

Giambiasi Mario<sup>1</sup>, Vicente Esteban<sup>2</sup>, Arruabarrena Ana<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratorio de Biotecnología, INIA Salto Grande, Salto, Uruguay.

<sup>2</sup>Programa Nacional de Producción Hortícola, INIA Salto Grande, Salto, Uruguay.

Mail: arruabarrena@inia.org.uy

## INTRODUCCIÓN

La frutilla es un producto tradicional de la horticultura del noroeste de Uruguay. El cultivo se realiza en unidades de producción familiar, en pequeñas superficies que utilizan una importante cantidad de mano de obra (Vicente *et al.*, 2012). El programa de mejoramiento genético de INIA busca obtener cultivares con calidad superior de fruta, resistencia a enfermedades y adaptadas a las condiciones del Uruguay. Previamente a liberarse una nueva variedad se validan los clones avanzados en predios de productores representativos (Vicente *et al.*, 2004). A comienzos del año 2017 surgieron dudas sobre la identidad de un clon avanzado en el predio de uno de los validadores. Este genotipo concordaba con las características morfológicas del clon N25.1, valioso por su alta resistencia a enfermedades de tallo y raíz. En este trabajo se planteó estudiar la identidad del clon avanzado de frutilla y confirmar si se trata de N25.1.

## MATERIALES Y MÉTODOS

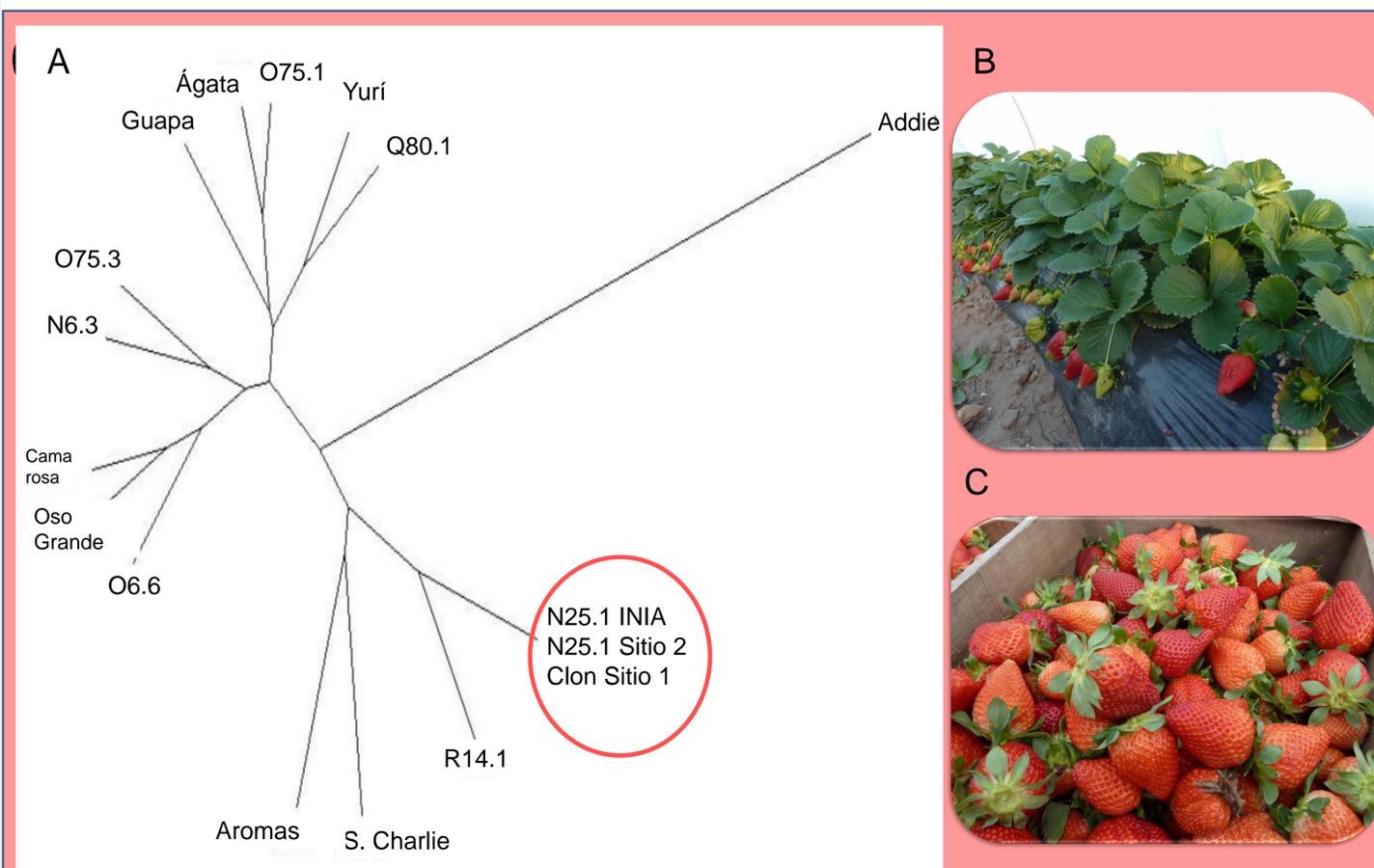
Se recolectaron muestras de hojas y extrajo ADN del clon a relevar su identidad, del clon N25.1 procedente del predio de otro validador y del banco de germoplasma de INIA. También se recolectaron hojas del clon R14.1, descendiente de N25.1.

Se seleccionaron 4 marcadores moleculares (loci SSR) previamente ajustados en el laboratorio de Biotecnología de INIA SG para realizar es 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 a los resultados. Los genotipos utilizados, su origen y la relación con N25.1 se detallan en la Tabla 1.

## RESULTADOS

**Tabla 1.** Configuración alélica de los 4 marcadores (FG7cd, D11, FG1cd y FG2cd) en los genotipos analizados en este trabajo. Los números corresponden con el tamaño en pares de bases del alelo presente. Los espacios vacíos indican la ausencia de ese alelo.

Genotipo	FG7cd	marcador D11	FG1cd	FG2cd	Relación con N25.1
Clon Sitio1	255 264 272 315	203 209 212 229	489 501 507	398 406 418 424 437	se sospecha N25.1
N25.1 Sitio 2	255 264 272 315	203 209 212 229	489 501 507	398 406 418 424 437	N25.1
N25.1 INIA	255 264 272 315	203 209 212 229	489 501 507	398 406 418 424 437	clon original
R14.1	255 264 315 328	203 212 229	489 495 507	398 406 418 424 437	hijo de N25.1
Q75.1	255 264 315 328	209 215 218 232	489 501 507	406 418 437	hijo de N25.1
Q75.3	255 264 272 328	209 212 215 232	489 501 507 517	418 437	hijo de N25.1
Q80.1	255 264 272 315 328	209 215 232	489 501 507 517	398 406 418 424 437	hijo de N25.1
N6.3	255 264 315 328	209 212 215 218 232	489 501 507 517	378 418 437 442	sin relación directa
O6.6	255 264 290 315	203 209 212 215 226 232	489 501 507 517	378 406 418 437 442	sin relación directa
Ágata	255 264 315 328	209 215 232	489 495 501 507	378 406 418 437	sin relación directa
Guapa	255 264 290 315 328	203 209 215 232	489 501 507	378 398 406 418 424 437	sin relación directa
Yurí	255 264 272 315	209 215 232	489 507 517	378 406 418 424 437	sin relación directa
Camarosa	255 264 290 315	203 209 212 215 232	489 501 507 517	378 418	presente en pedigree
Aromas	255 264 272 315	209 212 215 226 229 232	489 495 507 517	418 424 437	presente en pedigree
Oso Grande	255 264 315	209 212 215 232	489 501 507 517	378 406 418	presente en pedigree
S. Charlie	255 264 272 290	203 209 212 215 226 229 232	489 501 507	406 418 424 437	presente en pedigree
Addie	255 264 272 309	209 212 215 218 220 232	489 495 507	418 437 442	presente en pedigree



**Figura 1.** A. Análisis filogenético de los genotipos analizados. B. Planta de N25.1. C. Fruta de N25.1.

## CONCLUSIONES

Las configuraciones alélicas de los genotipos: Clon sitio 1; N25.1 sitio 2 y N25.1 INIA son idénticas.

Los marcadores moleculares permitieron discriminar los diferentes genotipos, emparentados y no emparentados.

El Clon en estudio (sitio 1) corresponde al genotipo N25.1.

## Bibliografía

- Vicente, E., Manzoni, A., González, M., Giménez, G., Barros, C., Vassallo, M. 2012. La producción de frutilla en salto: investigación, desarrollo e innovación. Revista INIA, diciembre 2012.
- Vicente, E., Giménez, G., Manzoni, A., Cabot, M. 2004. Avances del programa de mejoramiento genético de frutilla en Uruguay. Simposio nacional de morango. Pelotas. Palestras, Embrapa Clima Temperado, 38-45.
- Arruabarrena A., Salvo M., Giambiasi M., Vicente E., Giménez G., Speranza P. 2016. Caracterización genética preliminar del programa de mejoramiento de frutilla de INIA, Uruguay. XVI Congreso Latinoamericano de Genética. Montevideo.