

MV

**MEJORAMIENTO
VEGETAL**

**PLANT
BREEDING**

MV 1

DETERMINACIÓN DE PADRES BIOLÓGICOS DE CLONES DE *Populus* spp. POR MICROSATÉLITES

Nosedá P., R. Bratovich, A. Gennari. Papel Prensa SA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: pabloandresnosedá@yahoo.com.ar

Basados en la segregación de alelos polimórficos de microsatélites se propone determinar los posibles padres de individuos de *Populus* spp. generados a partir de la recolección de semillas en clones de comportamiento destacados en ensayos comparativos clonales. La estrategia es sondear dentro de un *pool* de posibles padres y excluir aquellos que no aportan el alelo obligado del padre, dato que se obtiene al estudiar a la madre. Dada la biología de las plantaciones de *Populus*, producto de su propagación clonal, y la inexistencia de poblaciones naturales de estos materiales, no es posible estimar frecuencias alélicas poblacionales y, por lo tanto, no es posible calcular índices o probabilidades de paternidad. Previamente determinamos qué microsatélites eran altamente polimórficos en clones comerciales de álamo y se utilizaron los marcadores SSR más polimórficos para estudiar familias conocidas y hacer estudios a ciegas para entrenar la metodología con un *pool* de cuatro padres alegados. En estos estudios se determinó que los marcadores PMGC 2020, PMGC2217 y SB24 eran suficientes para excluir a los padres alegados no biológicos dejando un único padre biológico. Finalmente se determinaron los padres biológicos de los nuevos clones destacados, por PCR-PAGE con tinción argéntica y estudio de los perfiles genéticos generados, que serán prontamente inscriptos en el INASE.

MV 2

EVALUACIÓN GENÉTICA CLÁSICA Y GENÓMICA PARA LA SELECCIÓN DE INDIVIDUOS DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. DEL INTA

Aguirre N.C.¹, P.V. Villalba¹, P. Pathauer², D. Palazzini², J.G. Rivas¹, M.N. García¹, C.V. Acuña¹, E.F. Cisneros³, R. Carreras³, M.C. Martínez³, C.R. López³, E.P. Cappa², S.N. Marcucci Poltri¹.

¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABiMo), UEDD INTA-CONICET, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Recursos Biológicos (IRB), INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ³Facultad de Ciencias Forestales, Universidad Nacional de Santiago del Estero (UNSE), Santiago del Estero, Argentina. E-mail: aguirre.natalia@inta.gob.ar

En 2015, el IRB-INTA estableció en la región pampeana tres ensayos de progenies de segunda generación de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. Las madres se seleccionaron según su valor de mejora (BVs) en un ensayo de la Universidad Nacional de Santiago del Estero. Este trabajo compara modelos de selección de genética clásica y genómica para su aplicación en el programa de mejoramiento genético de *E. camaldulensis* del INTA. En dos de los ensayos (CASTELAR y GUALEGUAYCHÚ), se evaluaron a los dos años la altura de los árboles (ALT2) y la susceptibilidad al ataque por *Leptocybe invasa* (LEP2), al cuarto año el diámetro del tronco (a 1,3 m de altura, DAP4), y al sexto año la rectitud del fuste (FOR6) y el diámetro (DAP6). En CASTELAR, se genotipificaron 141 árboles y sus madres con EuChip60k, obteniendo 22.426 SNPs. Utilizando un modelo de árbol individual multi-carácter y multi-sitio y la información de pedigrí (ABLUP) y genómica (HBLUP), se estimaron (co)varianzas y BVs de cada árbol, y sus exactitudes (ACC). Las heredabilidades de los caracteres variaron entre 0,05 y 0,95 y fueron similares entre los modelos (promedio de 0,260 para HBLUP y 0,256 para ABLUP), excepto para FOR6 donde HBLUP superó en más del 11% a ABLUP, y DAP4 donde HBLUP fue inferior (16%). Las correlaciones genéticas aditivas entre sitios y caracteres fueron en promedio superiores con HBLUP (0,224) respecto a ABLUP (0,197). Las ACC promedio de los BVs de las progenies fueron más altas para HBLUP (0,734) que para ABLUP (0,707) (máximo 11%). Estos resultados muestran la utilidad de la información genómica para la selección de individuos de *E. camaldulensis*.

MV 3

SELECCIÓN DE CULTIVARES COMERCIALES DE TRIGO PAN (*Triticum aestivum* L.) SEGÚN CARACTERES DE CALIDAD

Mójica C.J.¹, P.E. Abbate², E.A. Rossi¹, N.C. Bonamico¹, M.G. Balzarini^{3,4}. ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, CONICET-UNRC, Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) - Balcarce, Buenos Aires, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agropecuarias, Estadística y Biometría, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁴Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA-INTA), Córdoba, Argentina. E-mail: jmojica@ayv.unrc.edu.ar

En la mejora genética de trigo pan (*Triticum aestivum* L.), el rendimiento puede correlacionarse negativamente con variables de calidad. El objetivo del trabajo fue elegir cultivares de trigo pan según combinaciones de rendimiento y calidad. En el periodo 2014-2019 se evaluaron 130 cultivares comerciales de trigo pan en 10 sitios experimentales de la RET de Argentina. Las variables medidas fueron: rendimiento en grano (RG), peso de mil granos (PMG), peso hectolítrico del grano (PH), concentración de proteína (PROT) y de gluten húmedo (GH), fuerza alveográfica (W), estabilidad farinográfica (EF), volumen de pan (VOL), rendimiento en harina (RH), y contenido de cenizas (CEN). El *biplot* de genotipo por rendimiento \times calidad (GYT) se utilizó para clasificar los cultivares en base al índice de superioridad según la media de todas las combinaciones. Las dos primeras componentes principales explicaron el 86,6% de la variación entre los cultivares. Las combinaciones que permitieron discriminar los cultivares en la CP1 fue la de RG con PH y PROT, en tanto que en la CP2 lo fue EF. De los cultivares superiores a la media, WB Cristalino, Klein Cien Años y Buck Destello se asociaron mejor a las combinaciones de RG con VOL, W y EF. Mientras que Klein Valor, Aviso, Baguette620 lo hicieron con PROT, GH, CEN, PH, RH y PMG. Buck Resplandor y Buck Coliqueo presentaron la mayor estabilidad. El *biplot* GYT permite ver la clasificación de los cultivares, identificar los superiores (ubicados en la derecha del gráfico), los estables (menor distancia al vector medio) y determinar los puntos fuertes y débiles de los cultivares.

MV 4

DESARROLLO DE DOS ISOLÍNEAS DE TRIGO PAN CON Y SIN EL ALELO *GluB1x7^{OE}* Y SU EFECTO EN CALIDAD PANADERA

Nisi M.M.¹, L. Lombardo², D. Gomez², L. Mir², L. Sciarini³, G. Perez³. ¹INTA CIAP IFRGV Córdoba, Argentina; ²EAA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina; ³CYTAC Córdoba, Argentina. E-mail: nisi.maria@inta.gob.ar

La calidad de la harina para pan depende de las propiedades viscoelásticas de la masa aportadas por las proteínas del gluten como las gluteninas y gliadinas. El objetivo de este trabajo fue desarrollar isolíneas con marcadores moleculares que varían en un solo alelo de glutenina el *GluB1x7^{OE}* y estudiar su efecto en calidad panadera. Para ello se realizó un cruzamiento entre las variedades BaguetteP11 y Bointa 2001 (portadora del alelo *GluB1x7^{OE}*). En F₆ se seleccionaron dos líneas heterocigotas con el alelo *GluB1x7^{OE}* (2 y 26), luego en F₇ se seleccionaron las homocigotas con y sin el *GluB1x7^{OE}*. En 2018 se realizaron parcelas a campo con dos tratamientos de nitrógeno (100 kg/ha y 200 kg/ha) y se obtuvo la harina con la cual se realizaron análisis de capacidad de retención de solvente ácido láctico (SRClac), micro-panificaciones (volumen específico, Ve) y ensayos reométricos (G' módulo elástico, G'' módulo viscoso y tan delta G'/G''). Se observaron diferencias significativas en los Ve de las líneas con y sin el *GluB1x7^{OE}* en ambos tratamientos de nitrógeno (+6,2% en la línea 26 y +6,9% en la 2 ambas con *GluB1x7^{OE}* y +10% con 200 kg/ha con respecto a 100 kg/ha en ambas líneas), también en los SRClac de las líneas con y sin el alelo. El G' y el G'' presentan diferencias significativas en la interacción entre las isolíneas, la fertilización y la presencia de *GluB1x7^{OE}*. Ambas líneas tuvieron un comportamiento elástico. Estos resultados evidencian que la presencia de *GluB1x7^{OE}* favorece la calidad panadera en promedio en 6,4% en el Ve para 100 y 200 kg/ha en los dos fondos genéticos.

MV 5

MUTANTES DE TRIGO PAN (*Triticum aestivum* L.) BUSCANDO BAJA SENSIBILIDAD A ACETOCLOR COMO HERBICIDA PRE-EMERGENTE

Garrahan G., F. Di Pane, M. Yannicari. CEI Barrow, Buenos Aires, Argentina. E-mail: dipane.francisco@inta.gov.ar

El acetoclor es un herbicida pre-emergente del grupo de las cloroacetamidas que actúa en la inhibición de la división celular al afectar la síntesis de ácidos grasos de cadena muy larga. El acetoclor puede ser útil para el control de gramíneas que muestran múltiple resistencia a herbicidas como es el caso del *Lolium spp.*, sin embargo, no tiene registro de uso en trigo. El objetivo de este trabajo fue evaluar el comportamiento de mutantes estabilizadas de trigo pan a diferentes dosis de acetoclor -0, 1x, 2x, 3x, 4x y 5x; dosis de marbete (x)- y encontrar entre ellas posibles candidatas de baja sensibilidad al herbicida. Para ello se dispuso en macetas y en cámara de cultivo 10 mutantes previamente seleccionadas a campo a una dosis de 5x de metolacloro. Las mismas se trataron en pre-emergencia y se observó la respuesta de control y materia seca acumulada (MSA) a los 20 días de emergidas, comparándolas con el testigo (0x) y con el cultivar sin mutar (Baguette 10). Los resultados obtenidos demuestran que algunas mutantes (Mut. 3 y 10) mostraron un crecimiento igual o mayor comparados con el testigo (0x), en cambio otros redujeron la MSA hasta en un 80% en las dosis más altas (4x y 5x). Cuantificando la actividad glutation-S-transferasa basal como mecanismo de detoxificación de cloroacetamidas, se encontró variación entre mutantes. Se puede concluir que algunas mutaciones inducidas en trigo podrían conferir baja sensibilidad a acetoclor.

MV 6

ASOCIACIÓN ENTRE LA RESISTENCIA A LA FUSARIOSIS DE LA ESPIGA Y CARACTERES MORFOLÓGICOS EN CULTIVARES ARGENTINOS DE TRIGO PAN (*Triticum aestivum* L.)

Blanc A.¹, I.E. Nuñez Bordoy¹, M.D.L.M. Echeverría¹, M.F. Franco^{1,2}.
¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, INTA, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. E-mail: amparoblancc@gmail.com

La fusariosis de la espiga de trigo (FET), causada por *Fusarium graminearum*, es una de las enfermedades más devastadoras que con frecuencia ocasiona epidemias en numerosas áreas del mundo. La utilización de cultivares resistentes juega un papel clave en el manejo integrado de la FET. Considerando que numerosos caracteres morfológicos afectan a la enfermedad, dilucidar las relaciones existentes entre la resistencia a la FET y los componentes de la arquitectura de la planta que limitan el desarrollo de la enfermedad podría ser una estrategia ventajosa para acelerar el desarrollo de cultivares resistentes. El presente trabajo estudió las relaciones existentes entre la resistencia a la FET (severidad y Área Bajo la Curva de Progreso de la Enfermedad -ABCPE-) y caracteres morfológicos de la espiga (longitud de raquis, número de granos por espiga, número de granos por espiguilla, número de espiguillas y densidad de la espiga) en 49 cultivares comerciales de trigo pan (*Triticum aestivum* L.) difundidos a nivel nacional. Los materiales se evaluaron en dos años de ensayos de campo, con inoculación artificial. El análisis de los datos se realizó mediante el Test de Pearson. La densidad de la espiga estuvo significativamente asociada con la severidad de la enfermedad ($r=-0,32$; $p<0,05$) y el ABCPE ($r=-0,22$; $p<0,05$). Estos resultados constituyen un avance promisorio, ya que la consideración de los atributos morfológicos asociados a la resistencia a la FET permitirá acelerar el desarrollo de cultivares resistentes.

MV 7

ACUMULACIÓN DE BIOMASA DE LÍNEAS DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS SEMBRADAS EN FECHAS DE SIEMBRA CONTRASTANTES

Grossi Vanacore M.F.¹, A.S. Plevich¹, L.E. Aguirre^{1,2}, A. Lanzetti¹, F.N. Orozco¹, H.E. Di Santo^{1,2}, E.A. Castillo^{1,2}, E.M. Grassi^{1,2}.

¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC-CONICET, Córdoba, Argentina. E-mail: mgrossi@exa.unrc.edu.ar

Triticales (*X*Triticosecale Wittmack) y tricepiros (*X*Triticosecale Wittmack x *X*Agrotriticum Ciferri & Giacom) son híbridos con potencial forrajero para la estación invernal. El objetivo del ensayo fue evaluar la acumulación de biomasa forrajera en líneas avanzadas de tritíceas híbridas en dos fechas de siembra contrastantes. Se realizaron ensayos comparativos con diseño en bloques completos al azar con tres repeticiones en parcelas de 7 m² en fecha de siembra temprana (30/03/2021) y tardía (08/06/2021). Los materiales evaluados fueron 24 líneas de tricepiro y seis de triticales en F₁₂ junto con ocho testigos comerciales. Se midieron nueve caracteres relacionados a la producción de biomasa. En siembra temprana, los valores medios de producción de biomasa acumulada a fin de ciclo (1.439±451 g.m⁻²) y rendimiento en grano (417±167 g.m⁻²) fueron mayores respecto a la tardía (996±365 y 328±134 g.m⁻², respectivamente). En cambio, el índice de cosecha representó un 33,3% en la segunda fecha, frente a 28,6% en siembra temprana. Las líneas tuvieron un comportamiento diferencial según la fecha de siembra. Los genotipos CrF20 y C130/19 fueron superiores en producción de biomasa en ambas fechas; el primero tuvo mayor producción de grano en siembra temprana, mientras que el segundo presentó el mayor rendimiento en siembra tardía. C528 se destacó en producción de grano en ambas fechas. El análisis de componentes principales reveló correlaciones positivas en la mayoría de los caracteres analizados. Se pudieron identificar tritíceas híbridas de comportamiento superior en ambas fechas de siembra.

MV 8

CARACTERIZACIÓN Y SELECCIÓN DE LÍNEAS GRANÍFERAS DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS POR CICLO DE CRECIMIENTO

Aguirre L.E.^{1,2}, A.S. Plevich¹, M.F. Grossi Vanacore¹, M.E. Rovere^{1,2}, S. Vargas¹, H.E. Di Santo^{1,2}, E.A. Castillo^{1,2}, E.M. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC-CONICET, Córdoba, Argentina. E-mail: laguirre@ayv.unrc.edu.ar

Triticales (*X*Triticosecale Wittmack) y tricepiros (*X*Triticosecale Witt. x *X*Agrotriticum Ciferri & Giacom) son un recurso importante para la obtención de grano forrajero de buena composición nutricional en ambientes limitantes, convirtiéndolos en alternativas válidas para la diversificación forrajera. En la UN de Río Cuarto, se evaluaron 197 materiales de tritíceas híbridas en F₈ con el objetivo de caracterizar y seleccionar líneas por ciclo de crecimiento. La siembra se realizó el 13/05/2021 y se utilizó un diseño aumentado con nueve testigos para ajustar los valores de cada línea, análisis de conglomerados y de componentes principales. El análisis de conglomerados permitió agrupar las líneas según ciclo de crecimiento: 44 de ciclo corto (CC), 88 intermedio-corto (CIC), 22 intermedio (CI), 41 intermedio-largo (CIL) y 2 largo (CL). Dentro de cada grupo se seleccionaron las líneas con valores superiores a la media en al menos tres de los cuatro caracteres evaluados (porte, aspecto, altura de planta y peso de grano). El ensayo presentó una media de 410±145 g.m⁻² para la producción de grano. Se seleccionaron 17 líneas CC (493±152 g.m⁻², 12% de ganancia esperada, GE, dentro del ciclo), 40 CIC (552±88 g.m⁻², 17% de GE), 13 CI (390±59 g.m⁻², 4% de GE), 23 CIL (337±95 g.m⁻², 6% de GE) y 1 CL (265 g.m⁻², 10% de GE). Las dos primeras componentes principales explican el 63,8% de la variación observada con una correlación cofenética de 0,815 para el ensayo general. Estas líneas serán sometidas a futuros ensayos comparativos de rendimiento para continuar la selección y su validación agronómica.

MV 9

ACTIVIDAD DE LA ACETOHIDROXIÁCIDO SINTASA EN LÍNEAS MUTANTES DE SORGO CON RESISTENCIA AL HERBICIDA IMAZETAPIR

Breccia G.¹, L. Lombardo², C. Ghione², G. Nestares¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), UNR, CONICET, Santa Fe, Argentina.; ²Grupo Biotecnología y Recursos Genéticos, INTA EEA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. E-mail: gbreccia@unr.edu.ar

La presencia de malezas causa importantes pérdidas en el rendimiento de los cultivos, por lo cual resulta de interés la obtención de nuevas fuentes de resistencia a herbicidas. Recientemente, se han obtenido nuevas líneas de sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) con resistencia a imazetapir a través de mutagénesis química. El herbicida imazetapir actúa como inhibidor de la enzima acetohidroxiácido sintasa (AHAS). El objetivo de este trabajo fue cuantificar la actividad AHAS en respuesta a imazetapir en líneas mutantes de sorgo. Se evaluaron tres líneas M294, M307 y M309 y la variedad susceptible Puká INTA. Se realizaron ensayos mediante dos metodologías, *in vitro* e *in vivo*, a fines de determinar el grado de inhibición de la AHAS. A su vez, la metodología *in vivo* constituye una aproximación para inferir la contribución de mecanismos de resistencia no relacionados al sitio de acción presentes en algunos fondos genéticos. En ambos casos, los productos enzimáticos fueron determinados por la reacción colorimétrica de Westerfeld. Los datos fueron analizados por regresión no lineal y por el test de Kruskal-Wallis. Los parámetros estimados para las curvas dosis-respuesta de actividad *in vitro* no mostraron diferencias significativas ($p > 0,05$) entre los genotipos evaluados. En cuanto a la actividad *in vivo*, se encontraron diferencias significativas ($p < 0,05$) entre M309 y el resto de los genotipos. Se concluye que las mutantes presentan sensibilidad en el sitio de acción y el mecanismo de resistencia en M309 podría deberse a una translocación o metabolismo diferencial del herbicida.

MV 10

MAPEO FINO Y PRIORIZACIÓN DE GENES CANDIDATOS DE UN QTL DE RESISTENCIA A PODREDUMBRE DE ESPIGA EN MAÍZ (*Zea Mays* L.)

Federico M.L.^{1,2}, M. Carrere-gómez^{1,2,3}, A. Baricalla^{2,3,4}, V. Decker¹, A. Díaz Paleo¹, D. Presello¹. ¹EEA-Pergamino, INTA, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET, Buenos Aires, Argentina; ³Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA), UNNOBA, Buenos Aires, Argentina; ⁴Centro de Bioinvestigaciones (CeBIO), UNNOBA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: federico.marialaura@inta.gov.ar

La podredumbre de espiga en maíz (*Zea mays* L.) causada por *Fusarium* spp. afecta el rendimiento y la calidad del grano. Una de las estrategias de manejo más efectivas es el desarrollo de cultivares menos susceptibles. Con este objetivo, se planteó investigar mediante retrocruzamiento y priorización de genes candidatos (GC) una región en el cromosoma 2 donde colocalizan loci de caracteres cuantitativos (QTL) del pericarpio del grano (espesor y concentración de ácido *t*-ferúlico) y resistencia a la enfermedad. La región, delimitada por *umc1845* y *bnlg381* en una población de líneas recombinantes endocriadas (RIL) derivada del cruzamiento LP4637 (resistente) x L4674 (susceptible), contiene 294 GC posicionales. La priorización de estos GC con un algoritmo de aprendizaje automático identificó como posible gen causal del QTL al gen *pal2* que se expresa preferencialmente en pericarpio y estigmas. Paralelamente, 143 líneas surgidas de tres ciclos de retrocruzas (LP564xLP4637) con selección por resistencia y cuatro ciclos de autofecundación al azar fueron genotipificadas con siete marcadores moleculares (InDels y microsatélites) y evaluadas a campo; siendo el marcador *pal2* el que presentó la mayor asociación entre la dosis del alelo del donante de la resistencia (LP4637) y la severidad de síntomas ($R^2 = 0,17$; $p = 1,5 \times 10^{-7}$). Dado que la enzima PAL2 cataliza el primer paso en la biosíntesis de fenilpropanoides, diferencias en su funcionalidad podrían explicar tanto la mayor concentración de ácido *t*-ferúlico como el mayor espesor del pericarpio observado en las plantas con mayor grado de resistencia.

MV 11

PREDICCIÓN GENÓMICA DE LA RESISTENCIA A MAL DE RÍO CUARTO EN MAÍZ CON MODELOS QUE CONSIDERAN LA INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE

Rossi E.^{1,2}, M. Ruiz^{1,2}, N. Bonamico^{1,2}, M. Balzarini^{3,4}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), CONICET-UNRC, Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³Estadística y Biometría. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁴Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA), CONICET-INTA, Córdoba, Argentina. E-mail: erossi@ayv.unrc.edu.ar

En los programas de mejoramiento genético vegetal, los ensayos multiambientales son muy importantes para evaluar el desempeño de los genotipos en diferentes condiciones ambientales y estimar la interacción genotipo-ambiente (GE). La predicción genómica, utilizando conjuntos densos de marcadores y modelos mixtos para explotar la interacción GE, permite seleccionar genotipos en ensayos multiambientales con datos incompletos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la predicción genómica de la resistencia a Mal de Río Cuarto (MRC) en maíz, con estrategias que incluyen la interacción GE en los modelos. Un conjunto de 200 líneas de maíz, genotipificadas con 78.000 SNPs obtenidos mediante genotipificado por secuenciación (GBS), se evaluó por su comportamiento frente a la enfermedad MRC en seis ambientes del área donde la enfermedad es endémica. Se usaron modelos mixtos para obtener la media ajustada del índice de severidad de la enfermedad (ISE) en ambientes individuales y a través de ambientes. Dos enfoques se usaron para hacer predicciones genómicas. Por un lado, se ajustaron modelos de predicción genómica que reducen la interacción GE, ya que se usó la media de los genotipos en cada ambiente o a través de ambientes. Por otro lado, se ajustaron modelos de predicción genómica que utilizan la correlación entre los ambientes para predecir el comportamiento de un genotipo en un ambiente determinado. Los resultados indican que para la enfermedad MRC, estrategias que reduzcan la interacción GE tienen mayor precisión de la predicción genómica.

MV 12

DETERMINACIÓN DEL HAPLOTIPO DEL GEN *GT1* PRESENTE EN LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ Y SU RELACIÓN CON LA PROLIFICIDAD Y MACOLLAJE

Gaujan M.D.¹, C.G. Lopéz^{1,2,3}, M. Fradkin^{1,2,3}. ¹Cátedra de Mejoramiento Genético, Facultad de Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Llavallol, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria Ambiente y Salud (IIPAAS), Llavallol, Buenos Aires, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CABA, Argentina. E-mail: mfradkin@agrarias.uniz.edu.ar

Argentina ocupa un lugar importante como productor de maíz, siendo el segundo exportador después de Estados Unidos. Sostener esta posición requiere incrementar la producción. Con ese objetivo, en los últimos años la producción de maíz ha incorporado ambientes de menor potencialidad, implementado así, prácticas de manejo para generar estabilidad y rentabilidad, como siembra tardía y disminución de la densidad de siembra. Utilizando bajas densidades, gana importancia el macollaje y la prolificidad, ya que pueden producir granos adicionales a los de la espiga principal. El gen *grassy tillers 1* (*gt1*) se encuentra relacionado con el macollaje, y se han desarrollado *primers* que amplifican la región control (*gt1*-CR), distinguiéndose dos haplotipos: M1 y M2. El objetivo fue determinar en un grupo de genotipos de líneas endocriadas de maíz, qué haplotipo *gt1*-CR poseen y correlacionar este rasgo con el macollaje y componentes del rendimiento evaluados en ensayos de campo. Si bien los resultados obtenidos no lograron revelar evidencias consistentes que permitan vincular el haplotipo en la región control del gen *gt1* con la capacidad macolladora de las líneas endocriadas, hay una tendencia de que aquellos genotipos que poseen el haplotipo M1 reducen aún más la capacidad de macollaje respecto de los M2. Estos resultados indican la necesidad de continuar investigando la prolificidad y el macollaje de líneas endocriadas de maíz y sus híbridos derivados en diferentes ambientes, con el objetivo de determinar aquellos genotipos que mejor se adapten a las condiciones ambientales de cada región.

MV 13

IDENTIFICACIÓN DE LOCI PARA RESISTENCIA A *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* EN MAÍZ (*Zea mays* L.)

Ruiz M.^{1,2}, E.A. Rossi^{1,2}, M.G. Balzarini^{3,4}, N.C. Bonamico^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), CONICET-UNRC, Córdoba, Argentina; ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³Estadística y Biometría. Facultad de Cs. Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; ⁴Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA), CONICET-INTA, Córdoba, Argentina. E-mail: mruiz@ayv.unrc.edu.ar

En los últimos años se observaron daños en maíz (*Zea mays* L.) causados por *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum* (Xv). El objetivo del trabajo fue identificar loci para resistencia a Xv en maíz. En cinco ambientes del sur de Córdoba se realizó la evaluación fenotípica para resistencia a Xv en una población diversa de 172 líneas endocriadas provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo durante tres ciclos agrícolas desde 2019-2020. En cada genotipo se midió severidad (SEV) de la enfermedad. Se ajustó un modelo lineal mixto a los datos de SEV para obtener el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) del efecto de cada genotipo en sentido amplio o a través de los ambientes. Posteriormente, se modeló la asociación entre el BLUP de genotipo y la variación genómica expresada por 46.990 marcadores del tipo SNP usando distintos modelos de mapeo por asociación (GWAS). Fenotípicamente, se observó en todos los ambientes alta infestación natural y daños en la población de líneas causados por la bacteriosis (50% de las hojas inferiores con daños severos). Los resultados muestran que el germoplasma evaluado presenta alta variabilidad genética para resistencia a Xv. El modelo GWAS permitió identificar nueve loci para resistencia a la enfermedad que representan los primeros hallazgos para el desarrollo de híbridos resistentes para Xv en maíz.

MV 14

HABILIDAD COMBINATORIA DE LÍNEAS DE GIRASOL PARA RESISTENCIAS PARCIALES A *Sclerotinia sclerotiorum* EN CAPÍTULOS, VALORADAS CON UN ÍNDICE DE SELECCIÓN

Rosas M.L.¹, M.A. Dinon¹, S.G. Delgado¹, F. Castaño¹, C.B. Troglia². ¹Facultad de Ciencias Agrarias, (FCA), UNMDP, Buenos Aires, Argentina; ²EEA Balcarce-INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: maria_lionela@hotmail.com

Se desea conocer la habilidad combinatoria -HC- de líneas hembras -A- (SD, Ha89, Ha441, GU) y machos -R- (1, 2, 14, 15, 16, 29, 31) de girasol (que generaron 28 F₁ por cruzamiento factorial), para el índice de selección (IdS)=[(90xPeríodo de incubación relativa-PIR)+(10x1/Crecimiento relativo de la lesión-CLR)]. Este IdS había predicho el nivel mayor de resistencia parcial simultáneo de PIR+CLR en las F₁, respecto a sus progenitores, para la podredumbre blanca de capítulos (PBC) generada por inoculaciones con *Sclerotinia sclerotiorum*. Se emplearon los valores de IdS de cada F₁ evaluada previamente. La media de los IdS para cada línea A, a través de las R o, bien, el de cada línea R, a través de las A, menos el promedio general de los IdS de las 28 F₁ (PG), generaron el valor de la HC General para cada línea A (HCGh) y R (HCGm), respectivamente. Para cada F₁ se calculó el valor de la HC Específica (HCEmh=valor observado de la F₁-PG-HCGm-HCGh). Las líneas SD (A) y R29 (R) exhibieron los valores máximos de HCGh (0,239) y HCGm (0,205), respectivamente. Mientras que la F₁ SDxR1 mostró el máximo para la HCEmh=0,156, sugiriendo un mayor nivel de resistencia que el predicho desde las HCG de sus progenitores. El uso de SD y R29 en cruzamientos contribuirá a sus progenies con un período mayor sin síntomas y con una velocidad baja de crecimiento de PBC. Asimismo, los aparentes efectos de dominancia incrementarían los niveles de resistencia en la F₁. Ante la aparición de la PBC, esas progenies verían menos afectado su rendimiento respecto de aquellas generadas con otros progenitores.

MV 15

ANÁLISIS DE LOS EFECTOS PARENTALES EN HÍBRIDOS INTERGENÓMICOS RECÍPROCOS DE *Arachis L.* (Leguminosae)

Leguizamón J.A.^{1,2}, T. Gutierrez^{1,2}, G.A. Pérez^{1,2}, J.G. Seijo^{1,2}, A.V. García^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: yoelagustin17@gmail.com

La ampliación de la base genética del maní se realiza mediante el uso de especies silvestres de *Arachis*. El desarrollo de materiales de premejoramiento reveló que los caracteres seleccionados en los parentales pueden perderse o manifestarse de diferente forma en la descendencia. Aquí se analiza el efecto parental sobre 17 caracteres fenotípicos de híbridos intergenómicos F₁ recíprocos entre parentales KK [*A. batizocoi* Krapov. & Greg. (Bati) y *A. cruziana* Krapov., Greg. & Simpson (Cruz)] y BB [*A. williamsii* Krapov. & Greg. (Will) y *A. valida* Krapov. & Greg. (Vali)]. El análisis fenotípico global (PCA) evidenció que los híbridos ValixBati y BatixVali presentan efectos recíprocos con fenotipos similares o superiores a los de los progenitores paternos. Los híbridos WillxCruz presentaron fenotipos intermedios, mientras que los recíprocos tienden a transgredir el fenotipo materno. Los híbridos BatixWill y WillxBati presentaron fenotipos intermedios al de los parentales. Los caracteres analizados individualmente (ANOVA) presentaron diferentes patrones de expresión fenotípica entre los genotipos analizados. Más aún, algunos caracteres mostraron distinto comportamiento en diferentes combinaciones parentales sugiriendo diferentes controles genéticos. Los resultados observados en las diferentes combinaciones parentales revelan la necesidad de profundizar la comprensión de los mecanismos de control genético de los caracteres en los distintos contextos genómicos de materiales desarrollados para la efectiva utilización de los mismos en el premejoramiento del maní.

MV 16

ANÁLISIS DE LA INFLUENCIA PARENTAL EN LA EXPRESIÓN FENOTÍPICA DE HÍBRIDOS INTRAGENÓMICOS DE *Arachis L.* (Leguminosae)

Pérez G.A.^{1,2}, J.A. Leguizamón^{1,2}, T. Gutierrez^{1,2}, A.V. García¹, J.G. Seijo^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: gimenap534@gmail.com

La utilización de especies silvestres en el premejoramiento de maní requiere la síntesis de híbridos y anfidiplóides compatibles tanto genómicamente como en nivel de ploidía. Sin embargo, la hibridación y duplicación cromosómica pueden alterar los caracteres evaluados en los parentales. En este trabajo se analiza el efecto de distintas especies parentales con un mismo genoma sobre híbridos F₁ recíprocos. La caracterización fenotípica se realizó en 17 caracteres de los parentales [*A. batizocoi* Krapov. & Greg. y *A. cruziana* Krapov., Greg. & Simpson (KK); *A. williamsii* y *A. valida* (Krapov. & Greg.) (BB)] y sus híbridos. El análisis de la variación global (ACP) mostró que los híbridos KK presentan fenotipos semejantes a *A. cruziana* (independientemente del sentido del cruzamiento), mientras que en la combinación genómica BB, los híbridos presentan caracteres intermedios entre los parentales. Los caracteres individuales en los híbridos comparados con los parentales (ANOVA) mostraron diferentes expresiones: efectos recíprocos, fenotipos intermedios, fenotipos similares a parentales, entre otros. En ocasiones, la expresión de un mismo carácter fue diferente de acuerdo a la combinación parental y genómica, evidenciando diferentes controles genéticos. Los efectos parentales dispares observados sobre los fenotipos en las diferentes combinaciones interespecíficas, exhiben la necesidad de intensificar el estudio sobre el control genético de los caracteres de interés agronómico en diferentes contextos genómicos para el uso eficiente del germoplasma secundario en el mejoramiento de maní.

MV 17

VARIABILIDAD ENTRE CULTIVARES DE MOSTAZA DE ETIOPÍA (*Brassica carinata* L.) PARA LA TOLERANCIA A SALES DE CLORURO DE SODIO Y DE CALCIO

Marti E., L. Petigrosso, V. Crovo, G. Eyherabide, J. Lúquez. Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: martimanuel@hotmail.com

En los últimos años la mostaza de Etiopía (ME, *Brassica carinata* L.) ha cobrado importancia en Argentina. Existe interés por expandir la frontera agrícola de este cultivo a suelos salinos. Considerando los efectos de toxicidad que ocasionan los altos niveles de NaCl en la germinación de semillas y la posible respuesta diferencial registrada en las plantas cuando cambia la relación $\text{Na}^+/\text{Ca}^{+2}$ en el entorno de la raíz, se realizó un experimento con el objetivo de evaluar la tolerancia de cultivares de ME a distintas combinaciones de sales de NaCl y CaCl_2 . Se utilizaron siete cultivares: híbridos Nuseed400, HYB063, HYB068, HYB087, Carinata, Nugreen60 y la variedad Avanza641; se probaron cuatro condiciones salinas: 0 (control), 100mM NaCl+0mM CaCl_2 , 100mM NaCl+100mM CaCl_2 y 100mM NaCl+160mM CaCl_2 . Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones en el tiempo, con arreglo factorial. En cada repetición se sembraron 40 semillas de cada cultivar en rollos de papel humedecidos con agua o solución salina. Se determinó: poder germinativo, longitud de radícula e hipocótilo (LH), peso fresco y seco de plántulas. Todas las variables se redujeron con el incremento de la concentración de Ca^{+2} en la solución salina ($p < 0,05$). Se detectó interacción genotipo por condición salina ($p < 0,05$) para LH. La variedad Avanza641 fue la más afectada respecto a los híbridos para todas las variables y las concentraciones salinas. Estos resultados indicarían que el Ca^{+2} no eliminaría la toxicidad del Na^+ , sino por el contrario, la aumentaría en la germinación de ME.

MV 18

VARIABILIDAD EN EL RENDIMIENTO POR TOLERANCIA A ESTRÉS HÍDRICO EN GENOTIPOS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp.)

Mójjica C.J.^{1,2}, E.G. Peiretti¹, R. Meneguzzi¹, N. Marcellino^{1,2}, M.A. Ibañez^{1,2}. ¹Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), CONICET-UNRC, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: jmojjica@ayv.unrc.edu.ar

La obtención de cultivares tolerantes a estrés hídrico es uno de los objetivos en el mejoramiento genético vegetal. El amaranto (*Amaranthus* spp.) es un cultivo que prospera en ambientes semiáridos. El objetivo del trabajo fue explorar la variabilidad en el rendimiento por tolerancia a estrés hídrico en amaranto. Ocho genotipos mejorados de amaranto granífero de la FAV-UNRC (Antorcha, Candil, Dorado, AG1/3, H17, H20, H21 y H22) se evaluaron en invernáculo bajo tres experiencias en un diseño completo al azar con dos condiciones: sin estrés (capacidad de campo permanente) y restricción hídrica (a inicio de floración). Cada experiencia presentó una intensidad de estrés diferente: baja (0,21), moderada (0,42) y severa (0,74). El índice de tolerancia a estrés (STI) se relacionó con el rendimiento sin estrés (Y_p) y con estrés hídrico (Y_s) mediante gráficos 3D. El gráfico permitió distinguir tres grupos de genotipos: 1) de alto rendimiento en condiciones con y sin estrés, 2) de alto rendimiento solo en condiciones sin estrés y 3) de bajo rendimiento en condiciones con y sin estrés. Se detectó una respuesta diferencial en rendimiento de los genotipos, según la intensidad del estrés. El grupo 1 se formó por: H22 en condición de estrés severo, H21, H20, H22 y Candil con estrés moderado, y H21, H17, AG1/3 y Candil con estrés bajo. El grupo 2 se constituyó por H17 y Antorcha con estrés severo y moderado, y por Dorado, Antorcha y H20 con bajo índice de estrés. El estudio permitió distinguir los genotipos superiores en rendimiento bajo condiciones de estrés y sin limitación hídrica.

MV 19

EFFECTO DE LOS RAYOS X SOBRE PLANTAS DE CHÍA (*Salvia hispánica L.*)

Etchart V.J.¹, M.M. Acreche^{2,3}, A.N. García¹, F.D. Lencina¹, A.M. Landau¹. ¹Instituto de Genética- CYCVyA- INTA, Buenos Aires, Argentina; ²EEA Salta- INTA, Salta, Argentina; ³CONICET, Argentina. E-mail: etchart.valeria@inta.gov.ar

Los granos de chía (*Salvia hispánica L.*), especie nativa de Centroamérica, son fuente de ácidos grasos omega-3, omega-6 y fibra. Entre los países con auge productivo se encuentra Argentina, pero la sensibilidad al fotoperíodo y bajas temperaturas limita su producción a la región noroeste. La escasa variabilidad del germoplasma domesticado dificulta la expansión del cultivo y la obtención de genotipos con mayor potencial de rendimiento. En Argentina y gran parte del mundo se cultivan dos poblaciones estabilizadas. Las mutaciones inducidas son eficientes para generar variabilidad y obtener alelos de interés en diversas especies. Los objetivos del trabajo fueron evaluar el efecto de distintas dosis de rayos X en dos poblaciones selectas y seleccionar el rango adecuado para cada una. Se irradiaron semillas (M_0) con cinco dosis entre 100 y 600 Gy. Las semillas irradiadas (M_1) se sembraron en cámara húmeda y macetas en diseño en bloques al azar con tres repeticiones de 20 plantas/dosis. Se evaluó porcentaje de germinación, longitud de radícula e hipocótilo, porcentaje de emergencia y supervivencia y el espectro de deficiencias clorofílicas (DC) y variaciones morfológicas (VM). Se hallaron diferencias significativas ($p < 0,05$) para todas las variables, excepto porcentaje de germinación. El espectro de DC y VM aumentó con las dosis. Se seleccionaron dosis de 100/150 y 150/250 Gy para la población 1 y 2 respectivamente, que se utilizarán para generar poblaciones M_2 e identificar materiales con caracteres deseables. Este es el primer trabajo que presenta el efecto de rayos X en chía.

MV 20

VALIDACIÓN DE QTL ASOCIADOS A PARÁMETROS DE CALIDAD DE FRUTO EN UNA GENERACIÓN SEGREGANTE DE TOMATE (*Solanum lycopersicum L.*)

Goytia Bertero V.¹, P. Cacchiarelli², G. Pratta², D. Arce¹. ¹Universidad Tecnológica Nacional. Facultad Regional San Nicolás, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET-UNR, Santa Fe, Argentina. E-mail: valengoytia19@gmail.com

En tomate, al comparar los genomas de cv. Caimanta (C, tomate cultivado) y LA0722 (P, *S. pimpinellifolium*), se desarrolló previamente un marcador de tipo InDel específico (IE) que alinea a una secuencia del cromosoma 6, que contiene genes de sHSPs. Los objetivos de este trabajo fueron: detectar asociaciones entre el IE y atributos de fruto en 14 familias F_5 derivadas de un híbrido de segundo ciclo obtenido del cruzamiento de líneas que recombinan los genomas de C y P, verificar la herencia mendeliana del IE de acuerdo a lo observado en generaciones previas, y validar la consistencia de los QTLs detectados. El tamaño muestral fue de 10 plantas de cada familia F_5 y las asociaciones se detectaron por ANOVA bifactorial (software Infostat), tomando a familia e IE como fuentes de variación. IE mostró efectos significativos sobre altura, peso, diámetro, vida poscosecha, color y sólidos solubles de los frutos (con un R^2 Aj de 0,63, 0,51, 0,6, 0,6, 0,27 y 0,24, respectivamente), siendo la interacción Familia x IE no significativa en todos los casos. El modo de herencia fue el esperado de acuerdo a lo observado en progenitores y en la generación F_4 en el 94,7% de las plantas analizadas. Además, los QTLs detectados fueron consistentes con lo observado en F_4 para altura y peso, cuyos valores fueron mayores cuando IE presentó la forma alélica de P. En conclusión, se detectaron asociaciones entre IE y seis atributos de fruto en F_5 , se verificó la herencia mendeliana del IE y se validaron dos QTLs para peso y altura previamente citados en F_4 .

MV 21

OSMOACONDICIONAMIENTO Y PROPAGACIÓN IN VITRO de *Solanum sisymbriifolium* Lam.

Paredes, C.M. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, San Salvador de Jujuy, Jujuy, Argentina. E-mail: claudiaparedes@fca.unju.edu.ar

Solanum sisymbriifolium Lam. presenta potencial nematocida, es empleada como portainjerto hortícola y tiene uso medicinal. Sus semillas poseen madurez lenta y heterogénea. Para evaluar la influencia de nitrato de potasio y ácido giberélico como osmoacondicionantes, se imbibieron semillas durante 24 h en soluciones individuales y combinadas de KNO_3 (0,25 M; 0,5 M y 1 M), GA_3 (500 ppm; 750 ppm, 900 ppm) y agua desionizada versus testigo. En un diseño completo al azar con tres repeticiones (100 semillas), mediante ANOVA y prueba de Fisher ($p \leq 0,05$) se detectó la diferencia significativa del tratamiento (750 ppm $\text{GA}_3 + 0,25\text{M KNO}_3$), con 90% de germinación a los 14 d. Las semillas pretratadas, se sembraron en condiciones axénicas en medios Murashige y Skoog (MS) al 100% y 50% adicionados con ANA (0,5 ppm), GA_3 (7 ppm), y 3% de sacarosa. En un diseño completo al azar, se evaluó longitud de tallo, número de hojas, desarrollo radicular y tiempo de brotación. Mediante ANOVA y prueba de Duncan ($p \leq 0,05$), se evidenció que existen diferencias altamente significativas del tratamiento MS(50%)+ANA(0,5ppm)+ GA_3 (7ppm) para elongación de tallo, y diferencia significativa del tratamiento MS(50%)+ GA_3 (7ppm) para número de hojas. La especie requiere de modo excluyente de osmoacondicionantes, siendo la vía para contar con variabilidad, y su cultivo *in vitro* permite obtener cantidad de material para hibridaciones.

MV 22

EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS DE DISTINTAS DOSIS DE RAYOS X Y METANOSULFONATO DE ETILO SOBRE LENTEJA (*Lens culinaris* Medik.)

García A.N.¹, M.A. Espósito^{2,3,4}, I. Gatti^{2,5}, V.J. Etchart¹, F.D. Lencina¹, A.M. Landau¹. ¹Instituto de Genética "Ing. Agr. Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET, Santa Fe, Argentina; ⁴EEA INTA Oliveros, Oliveros, Santa Fe, Argentina; ⁵CIUNR, Santa Fe, Argentina. E-mail: garcia.araceli@inta.gov.ar

Lens culinaris Medik (lenteja) es una legumbre de invierno cultivada en la Región Pampeana. La variabilidad requerida para ser empleada en los programas de mejoramiento, puede generarse mediante técnicas de mutaciones inducidas. Por ello, es fundamental establecer la sensibilidad del cultivo a cada mutágeno y así determinar un rango de dosis que permita generar variabilidad genética sin comprometer el desarrollo. Se irradiaron semillas de la variedad Silvina con las siguientes dosis de rayos X: 100 Gy, 125 Gy, 150 Gy, 175 Gy y 200 Gy. Las dosis de metanosulfonato de etilo (EMS) utilizadas fueron: 0,1%, 0,2%, 0,3%, 0,4% y 0,5%. Para evaluar los efectos de los rayos X y del EMS sobre la germinación se sembraron en cámara húmeda y en el invernáculo para el resto de las variables. El diseño experimental fue en bloques al azar con tres repeticiones de 20 plantas/dosis. Se registró el porcentaje de germinación, altura de la planta, número de vainas/planta, presencia de deficiencias clorofílicas (DC), variaciones morfológicas (VM) y supervivencia respecto del control sin tratar. Se registraron los efectos sobre la altura, supervivencia y número de vainas/planta. No se observaron diferencias significativas ($p = 0,05\%$) en la germinación de semillas irradiadas a diferencia de las tratadas con EMS. La frecuencia de VM y DC aumentó con la dosis de mutágeno, siendo mayor su frecuencia en los tratamientos con EMS. El rango de dosis de rayos X y EMS más adecuado, que mostró efectos visibles sin comprometer el desarrollo de la planta fue de 100-150 Gy y de 0,2%-0,3%, respectivamente.

MV 23

SANEAMIENTO DE CULTIVARES DE VID, *Vitis vinifera* L., INFECTADOS CON VIRUS MEDIANTE CULTIVO DE MERISTEMAS

Sattler A.N.¹, R.M. Torres¹, M. Lanza Volpe¹, N. Setien¹, D. Zavallo², H. Debat³, S. Asrumendi², S. Gómez Talquenca¹. ¹INTA EEA Mendoza, Argentina; ²Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, INTA, Buenos Aires, Argentina; ³Instituto de Patología Vegetal, INTA, Córdoba, Argentina. E-mail: sattleragu.29@gmail.com

El objetivo fue regenerar material de *Vitis vinifera* L. sano a partir de tres selecciones de los cultivares Listan Prieto, Torrontés Riojano y Cereza, variedades pertenecientes al conjunto de las llamadas criollas, relevantes para la viticultura argentina. Estacas uninodales obtenidas de las plantas originales de los tres cultivares fueron puestas a brotar en invernáculo de las cuales se colectaron ápices en activo crecimiento. Luego, se disectaron los domos meristemáticos (0,5 mm diámetro) bajo lupa en flujo laminar, cultivados en cajas de Petri con medio de cultivo MSB, renovados en intervalo de 15 días y mantenidos en cámara de cultivo. Cuando adquirieron una longitud de 3 cm se transfirieron a tubos con medio de cultivo RM para enraizar. Se regeneraron ocho líneas clonales de Listan Prieto, seis de Cereza y 14 de Torrontés Riojano. Al alcanzar una longitud de 5 cm, se extrajo RNA total y se determinó por RT-qPCR la presencia de *grapevine leafroll associated virus 1* (GLRaV-1), GLRaV-2, GLRaV-3, *grapevine virus A* (GVA), *grapevine fanleaf virus* (GFLV), *grapevine fleck virus* (GFkV) y *rupestris stem pitting associated virus* (RSPaV). Se obtuvieron tres líneas de Listan Prieto, dos de Cereza y dos de Torrontés Riojano libres de los virus analizados. El cultivo de meristemas fue una técnica capaz de eliminar las especies virales detectadas en los cultivares en estudio. Su implementación en el saneamiento de líneas clonales seleccionadas, así como también en variedades locales significaría un importante avance en materia de conservación del acervo génico y en planes de selección y mejora.

MV 24

COMPORTAMIENTO DE FAMILIAS DE MEDIO HERMANOS DE AGROPIRO ALARGADO (*Thinopyrum ponticum* (Podp) Barkworth et Dewey) CRECIENDO BAJO ANEGAMIENTO

Ferraro O.¹, M. Leguizamón¹, I. Varea², M.L. Acuña^{1,2}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la provincia de Buenos Aires, Argentina; ²EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: ferrarooriana@gmail.com

La actividad agrícola en Argentina desplazó la ganadería a ambientes restrictivos y llevó a la necesidad de mejorar recursos forrajeros y desarrollar cultivares de agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum*) tolerantes a estreses abióticos. El objetivo fue evaluar el comportamiento de plántulas de 10 familias de medio hermanos (FMH) de agropiro alargado y dos cultivares inscriptos como testigos (F11 y F12). El experimento constó de tres tratamientos y seis repeticiones, dispuesto en un diseño factorial con dos factores (FMH y período de anegamiento). Las 10 FMH y los dos cultivares se colocaron en 12 vasos de 500 cm³ en cestos de 34 l. Los tratamientos fueron T1: tratamiento control (sin anegamiento), T2: control recuperación (con anegamiento; el agua se retiró a los 22 d) y T3: con anegamiento por 85 d. Se realizaron tres cortes a los 37, 58 y 85 días. Se evaluó, tanto para las 10 FMH como para los dos cultivares testigos, el peso seco de raíz (PSR) a los 85 d y la producción de materia seca acumulada (PMSAc) a través de la suma de los tres cortes. Los datos se analizaron mediante Modelos Lineales Generalizados y Mixtos utilizando Infostat y R. El PMSAc disminuyó en un 24% en T2 y T3 comparado con el control y presentó variabilidad genética, destacándose las FMH 6, 3 y 4; mientras que la FMH10 junto con F11 y F12 tuvieron el peor comportamiento. El PSR disminuyó en un 37,5% y 65% en los tratamientos 2 y 3, respectivamente, comparado con el control. Esto permitiría ampliar el conocimiento de la especie bajo este estrés y considerar las FMH para futuros programas de mejoramiento.

MV 25

VARIABILIDAD GENÉTICA DE AGROPIRO ALARGADO (*Thinopyrum ponticum* (Podp) Barkworth et Dewey) CRECIENDO EN CONDICIONES DE ESTRÉS HÍDRICO

Leguizamón M.¹, O. Ferraro¹, R. Guillén¹, M.L. Acuña^{1,2}.

¹Universidad Nacional del Noreste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ²EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mirandaleguizamon@gmail.com

La expansión agrícola en Argentina condicionó la relocalización de la ganadería en ambientes menos productivos asociados a diferentes restricciones edáficas, entre ellas estrés hídrico, donde el agropiro alargado (*Thinopyrum ponticum*) es una de las especies clave para producir en este tipo de ambientes. El objetivo fue evaluar el comportamiento de 10 familias de medios hermanos (FMH) en condiciones de estrés hídrico. El experimento se realizó en invernáculo de INTA Pergamino en condiciones semicontroladas. Cada FMH estuvo representada por ocho plántulas/maceta/repetición con sustrato arena-tierra (3:1) dispuestas en un DBCA con tres repeticiones y tres tratamientos: 80% (T1), 50% (T2) y 30% (T3) de capacidad a campo. La humedad edáfica fue controlada con sonda TDR-300. Se evaluó el peso seco aéreo a los 15 (PS1), 63 (PS2) y 97 (PS3) días iniciados los tratamientos y el peso de materia seca acumulada (PMSA) sumando la producción de los tres cortes. Se realizó ANOVA mediante Infostat®, se observó efecto del tratamiento (T) para todas las variables, efecto FMH para PS1 y PMSA, y no hubo interacción T*FMH. El T3 presentó la menor producción para todas las variables, 70,6% menos que T1 y 64,2% menos que T2. La heredabilidad en sentido estricto (h^2) fue 0,23 para PS1 y PMSA e igual a 0 para el resto. La variabilidad genética observada en las FMH mostró una PMSA que varió de 0,97 a 1,59 g. Se destacó la FMH 5 con un rendimiento 35% mayor a la media y la FMH 2 11,3% mayor a la media. Estas FMH podrían ser incorporadas a futuros programas de mejoramiento de la especie.

MV 26

PRODUCCIÓN DE FORRAJE Y PARÁMETROS GENÉTICOS EN GERMOPLASMA DE RAIGRÁS ANUAL TETRAPLOIDE (*Lolium multiflorum* Lam.)

Tedesco M.^{1,2}, D. Pinget¹, A. Ré¹, M. Acuña^{1,2}. ¹Estación Experimental Agropecuaria (EEA) INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina; ²Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: maiatedesco33@hotmail.com

Entre las especies forrajeras de mayor importancia en los sistemas ganaderos de Argentina, se destaca el raigrás anual. El objetivo del trabajo fue evaluar la variabilidad genética entre familias de medios hermanos (FMH) de raigrás anual tetraploide para la producción de forraje tanto estacional como anual, y detectar FMH de comportamiento superior. Se evaluaron 44 FMH en condiciones de stand denso en la localidad de Concepción del Uruguay, Entre Ríos (32° 30' S; 58° 22' O). Se realizó un DBCA con tres repeticiones; cada FMH se sembró emulando una densidad de siembra de 23 kg/ha, en parcelas de 0,4 m². Se evaluó el peso seco aéreo a los 106 (P1) y 148 (P2) d desde la siembra y la producción total de forraje (P1+P2=Ptotal). Se realizaron los ANOVA correspondientes y comparación de medias a través de LSD Fisher con Infostat®. Se observó efecto FMH para todas las variables; la heredabilidad en sentido estricto (h^2) estimada fue de 0,24 para P1, 0,36 para P2 y 0,28 para Ptotal. La media de P1 fue de 3.221,28 kgMS/ha y para dicha variable se destacaron las FMH 4, 10, y 29 (produjeron un 21,8% más que la media). La media de PS2 fue de 3.311,76 kgMS/ha y se destacaron las FMH 14, 23 y 12 (produjeron un 35% más), y la media del Ptotal fue de 6.533,5 kgMS/ha y se destacaron las FMH 14, 23 y 29 (produciendo 17,7% más). A través del presente estudio se determinó la existencia de variabilidad genética entre FMH para la producción de forraje tanto estacional como anual. Las FMH mencionadas como superiores podrían ser incorporadas a futuros programas de mejoramiento de la especie.

MV 27

DUPLICACIÓN CROMOSÓMICA EN RAIGRÁS ANUAL (*Lolium multiflorum* Lamarck) MEDIANTE TRATAMIENTO CON COLCHICINA

Maciel M.A.^{1,2}, M.L. Roldán³, C. Delucchi³, A.E. Re³, M.L. Acuña³, A.H. Díaz Paleo³. ¹Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la provincia de Buenos Aires, UNNOBA - UNSADA - CONICET, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Biología Subtropical - Nodo Posadas, UNaM - CONICET, Misiones, Argentina; ³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. E-mail: roldan.lorena@inta.gob.ar

El raigrás anual o raigrás italiano (*Lolium multiflorum* Lamarck) es una gramínea forrajera naturalmente diploide ($2n=2x=14$) de la región húmeda-subhúmeda pampeana de Argentina. Los programas de mejoramiento genético se fundamentan en generar germoplasma poliploide para ampliar la base genética y maximizar características agronómicas de interés. Se propuso obtener plantas tetraploides ($4x$) de tres genotipos adaptados a la región pampeana, Tardío, Ribeye y Rápido, del programa de mejoramiento de INTA. La inducción de la poliploidía se realizó en 55 plántulas de 27 d, tres repeticiones/genotipo, con el agente antimitótico colchicina, a tres concentraciones 0% (T0), 0,1% (T1) y 0,25% (T2) durante 24 h en oscuridad a 16° C. La ploidía de las plantas se determinó a los 42 d de siembra mediante citometría de flujo, servicio del Instituto Floricultura, INTA. Se realizó ANOVA en un DCA. La sobrevivencia fue 76; 78 y 83% en T1 y 46, 48 y 50% en T2 para Tardío, Ribeye y Rápido, respectivamente. En T0 no se afectó la viabilidad. El porcentaje de plántulas $4x$ fue 15% en T1, independientemente del genotipo, mientras que en T2 fue mayor: 20% Rápido; 22% Ribeye y 26% Tardío. Se verificó el nivel de ploidía a través del recuento cromosómico en células meristemáticas de raíces de 1-2 cm de largo correspondientes a 10 progenies de 15 plantas $4x$. Se contaron 28 cromosomas en el 99% de los preparados con la tinción de fucsina 0,4% bajo microscopio (X100). La capacidad de duplicación de los distintos genotipos fue similar. El T2 resultó ser más adecuado para duplicación cromosómica en raigrás anual.

MV 28

EXPRESIVIDAD DE LA AOSPORIA EN HÍBRIDOS APOMÍCTICOS DE *Paspalum notatum* OBTENIDOS POR SELECCIÓN RECURRENTE

Marcón F.^{1,2}, I.N. Lezcano Galanter², E.J. Martínez^{1,2}, C.A. Acuña^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: fmarcon91@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una especie forrajera de reproducción apomítica y con expresividad variable del carácter. La selección recurrente es una técnica de mejoramiento que permite acumular efectos genéticos aditivos y no aditivos para la obtención de híbridos apomíticos superiores. El objetivo fue evaluar la expresividad de la aposporia en híbridos apomíticos de *P. notatum* obtenidos a partir de selección recurrente basada en aptitud combinatoria (SRAC). Se utilizaron 20 híbridos apomíticos de *P. notatum* obtenidos por SRAC y se evaluó la expresividad de la aposporia mediante observación de sacos embrionarios maduros. Alrededor de 30-35 pistilos de 2-3 inflorescencias por planta fueron sometidos al proceso de diafanizado mediante series de etanol y metilsalicilato. Los sacos embrionarios maduros fueron observados con microscopio y clasificados según su estructura y composición. La expresividad de la aposporia varió entre 0% y 100%, con un valor promedio de 76%. El 70% de los híbridos mostró una alta expresividad (mayor al 80%); mientras que el 15% de los híbridos mostró una expresividad entre 41-70%, y el 5% restante exhibió una expresividad baja (1-10%). No se observaron híbridos con expresividades entre el 11 y 40%, ni entre el 71 y 80%. Se logró obtener híbridos apomíticos de *P. notatum* con alta expresión del carácter mediante selección recurrente. Estos resultados son importantes para el mejoramiento genético de esta especie forrajera.

MV 29

HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE DOS CRUZAMIENTOS SEXUAL × APOMÍCTICO EN EL GRUPO *Plicatula* DEL GÉNERO *Paspalum*

Dellamea C.V., P.E. Novo, F. Espinoza. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (FCA-UNNE), Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Corrientes, Argentina. E-mail: patriciaenovo@gmail.com

El grupo *Plicatula* cuenta con 30 especies, caracterizadas por su valor forrajero en campos naturales. La mayoría son tetraploides y apomícticas ($4x_A$) aunque existen también citotipos diploides sexuales ($2x_S$). En la naturaleza no se encontraron $4x$ sexuales ($4x_S$); sin embargo, en el IBONE existe un genotipo $4x_S$ de *P. chaseanum* obtenido experimentalmente. Los objetivos fueron: 1) obtener nuevos híbridos interespecíficos; 2) analizar el apareamiento cromosómico de los parentales e híbridos; 3) determinar el modo reproductivo y fertilidad de los híbridos. Se utilizó la planta $4x_S$ como madre y como padres a *P. plicatum* Hojs388 y *P. rojasii* AK40732. Se determinó el origen híbrido de las F_1 mediante caracterización morfológica y se confirmó mediante RAPD. El análisis de la meiosis indicó que Hojs388 es alotetraploide y AK40732 es un autotetraploide. El estudio de los híbridos de ambas progenies sugiere que existe cierto grado de homología entre los genomas de sus parentales. El modo reproductivo de las F_1 fue determinado por clarificado de ovarios y citometría de flujo; existiendo segregación en las dos familias, observándose individuos de reproducción sexual y apomíctica. La fertilidad de las F_1 se determinó en autopolinización, variando la producción de semillas entre el 3% y 4%; y en polinización libre entre el 8% y 14%. Estos resultados indican que es posible obtener híbridos fértiles y que segreguen para el modo reproductivo, permitiendo liberar alelos fijados por la apomixis y lograr nuevas combinaciones genotípicas que pueden ser incorporadas al programa de mejora genética.

MV 30

GENERACIÓN Y CARACTERIZACIÓN INICIAL DE UNA POBLACIÓN SEGREGANTE PARA PRODUCCIÓN DE BIOMASA AÉREA OTOÑO-INVERNAL EN *Paspalum notatum* TETRAPLOIDE

Ponce N.A., F. Marcon, E.A. Brugnoli, A.L. Zilli, C.A. Acuña, E.J. Martínez. Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: nahuell0ponce10@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una forrajera nativa, dominante en los campos naturales de América del Sur. La especie se caracteriza por presentar un bajo crecimiento durante el otoño e invierno. El objetivo fue generar una población F_1 segregante de *P. notatum* $4x$ para producción de biomasa aérea otoño-invernal. Se realizaron cruzamientos controlados entre un genotipo $4x$ sexual, tolerante al frío, y el cultivar Argentino $4x$ apomíctico, susceptible a las bajas temperaturas y de bajo crecimiento invernal. Se obtuvieron 573 semillas llenas con un 32% de poder germinativo. Esto resultó en un total de 182 híbridos, los cuales fueron clonados y plantados en la localidad de Corrientes, en diciembre 2021, utilizando un diseño experimental en bloques al azar con 4 repeticiones. Al final del verano 2022 se realizó un corte de emparejamiento. Se evaluó la producción de biomasa aérea y el diámetro por planta en septiembre de 2022. Se observaron diferencias significativas entre los genotipos ($p < 0,0001$) para producción de biomasa, mientras que para diámetro de planta no se observaron diferencias significativas ($p = 0,052$). La producción de biomasa varió entre 32,25 y 164,5 gr pl^{-1} , con un coeficiente de variación de 40,8%. Estos resultados muestran que la población generada fue segregante para producción de biomasa aérea invernal. La misma podría ser utilizada en estudios genéticos vinculados a la identificación de marcadores y genes asociados al crecimiento invernal.

HEREDABILIDAD Y GANANCIA GENÉTICA POR SELECCIÓN EN LA FORRAJERA *Panicum coloratum* L. var. *makarikariense* Goossens

Umbriago L., N. Garrote, M. Lifschitz, M.A. Tomás. Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL), INTA-CONICET, Rafaela, Santa Fe, Argentina. E-mail: umbriago.luciana@inta.gob.ar

Panicum coloratum L. var. *makarikariense* Goossens es una gramínea forrajera perenne alógama, introducida, de crecimiento primavera-estival. Se la considera una buena alternativa en zonas ganaderas por su adaptación a suelos arcillosos pesados, en áreas expuestas a ciclos alternados de excesos hídricos y sequías, sumado a su buena aceptación por el animal. En el INTA EEA Rafaela se conduce un programa de mejoramiento en la especie, tendiente a aumentar la producción de biomasa por planta, conservando la calidad y sin afectar la producción de semillas. El objetivo del trabajo fue evaluar la heredabilidad (h^2) y la ganancia genética (ΔG) que se obtendría por selección a partir de familias de medios hermanos (FMH) en caracteres relacionados a la producción de forraje. En un diseño de tres bloques completos al azar, se evaluaron individualmente plantas adultas de 50 FMH (3 plantas/familia/bloque) creciendo en el campo ($N=450$). Las variables medidas fueron: ancho de lámina [A; cm], índice de verdor [SPAD], altura de planta [h; cm], biomasa aérea [B; g] y número de panojas (NP). Los análisis se realizaron con modelos mixtos mediante Infostat. La h^2 se estimó en base a las medias de familias. Se utilizó una intensidad de selección del 20 % (control parental:2) para el cálculo de la ΔG . Los valores de h^2 fueron bajos; las variables con mayor h^2 fueron A (0,22) y B (0,31), mientras que NP y h presentaron valores cercanos a 0. La ΔG estimada sería de 3,5% para A y 23,1% para B. Los resultados indican que podría lograrse un incremento en la producción de forraje por selección en este material.