

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

Gaiero P⁹, Andino M⁹, Vaio M⁹, Vidal R⁹, Abad-Njers G⁹, Amarillo A⁹, Silva S⁹, Hernández N⁹, Ramos S⁹, Stancov V⁹, Moreira L⁹, Heiden G¹², Nicolao R¹², Toranza C⁹, Castillo A³, Ibáñez F², Rodríguez G¹, González-Arcos M¹, Galván G⁶, Siri MI⁵, Vilaró F^{1,6}, Speranza P⁹

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.