloidogyne* spp. (gen Mi). Estos genes cuentan con marcadores moleculares ligados que permiten monitorear su presencia y/o estado (homo o heterocigota). En este trabajo, se ajustaron y validaron estos marcadores utilizando variedades de referencia, obteniendo así, una poderosa herramienta de selección a nivel de plantines. Luego de realizar este ajuste, cada año se analizan más de 70 genotipos en los ciclos de otoño y primavera. Este tipo de selección, que no depende del ambiente ni de la presencia del agente causal de la enfermedad, permite avanzar rápidamente en la piramidación de genes de resistencia. De este modo, el programa de mejoramiento genético de tomate de INIA es capaz de liberar en poco tiempo variedades con múltiples genes de resistencia a enfermedades.

# Identificación molecular de un clon de frutilla mediante marcadores microsatélites

Giambiasi M<sup>1,3</sup>, Vicente E<sup>1</sup>, Arruabarrena A<sup>1,3</sup>

[mgiambiasi@inia.org.uy](mailto:mgiambiasi@inia.org.uy)

A comienzos del año 2017 surgieron dudas sobre la identidad genética de un clon avanzado de frutilla. Este genotipo concordaba con las características morfológicas del clon N25.1, valioso por su alta resistencia a enfermedades de tallo y raíz. Los marcadores microsatélites (SSR) son segmentos cortos de ADN de 1 a 6 pares de bases (pb), que se repiten en tándem y de forma aleatoria en el genoma. Son considerados una poderosa herramienta para estudios genéticos. En este trabajo se planteó estudiar la identidad del clon avanzado de frutilla y confirmar si se trata del clon N25.1. Se recolectaron muestras de hoja y se extrajo ADN del clon problema (sitio 1), de otro predio de validación (sitio 2) y de la planta original mantenida en el banco de germoplasma de INIA Salto Grande. También se recolectaron hojas y se extrajo ADN del clon R14.1, que tiene como uno de sus parentales al clon N25.1. Se utilizó un set de 4 marcadores moleculares (loci SSR) previamente ajustados y seleccionados en el laboratorio de Biotecnología de INIA SG para realizar el estudio. Para confeccionar la matriz y analizar los resultados se utilizó información adicional de las configuraciones alélicas de otros genotipos relacionados o no a N25.1 para dar mayor confiabilidad al método. Para el análisis filogenético se generó una matriz binaria, donde los alelos fueron contados como “1” para presente y “0” para ausente. La matriz de distancias generada se utilizó para construir un dendrograma por medio del coeficiente Dice y el método UPGMA utilizando el software SplitsTree4. Los resultados obtenidos determinaron que el clon N25.1 del banco de germoplasma de INIA y los clones obtenidos en los sitios 1 y 2 tienen la misma configuración alélica. El resto de los genotipos estudiados comparten algunos alelos con el clon de referencia, pero en ningún caso comparten la totalidad. En el dendrograma resultante del análisis filogenético se observa que el clon N25.1 y el clon problema (sitio1) se agrupan. El individuo más próximo a este grupo es R14.1 de acuerdo a lo esperado ya que uno de sus parentales es N25.1. Los marcadores moleculares permitieron discriminar

los diferentes genotipos. Se confirmó que el clon problema del sitio 1 corresponde a N25.1.

## Mejoramiento de precisión para incrementar el contenido de licopeno en frutos de tomate

Arruabarrena A<sup>1,3</sup>, Lado J<sup>1,2</sup>, Peres LEP<sup>14</sup>, Stange CR<sup>17</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Vidal S<sup>10</sup>

[aarruabarrena@inia.org.uy](mailto:aarruabarrena@inia.org.uy)

El tomate es una hortaliza ampliamente consumida en la dieta y una de las principales fuentes de antioxidantes. Una estrategia para potenciar su capacidad antioxidante es promover la acumulación de licopeno. Adicionalmente, esto aportaría otros atributos deseables desde el punto de vista comercial como un color rojo uniforme y más intenso. Para lograr este objetivo se plantearon dos estrategias: i) caracterizar los alelos provenientes de *Solanum pimpinellifolium* de los genes que codifican para fitoeno sintasas (PSYs) que se expresan en el fruto y diseñar herramientas moleculares para su introgresión en el tomate cultivado, ii) crear nuevos alelos no funcionales de la enzima licopeno  $\beta$  ciclasa 2 específica de fruto (CYC-B) en contextos genómicos de interés, específicamente en líneas elite con hábito de crecimiento indeterminado. La enzima PSY es la primera de la ruta de síntesis de carotenoides, mientras que la enzima CYC-B cataliza la conversión de licopeno en  $\beta$ -caroteno. Por tanto, una mayor actividad de la primera o la inactivación de la segunda promueven la acumulación de licopeno en el fruto. Se estudiaron los patrones de expresión de los genes que codifican para PSY1 y PSY4 durante el desarrollo del fruto en el tomate cultivado (*S. lycopersicum* cv. "M82") y la especie silvestre *S. pimpinellifolium* LA1589. Se determinó que la expresión del gen de PSY1 es mil veces mayor en *S. pimpinellifolium*, mientras que para PSY4 se observó un aumento de 8 veces cuando el fruto cambia de color. Se realizaron estudios funcionales de la proteína PSY4 ya que su actividad fitoeno sintasa aún no fue descrita. Para ello se utilizaron bacterias que producen  $\beta$ -caroteno cuando se complementan con un gen que tenga actividad fitoeno sintasa. Se determinó que la proteína PSY4 no tiene la capacidad de restaurar la producción de  $\beta$ -caroteno en estas bacterias y, en consecuencia, no tendría esta función en planta. Se diseñaron marcadores moleculares tipo CAPS para la introgresión en el tomate cultivado del alelo de PSY1 proveniente de *S. pimpinellifolium* LA1589. Para generar alelos no funcionales del gen que

codifica la CYC-B, se optó por utilizar el sistema CRISPR/Cas9 con dos ARN guías para generar deleciones en su región codificante. Se determinó la actividad *in vitro* del complejo Cas9/ARNguías constatándose que los dos ARNguías diseñados son capaces de clivar el ADN blanco en el sitio esperado. Estos ARNguías se clonaron en el vector pDIRECT22C que codifica la maquinaria necesaria para la expresión de la Cas9 y los ARNguías en la planta. Se transformaron líneas elite de interés con esta construcción y se están regenerando plantas completas que serán analizadas para detectar potenciales alelos no funcionales de la enzima CYC-B. El conocimiento de la vía de síntesis de carotenoides en contexto del mejoramiento genético combinado con la edición genómica y otras herramientas biotecnológicas es una estrategia innovadora para potenciar el valor nutricional y la apariencia de nuevos cultivares nacionales.

## Identificación de grupos genéticos y distribución de la variabilidad de papas silvestres para su conservación en colecciones núcleo y uso en mejoramiento genético

Gaiero P<sup>9</sup>, Andino M<sup>9</sup>, Vaio M<sup>9</sup>, Vidal R<sup>9</sup>, Abad-Njers G<sup>9</sup>, Amarillo A<sup>9</sup>, Silva S<sup>9</sup>, Hernández N<sup>9</sup>, Ramos S<sup>9</sup>, Stancov V<sup>9</sup>, Moreira L<sup>9</sup>, Heiden G<sup>12</sup>, Nicolao R<sup>12</sup>, Toranza C<sup>9</sup>, Castillo A<sup>3</sup>, Ibáñez F<sup>2</sup>, Rodríguez G<sup>1</sup>, González-Arcos M<sup>1</sup>, Galván G<sup>6</sup>, Siri MI<sup>5</sup>, Vilaró F<sup>1,6</sup>, Speranza P<sup>9</sup>

[pgaiero@fagro.edu.uy](mailto:pgaiero@fagro.edu.uy)

En Uruguay, Argentina y el sur de Brasil se distribuyen parientes silvestres de la papa como *Solanum commersonii*, *S. malmeanum* y *S. chacoense*. Presentan resistencia a varios estreses bióticos y abióticos, gran adaptabilidad a nuestros ambientes y amplia diversidad genética. La variabilidad genética y de ambientes donde se distribuyen no está bien representada en las colecciones de bancos de germoplasma. Si bien son parte del pedigree de algunos cultivares, se ha aprovechado parcialmente su variabilidad. Este proyecto busca, en paralelo con un proyecto de Embrapa Clima Temperado en Brasil, caracterizar genética y morfológicamente los parientes silvestres de la papa de Uruguay y sur de Brasil y construir colecciones núcleo. En Uruguay se colectaron 161 accesiones de 107 puntos de colecta, priorizando prospectar nuevas poblaciones. Se caracterizaron por variables morfofenológicas, diversidad genética por marcadores microsatélites y nivel de ploidía. Se encontraron dos grandes grupos morfológicos (litoral norte y resto del país) y un tercero menor, que coinciden con los grupos genéticos y contienen genotipos mayoritariamente 2x y algunos individuos 3x. Se analizará a los triploides con marcadores plastidiales para identificar la especie materna y probar la hipótesis de su condición híbrida. Se están modelando los nichos ecológicos de estos parientes silvestres de la papa teniendo en cuenta variables bioclimáticas y topográficas. Luego se realizará un análisis de vacíos (Gap analysis) para orientar de forma optimizada nuevos esfuerzos de colecta. Con los grupos genéticos definidos se construyó una colección núcleo representativa incluyendo genotipos de colectas previas que han sido utilizados en cruzamientos interespecíficos con papas cultivadas en INIA. Esta colección



está siendo evaluada para características de interés. Se encontró gran variabilidad dentro y entre genotipos para contenido de glicoalcaloides totales en tubérculo. Se está instalando un ensayo de resistencia a *Ralstonia solanacearum* y se instalará a campo otro de infestación natural con *Phytophthora infestans* para identificar genotipos con distintos niveles de resistencia. Se encontró alta viabilidad de polen en individuos diploides. Las accesiones 3x tienen viabilidad reducida o nula, mientras que algunas accesiones 2x mostraron baja viabilidad, podrían estar actuando mecanismos de esterilidad citoplasmática. Se identificaron 25 accesiones 2x y 3x productoras de polen no reducido. Se está evaluando el número de balance endospermico (EBN) y la producción de óvulos no reducidos de la colección núcleo con polinizadores de 1EBN y 2EBN. El producto final será una colección núcleo representativa de la variabilidad de nuestras papas silvestres, evaluada para caracteres de interés.

## Afiliaciones

<sup>1</sup> Programa Nacional de Investigación en Producción Hortícola, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay.

<sup>2</sup> Plataforma Agroalimentos, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay.

<sup>3</sup> Unidad de Biotecnología, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay.

<sup>4</sup> Sensometría y Ciencia del Consumidor, Instituto Polo Tecnológico de Pando, Facultad de Química, Universidad de la República, Canelones, Uruguay

<sup>5</sup> Laboratorio de Microbiología Molecular, Área Microbiología, DEPPIO, Facultad de Química, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

<sup>6</sup> Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

<sup>7</sup> Departamento de Protección Vegetal. EEFAS. Facultad de Agronomía. Universidad de la República, Salto, Uruguay.

<sup>8</sup> Departamento de Protección Vegetal. Facultad de Agronomía. Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

<sup>9</sup> Departamento de Biología Vegetal. Facultad de Agronomía. Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

<sup>10</sup> Laboratorio de Biología Molecular Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay.

<sup>11</sup> Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). Centro Nacional de Investigación en Hortalizas (CNPH), Embrapa Hortalizas, Brasília, DF, Brasil.

- <sup>12</sup> Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.
- <sup>13</sup> Laboratório de Biotecnologia Vegetal, Núcleo de Pesquisas em Ecologia e Desenvolvimento Sócio-ambiental. Universidade Federal do Rio de Janeiro, Macaé, RJ, Brasil.
- <sup>14</sup> Laboratorio de Control Hormonal y Desarrollo de Plantas, Departamento de Ciencias Biológicas, Escuela Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidad de São Paulo (ESALQ/USP), Piracicaba, SP, Brasil.
- <sup>15</sup> Instituto de Hortofruticultura Subtropical y Mediterránea “La Mayora”, Consejo Superior de Investigaciones Científicas (IHSM-UMA-CSIC), Universidad de Málaga, E-29750 Algarrobo-Costa, Málaga, España.
- <sup>16</sup> Cranfield Soil and Agrifood Institute, Cranfield University, Cranfield, Reino Unido.
- <sup>17</sup> Laboratorio de Biología Molecular Vegetal, Facultad de Ciencias, Universidad de Chile, Santiago, Chile.