

MV 31

COMPUESTOS BIOACTIVOS EN CLONES DE PAPAS (*Solanum tuberosum* L.) DE PULPA COLORIDA

Cima F.F.¹, M.V. Schiavon², E.S. Pereira³, P.C. Munhoz⁴, M. Vizzotto⁵, A.S. Pereira⁵. ¹Programa de Pós-graduação em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil. ²Bacharel em Química de Alimentos, UFPel. ³Programa de Pós-graduação em Ciência e Tecnologia de Alimentos, UFPel. ⁴Tecnólogo em Viticultura e Enología, UFPel. ⁵Pesquisador(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.
Email: franci_cima@yahoo.com.br

El objetivo de este trabajo fue evaluar la concentración de compuestos bioactivos de 16 clones de papa de pulpa colorida. El trabajo se realizó en el Núcleo de Alimentos de Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, utilizando muestras de tubérculos producidos en la cosecha de otoño de 2014. Para la extracción de los compuestos fenólicos y antioxidantes, se utilizó el solvente metanol; para la cuantificación de los compuestos fenólicos, se utilizó el reactivo Folin-Ciocalteu y, de la actividad antioxidante, el radical estable DPPH; para antocianinas, etanol acidificado con HCl; y, para carotenoides, solución de etanol/acetona. La ANOVA reveló diferencia significativa entre los clones cuanto a las concentraciones de los compuestos fenólicos y antocianinas, y actividad antioxidante. En relación a la media de los compuestos fenólicos, los clones C2715-01-09, C2743-01-09, C2715-22-09, C2721-22-09 y C2719-24-09 formaron el grupo superior, presentando concentraciones por encima de 141 mg 100 g⁻¹ de muestra fresca; para antocianinas, los clones C2716-05-09 y C2743-01-09 se sobresalieron, con medias por encima de 109 mg 100 g⁻¹ de muestra fresca; y, para actividad antioxidante, se destacaron los clones C2715-01-09, C2743-01-09 y C2715-22-09, con medias por encima de 2.021 µg g⁻¹ de muestra fresca. Estos resultados confirman la presencia de elevadas concentraciones de compuestos fenólicos y antocianinas, y actividad antioxidante en papas de pulpa colorida, y demuestran variabilidad genética entre los clones analizados.

MV 32

MOLECULAR AND BIOCHEMICAL EFFECTS OF EFR-GENE INSERTION AFFECTING POTATO-BACTERIAL WILT INTERACTION

Boschi F.¹, F. Vilaró², S. Murchio², G.A. Galván³, C. Schwartzman², C. Zipfel⁴, M. Dalla Rizza². ¹Instituto Nacional de Semillas. ²Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria. ³Universidad de la República. ⁴The Sainsbury Laboratory.
Email: fboschi@inase.org.uy

Bacterial Wilt is a potato disease caused by *Ralstonia solanacearum* responsible for losses in crops worldwide. Plants can detect conserved microbial molecules (PAMPs) through pattern recognition receptors (PRR), leading to PAMP triggered Immunity. Particularly, EFR receptor is a PRR from *Arabidopsis thaliana*, that confers plant defense to a range of phytopathogenic bacteria from different genera by recognition of the Elongation Factor Tu (EF-tu) protein. We have evaluated the combination of classical potato breeding (clones with introgressed resistance genes from *S. commersonii*) and the use of genetic engineering for the transference of the *efr* gene to find qualitative resistance to bacterial wilt in potato. Ten transgenic events from INIA Iporá variety (susceptible) and ten events from a breeding clone 09509.6 (partially resistant) with EFR receptor were developed and characterized. The presence of the *efr* gene was evaluated by PCR, copy number was determined by Real time PCR and protein expression and function by Western Blot and ROS assay. The 10 genotypes INIA Iporá-EFR variety presented the *efr* gene, and expressed a functional protein whereas the copy number was from one to four copies. From Clone 09509.6-EFR, seven had the *efr* gene and five expressed a functional protein whereas copy number varied from zero to 12 copies controlled plant inoculation with *R. solanacearum* under biosafety protocols was performed and results will be presented and discussed. In conclusion, EFR-potato lines characterized could be promising genotypes for breeding for resistance to bacterial wilt.