

Superior de Investigaciones Biológicas (INSIBIO), CONICET-UNT, San Miguel de Tucumán, Argentina.* caro.pilar@inta.gob.ar

AsES (*Acremonium strictum* Elicitor Subtilase) es una proteína purificada del sobrenadante del hongo patógeno *A. Strictum*. Se ha demostrado previamente que el pretratamiento con AsES, induce una respuesta de defensa en plantas de frutilla y *Arabidopsis*. Asimismo, se observó que AsES confiere protección frente a diversos patógenos, como el hongo hemibiotrófico *Colletotrichum acutatum* y el patógeno necrotrófico *Botrytis cinerea*. Considerando que la naturaleza así como el mecanismo de acción de compuestos que inducen actividad antiviral en plantas es ampliamente desconocido, el objetivo de este trabajo fue obtener la proteína AsES mediante expresión recombinante con el fin de evaluar su capacidad de gatillar respuestas de inmunidad antiviral. Los resultados de este trabajo mostraron que el tratamiento exógeno de plantas de *Arabidopsis* con la proteína AsES, reduce significativamente el título viral de TMV-Cg, correlacionándose además, con escasos síntomas de infección. Del mismo modo, resultados similares se obtuvieron en plantas de *Nicotiana benthamiana*, en donde se observó una reducción en el movimiento célula a célula y un retraso en el movimiento sistémico. El pretratamiento con la proteína recombinante AsES redujo significativamente la infección viral, y podría considerarse un candidato para ser explotado como una alternativa a las estrategias actualmente disponibles para activar la inmunidad antiviral en plantas, con bajos costos para el fitness de la planta y una defensa más robusta y efectiva en presencia del patógeno.

BV58. Bioprospección de metabolitos secundarios con potencial actividad antioxidante en harinas integrales del fruto de *Prosopis caldenia* Burkart de diferentes ecorregiones

Dalzotto, D. (1,2)*; Boeri, P. (1,2); Piñuel, L. (1,2); Sharry, S. (1,3)

(1) Universidad Nacional de Río Negro, Río Negro Viedma, Argentina. (2) CIT-Río Negro –CONICET, Viedma, Río Negro, Argentina. (3) Laboratorio de investigaciones en madera (LIMAD), Facultad de Ciencias Agrícolas y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina.

*danielacdalzotto@gmail.com

Actualmente los metabolitos secundarios (MS) de origen vegetal han atraído cada vez más la atención en el área de la biotecnología y la bioprospección debido sus numerosas propiedades y potenciales aplicaciones en la industria farmacéutica, cosmética y alimenticia. La identificación de estos compuestos a partir de recursos nativos podría ser relevante para su revalorización y el desarrollo de productos que promuevan las economías regionales. Argentina cuenta con varias especies endémicas que aún no han sido profundamente estudiadas en este aspecto, como es el caso del Caldén (*Prosopis caldenia* Burkart). En este sentido y teniendo en cuenta que la composición y cantidad de MS que sintetizan las plantas depende, entre otros aspectos, de las condiciones ambientales en las que se encuentren, el objetivo de este trabajo fue evaluar y comparar el contenido de compuestos fenólicos, antocianinas y capacidad antioxidante de la harina integral de vainas de caldén de las provincias de La Pampa (HILP) y de Río Negro (HIRN). Para ello, se realizaron extracciones de ambas harinas con etanol, metanol y acetona al 70%, con una relación muestra:solvente de 1:8. En cada caso, se determinó el contenido total de polifenoles (CTP), de antocianinas, mediante el método de diferencia de pH, y la actividad antioxidante (AO) a través de los métodos DPPH y ABTS. El CTP varió de acuerdo al extracto y fue: acetónico > etanólico > metanólico, para HILP (12,04±0,15; 8,89±0,5; 8,42±0,23 mg eq GAE/g de harina PF, respectivamente) y acetónico > metanólico > etanólico para HIRN (26,89±1,07; 25,31±1,02; 21,79±0,06 mg eq GAE/g de harina PF, respectivamente). El mayor contenido de antocianinas se obtuvo en el extracto metanólico, para el caso de HIRN (20,28±1,3 mg eq de C3GE/100 g de harina) y en el acetónico, para HILP (1,8±0,85 mg eq de C3GE/100 g de harina PF). Respecto a la AO, las muestras de Río Negro presentaron una actividad superior a la observada en las de La Pampa en ambos métodos. Para el método ABTS, el extracto acetónico presentó mayor AO para HIRN y HILP (225,2±0,7 y 78,3±0,8 µmoles eq Trolox/g harina PH, respectivamente). Con el método de DPPH en ambos tipos de harinas, la mayor AO observada fue en los extractos etanólicos y acetónicos (281,05±4,8 y 78,41±1,92 µmoles equivalentes de Trolox/g harina PH para HIRN y HILP, respectivamente). Tanto en términos de concentración de MS y de AO, la harina de Río Negro fue superior a la de La Pampa. Estos resultados podrían estar asociados a la diferencia en la ubicación geográfica de donde

proviene las muestras, ya que, en Río Negro, los ejemplares de *P. caldenia* se encuentran más expuestos a situaciones de estrés ambiental y ello, induciría una mayor síntesis de MS. Ambas harinas demostraron ser una potencial fuente de compuestos bioactivos con AO, los cuales pueden tener un amplio uso en el campo de la biotecnología y promover el biodesarrollo local.

BV59. Mapeo de QTLs en *Carthamus tinctorius* L.

Cerrotta, A. (1)*; Zappacosta, D. (1), Gallo C: A. (3); Lindström, L.I. (2); Echenique, V. (1).

(1) Departamento de Agronomía, Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS-CONICET, CCT, Bahía Blanca, Argentina). (2) Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina. (3) Departamento de Ciencias de la Computación, Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS, CCT-Bahía Blanca).

*acerrotta@cerzos-conicet.gob.ar

El cártamo es una especie anual de la familia de las asteráceas, cultivada como oleaginosa en regiones semiáridas. La calidad industrial de su grano depende del contenido de materia grasa, que está negativamente correlacionada con el contenido de cáscara (CC). Su producción posee una importancia secundaria, por lo que el estado del arte en el desarrollo de información genómica es limitado, comparado a otras especies. El estudio de los caracteres de interés para el mejoramiento puede ser abordado a través del mapeo de QTLs sobre un mapa de ligamiento, creado a partir del genotipado de una población biparental. Las poblaciones F₂ poseen baja resolución de mapeo, no detectan interacciones del QTL con el ambiente, pero son fáciles y rápidamente constituidas.

Informamos aquí la obtención de un mapa de ligamiento medianamente saturado basado en una F₂ derivada de un cruzamiento entre parentales contrastantes para el carácter CC (WSRC03 y Montola 2000). El genotipado se realizó por Dartseq (SAGA-CIMMYT), y el mapa de ligamiento mediante el software JointMap5, consensuándolo con el genoma de referencia a nivel de *scaffolds* de Bowers *et al* (2016). El análisis de agrupamiento se realizó mediante el test de independencia con el estadístico LOD (logaritmo de las probabilidades) y el mapeo mediante el