

MV 29

DIVERSIDAD GENÉTICA Y FENOTÍPICA PARA LA DETERMINACIÓN DE LA ESTRUCTURA POBLACIONAL EN GENOTIPOS DE PAPA DE DIVERSO ORIGEN

Tagliotti M.E. (*ex-aequo*)^{1,2}, S.I. Deperi (*ex-aequo*)^{1,2}, M.C. Bedogni², M.A. Huarte². ¹CONICET. ²EAA-INTA, Balcarce.
Email: tagliotti.martin@inta.gob.ar

La papa es el cuarto cultivo en superficie plantada y el tercero en importancia alimentaria mundial. Debido a su herencia tetrasómica el mejoramiento genético molecular ha tenido limitada aplicación en este cultivo. El mapeo asociativo surge como una estrategia eficiente utilizando marcadores moleculares a nivel tetraploide. Para dicho análisis, la estructura de la población utilizada debe ser considerada de forma previa. El objetivo de este trabajo fue analizar la estructura de una población para mapeo asociativo mediante marcadores moleculares SNPs (polimorfismo de secuencia simple) y marcadores fenotípicos. Se analizaron 4859 SNPs en 191 genotipos de diverso origen. La estructura poblacional se determinó mediante un análisis discriminante de componentes principales (DAPC). Para los datos fenotípicos se realizaron análisis de agrupamiento teniendo en cuenta descriptores cualitativos de uso frecuente en mejoramiento, el rendimiento, la materia seca y la aptitud para fritura. El análisis genético por DAPC dividió a la población en cinco grupos mientras que el análisis fenotípico lo hizo en siete. En todos los casos se diferenciaron las dos subespecies en tres grupos definidos, siendo el tercero una transición entre ambas. El resto de los mismos fueron definidos por las variables asociadas a las dos metodologías, evidenciándose en ellos, el efecto ambiental, la base genética y los criterios de selección utilizados. Ambas metodologías permitieron demostrar gran diversidad genética poblacional y determinar su estructura para futuros análisis por mapeo asociativo.

MV 30

SELECCIÓN POR RESISTENCIA A *Peronospora destructor* EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CEBOLLA (*Allium cepa*)

Galván G.A.¹, E. Vicente², M. Arias¹, P. González Rabelino³.
¹Centro Regional Sur, Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay.
²Estación Experimental Salto Grande, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Uruguay. ³Departamento de Protección Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República.
Email: hortiers@fagro.edu.uy

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 F₁S₁ tuvieron un comportamiento similar al padre susceptible. Se seleccionaron las líneas más resistentes, y sus progenies F₁S₂ 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 F₁S₂ y líneas de medios hermanos mostraron niveles de resistencia parcial comparables a Regia, lo que permitiría desarrollar cultivares resistente con una buena adaptación.