

## Fenotipado y genotipado con marcadores SSR de líneas endocriadas de girasol (*Helianthus annuus* L.), contrastantes para la tolerancia al estrés hídrico

Nancy G. Grandon<sup>1\*</sup>, Eugenia A. Martín<sup>2</sup>, Emanuel Cicconi<sup>3</sup>, Carolina del P. Díaz<sup>4</sup>, Eva M. C. Mamani<sup>1</sup>, Ma. Valeria Moreno<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Laboratorio de Biotecnología, INTA-EEA Manfredi. Ruta Nac. Nº 9. Km 636. (5988) Manfredi, Córdoba, Argentina. <sup>2</sup>IICAR-CONICET. Campo Experimental Villarino, CC Nº 14 (S2125ZAA). Zavalla, Santa Fe, Argentina. <sup>3</sup>Asesor técnico. Buenos Aires 563. (5986) Oncativo, Córdoba, Argentina. <sup>4</sup>Estadística. Grupo Economía, INTA-EEA Manfredi. Ruta Nac. Nº 9. Km 636. (5988) Manfredi, Córdoba, Argentina. \*e-mail: [grandon.nancy@inta.gob.ar](mailto:grandon.nancy@inta.gob.ar)

El objetivo del presente trabajo fue caracterizar siete líneas endocriadas de girasol para la tolerancia al estrés hídrico en invernáculo y determinar su genotipo con marcadores microsatélites (SSR). El fenotipado se realizó durante el periodo vegetativo, bajo dos condiciones hídricas: a capacidad de campo (CC) y bajo estrés (EH) durante 16 días. Las variables evaluadas fueron ganancia de área foliar (GAF), transpiración total acumulada (Tta), tasa de asimilación neta (TAN), eficiencia en el uso del agua (EUA) y la relación tasa transpiratoria (TT) vs. déficit de presión de vapor (DPV) (pendiente y punto C). Estas mismas líneas se analizaron con 127 SSR y se realizó un análisis de conglomerados a partir de las distancias de Nei *Standard*. Se encontraron diferencias significativas tanto para genotipo como para tratamiento e interacción significativa para TAN, EUA y el punto C. Bajo EH, todos los genotipos mostraron una reducción de GAF y Tta, y un aumento de TAN y EUA. Además, todos los genotipos mostraron una reducción de la pendiente y el punto C de la relación TT-DPV bajo estrés. El ACP explicó el 80% de la variabilidad y la CP1 separó a los genotipos HA89 y R419 de los demás por presentar menor pendiente y mayor punto C. Mientras que la CP2 discriminó a los genotipos por tratamientos en función de los valores de EUA y Tta. De los 127 SSR analizados, amplificaron 91 SSR y se detectaron 262 alelos. Por otro lado, el análisis de conglomerados logró discriminar dos grupos, uno formado por HAR4 y B59 y otro que incluyó a los demás genotipos. En conclusión, las líneas endocriadas fueron clasificadas como de alta eficiencia transpiratoria (HA64 y HAR4), intermedia (B59, R423 y R432) y baja (HA89 y R419). Siendo posible la construcción de poblaciones de mapeo a partir del cruzamiento de los genotipos contrastantes para el carácter.