

## 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.