

Efecto del fondo genético en la composición de ácidos grasos de semillas de girasol portadoras de diferentes mutaciones alto oleico

Constanza Alberio^{ac}, Luis Aguirrezábal^{ac}, Natalia Izquierdo^{ac}, Roberto Reid^b, Andrés Zambelli^a.

a- IIDEAGROS, Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP.

b- Advanta Semillas

c- CONICET

Se evaluó a campo, en distintas localidades y fechas de siembra, el efecto de la nueva mutación ultra-alto oleico NM1 sobre la composición de ácidos grasos en semillas maduras cosechadas en 4 líneas de girasol, y se las comparó con sus respectivas líneas cuasi isogénicas (NIL) portadoras de la mutación Pervenets (P). La presencia de NM1 no sólo incrementó el porcentaje de ácido oleico sino que también lo mantuvo estable a través de los ambientes estudiados. Asimismo, las NILs portadoras de NM1 (NM1-NILs) mantuvieron niveles de ácido oleico por encima de 91% independientemente del fondo genético y el ambiente, mientras que aquellas con la mutación P (P-NILs) mostraron niveles más bajos y una fuerte influencia del fondo genético. En base a estos resultados, se seleccionaron dos pares de NILs contrastantes para el porcentaje de ácido oleico. Se sembraron en macetas individuales en invernáculo y bajo condiciones controladas y se evaluó la dinámica de la composición de ácidos grasos a los 11, 14 y 17 días desde floración y en madurez fisiológica. Las NM1-NILs iniciaron el llenado de granos con un porcentaje de ácido oleico menor ($44,5\% \pm 3,7$) comparado con las P-NILs ($54,3\% \pm 2,2$). Sin embargo, a partir del día 17 desde floración, superaron la tasa de síntesis de ácido oleico de las P-NILs, alcanzando niveles mayores de oleico en madurez fisiológica. El efecto de fondo genético observado en semillas maduras, se mantuvo en las semillas inmaduras colectadas en distintos momentos del desarrollo. Se prevé evaluar la transcripción de los genes codificantes de las enzimas estearato desaturasa y oleato desaturasa, intervinientes en la síntesis de ácido oleico y linoleico, comparando los distintos pares de NILs y evaluar si hay algún efecto modulador relacionado al fondo genético.