

Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales

INTERFACES DE LA EXTENSIÓN RURAL. CASOS EN LA REGIÓN DEL GRAN LA PLATA Barrionuevo Cintia Analía

Velarde Irene (Dir.), Viteri María Laura (Codir.)

Departamento de Desarrollo Rural , Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP.

cintia.barrionuevo@agro.unlp.edu.ar

PALABRAS CLAVE: Patrimonialización de alimentos , Extensión rural, Desarrollo rural.

El objetivo general es analizar las interfaces entre agricultores familiares y extensionistas involucrados en la revalorización de productos típicos de la Región Rural Periurbana del Gran La Plata (GLP). Mediante una estrategia cualitativa, se pretende alcanzar los siguientes objetivos específicos: a) Identificar estrategias de recuperación y valorización de productos típicos locales y sus problemáticas desde el punto de vista de los actores involucrados en los procesos de extensión rural seleccionados b) Caracterizar puntos de conflicto y negociación a partir del seguimiento de acciones e interacciones concretas c) Realizar un análisis comparativo de las interfaces y evaluar las estrategias en términos de perpetuación, mediación o transformación de saberes y prácticas productivas y de extensión d) Compartir con los actores los hallazgos de la investigación empírica a fin de generar un proceso reflexivo de producción conjunta de nuevos conocimientos.

El estudio se orienta a la realización de un estudio de actores-interfaces mediante el cual analizar procesos orientados a la recuperación, conservación y reinención de productos ligados espacial y culturalmente al territorio mencionado, como, por ejemplo, el vino de la costa de Berisso (elaborado con *Vitis Labrusca*, variedad Isabella). Las contribuciones teóricas y metodológicas claves para este trabajo son el enfoque Sistemas Agroalimentarios Localizados (SIAL) y, desde la

sociología del desarrollo, la Perspectiva Orientada al Actor (AOA). El primero enfoque, SIAL, focaliza en el rescate de los elementos histórico-culturales en las identidades locales, hace foco en las representaciones y en las prácticas de los actores involucrados. La segunda, (AoA), con el análisis de interfaz, permite adoptar una óptica múltiple desde la cual describir y analizar las "arenas" en donde se visibilizan las discrepancias de valores, intereses, conocimiento y poder que se construyen dentro del entramado de relaciones.



MAPEO ASOCIATIVO PARA RENDIMIENTO Y SUS COMPONENTES EN TRIGO Cardelli Martín Gustavo

Golik Silvina Inés (Dir.), Simón María Rosa (Codir.)

Cátedra de Cerealicultura , Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP.

cardellimartin@gmail.com

PALABRAS CLAVE: Trigo, Genotipos, Marcadores Moleculares.

El trigo (*Triticum aestivum* (L) Thell.) es junto con el maíz y el arroz uno de los tres cereales de mayor producción mundial y el más ampliamente consumido por la cultura occidental desde la antigüedad. Los países productores de este cereal coinciden en la necesidad de acelerar el progreso genético para mejorar el rendimiento, la eficacia en la utilización del agua y de los nutrientes, así como la adaptación a estreses

bióticos y abióticos. El "mapeo por asociación" es una herramienta moderna que busca identificar marcadores ligados a variaciones fenotípicas en un carácter de interés a partir de un conjunto de genotipos, sobre la base del desequilibrio de ligamiento (DL). Por medio de mapeo por asociación se han localizado numerosos QTL utilizando la tecnología DArT para enfermedades y numerosos caracteres de interés agronómico.

El objetivo general que se persigue es contribuir al mejoramiento de trigo determinando genotipos con QTL para rendimiento y la utilización de los mismos para realizar selección asistida por marcadores moleculares. El ensayo se llevó a cabo durante 2014 y 2015 en la localidad de La Plata. Se utilizó un diseño experimental factorial en bloques completamente al azar con tres repeticiones. La colección estuvo constituida por 108 genotipos de trigo primaveral provenientes de 27 países. Se evaluaron el número de espigas (NESP), el número de granos por espiga (NGE) y número de granos/m² (NGT). Se calculó el peso de mil granos (PMG) y se obtuvo el rendimiento (REN). El análisis de datos se realizó mediante un análisis de varianza (ANAVA) utilizando el programa GenStat12th Edition. Las medias se compararon mediante el test LSD (P=0,05).

La población de trigos fue genotipada utilizando 2132 marcadores DaRT por Triticarte Pty Ltd (Canberra, Australia; <http://www.triticarte.com.au>). Los marcadores que dieron significancia (P<0,05) para los dos modelos en ambos ambientes ensayados fueron considerados significativos.

Se detectaron diferencias significativas entre años y genotipos para todos los caracteres (P<0,001). La interacción Año x Genotipo presentó diferencias significativas para NESP, NGE, PMG, NGT y rendimiento (REN) (P<0,001). Como se esperaba, mayores correlaciones se observaron entre REN, NGE y NGT. Para NGE se detectaron 20 marcadores moleculares asociados al mismo, dispuestos sobre los cromosomas 1A (uno), 1B (dos), 2A (cinco), 2D (tres), 4A (uno), 5B (dos), 6A (dos), 6B (uno), 7B (uno) y 7D (uno). Para NESP se encontraron 11 marcadores significativamente asociados ubicados sobre los cromosomas 1A (cuatro), 1B (uno), 2A (uno), 3A (uno), 4B (uno), 5A (uno) y 6B (dos). Para el PMG 6 marcadores moleculares se encontraron asociados, dispuestos sobre los cromosomas 3D (dos), 4A (dos) y 7B (dos). El NGT presentó 12 marcadores moleculares asociados, ubicados sobre los cromosomas 2A (dos), 2D (uno), 3B (uno), 4B (uno), 5B (uno), 6A (cuatro), 7A (uno) y 7B (uno). Para REN se detectaron 13 marcadores moleculares dispuestos sobre los cromosomas 1A (dos), 2A (uno), 2D (uno), 3B (tres), 4D (uno), 5B (uno), 6A (uno), 6B (dos), 7A (uno) y 7B (uno).

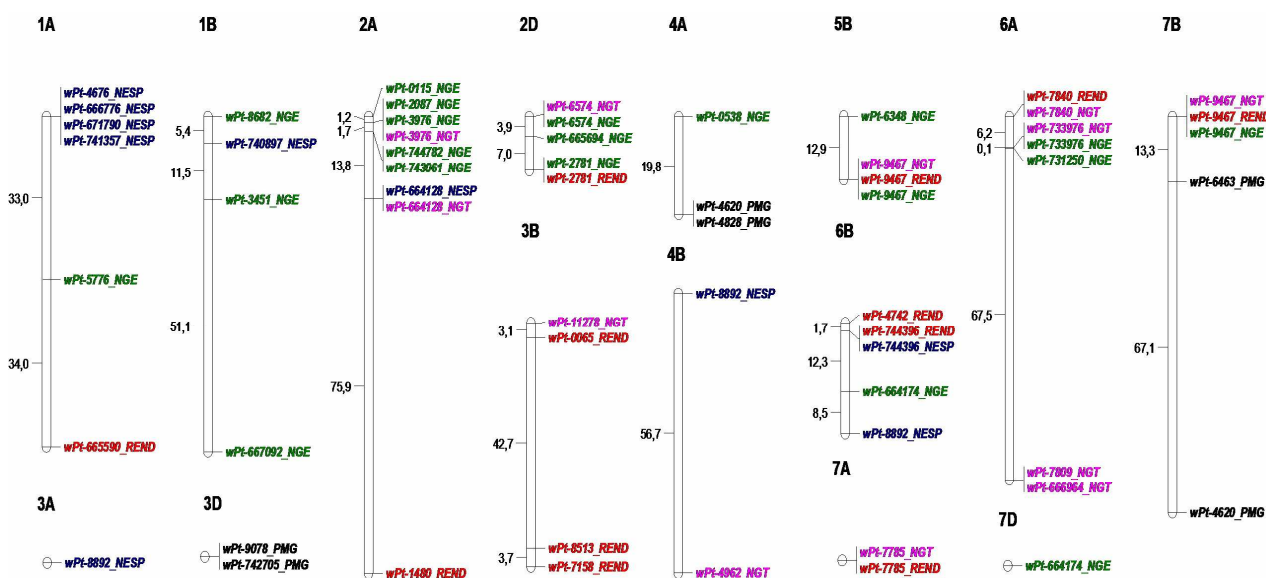


Figura 1. Disposición cromosómica de marcadores significativos para Rendimiento (rojo), número de granos/espiga (verde), peso de mil granos (negro), número de granos/m² (rosa), espigas/m² (azul).

ANÁLISIS DE LA CALIDAD NUTRICIONAL DE BRÓCOLI (*Brassica oleracea*) DURANTE LA POSTCOSECHA. EVALUACIÓN DEL METABOLISMO DE GLUCOSINOLATOS Casajus Victoria

Martínez Gustavo Adolfo (Dir.), Gómez Lobato María Eugenia (Codir.)

Instituto de Fisiología Vegetal (INFIVE), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP -CONICET.

vickycasajus@gmail.com

PALABRAS CLAVE: Brócoli, Glucosinolatos, Poscosecha.

El brócoli es una hortaliza del grupo de las crucíferas que aporta una gran cantidad de compuestos a la dieta humana con calidad nutricional. Al igual que el resto de las hortalizas de su grupo, este vegetal posee un alto contenido de glucosinolatos, metabolitos secundarios, cuyos productos de degradación poseen actividad anticancerígena y biopesticida. Los glucosinolatos se sintetizan a partir de los aminoácidos y cuando se

produce un daño tisular se ponen en contacto con la enzima mirosinasa encargada de la degradación de los mismos. Del brócoli se cosecha y se consume la cabeza floral, compuesta por órganos inmaduros, los cuales requieren una gran cantidad de agua, nutrientes y hormonas para la mantención del homeostasis. Cuando se realiza la cosecha se