

BV8. Identificación en papas andinas de nuevas regiones genómicas relacionadas al endulzamiento inducido por frío

Sucar, S. (1)*; Castellote, M.A. (1); Carboni, M.F. (3); Massa, G.A. (1,2,3); Rey, M.F. (1,2); Divito, S.B. (1); Feingold, S.E. (1).

(1) Laboratorio de Agrobiotecnología, IPADS (INTA - CONICET), Balcarce, Argentina. (2) Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP, Argentina. (3) CONICET, Argentina.
[*sucar.sofia@inta.gob.ar](mailto:sucar.sofia@inta.gob.ar)

El endulzamiento inducido por frío (CIS, por sus siglas en inglés) se produce como consecuencia del habitual almacenamiento a baja temperatura que sucede al recibir la papa de cosecha, con el objetivo de prevenir el brotado, reducir la pérdida de agua y la transmisión de enfermedades. Esta práctica que contribuye a mantener la calidad, constituye a la vez el principal problema de la industria procesadora, ya que induce la acumulación de azúcares reductores (AR).

El CIS ha sido correlacionado con el incremento de la actividad de las invertasas y de las enzimas que degradan almidón. Es de interés identificar nuevos genes involucrados en este proceso dado que los AR impactan negativamente en la calidad de las chips de papa, provocando la acumulación de compuestos tóxicos, como la acrilamida y otorgando un sabor amargo y un color oscuro a las papas procesadas. Se sabe además, que el color de chips de papa está correlacionado con el contenido de AR.

Una estrategia interesante es la obtención de variedades que contengan baja concentración de AR que produzcan chips de colores aceptables para la industria. Las papas andinas del noroeste argentino, *S. tuberosum* grupo Andigena han sido descritas como las más diversas entre las especies de papa cultivada y constituyen, por tanto, un buen punto de partida para la búsqueda de genotipos que reúnan las características anteriormente mencionadas.

En el presente estudio se realizó un mapeo asociativo en un panel de 111 genotipos de papa andina y 3 variedades comerciales (*S. tuberosum* grupo *Tuberosum*), durante tres ensayos consecutivos en la EEA Abrapampa – INTA- Jujuy, zona con las condiciones climáticas óptimas para el desarrollo de las papas nativas. Evaluamos el fenotipo del color de chips utilizando una carta de colores con nueve puntos: desde amarillo muy claro (9) a marrón muy oscuro (1), desarrollada por el Instituto de Almacenamiento y Procesamiento de Productos Agrícolas de Wageningen, Holanda. Para determinar qué regiones del genoma de la papa participan en este fenómeno, se llevó a cabo un mapeo asociativo por modelo lineal mixto utilizando 5035 marcadores DArTseq altamente reproducibles. Los resultados para cada año fueron comparados y así pudimos identificar regiones genómicas en los cromosomas I, II, IV, V, VII y XI que se asocian al color de chips luego del almacenamiento a 4 °C en todos los años ($p < 0,05$).

A modo ilustrativo, efectuamos una correlación entre el color de chip y el contenido de AR para uno de los ensayos, luego del almacenamiento en frío. Se obtuvo una correlación negativa ($p < 0,0001$) y un coeficiente de correlación de $-0,6116$ el cual estuvo en concordancia con lo reportado en la literatura ($0,47-0,92$).

Estos resultados avanzan sobre la identificación de regiones genómicas de interés, potenciales candidatas para la obtención de papas resistentes a CIS.