

MGV

COMUNICACIONES LIBRES

**MEJORAMIENTO
GENÉTICO
VEGETAL**



MGV 1

EL MEJORAMIENTO VEGETAL EN ESTOS DÍAS

L.A. Picardi. Ciencias Agrarias UNR, CIUNR-IICAR, CONICET-UNR, Campo Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: lpicardi@unr.edu.ar

Así como la selección natural siempre da muestras de buscar en las especies los genotipos más adaptados al ambiente detectando variabilidad, el mejorador busca nueva información genética para mayor rendimiento en nuestro beneficio. Hay en el mundo de la genética un respeto infinito para los primeros mejoradores de nuestra historia evolutiva que fueron los que practicaron la selección de los genotipos mejor adaptados en forma intuitiva. Ésta, unida a observación y perseverancia, dejó las marcas para el inicio de nuestra agricultura y evolución en comunidades sedentarias y organizadas. Con el paso del tiempo utilizamos distintos elementos de biología, matemáticas y estadística preocupados por detectar correlación entre fenotipo y genes. La respuesta a la selección en aquellas poblaciones de especies mejoradas para nuestro interés fue exitosa. Contamos con gran diversidad de genotipos adaptados a distintos ambientes pero junto con esto nos fuimos enterando que la erosión genética estaba presente. Aparece entonces en la historia reciente del mejoramiento la biología molecular. Sus métodos permiten tener una correlación más estrecha entre fenotipo y genes que lo rigen. Usamos los marcadores moleculares para acercarnos al genotipo, tratamos de buscar la variabilidad genética en genotipos llamados exóticos para revertir procesos de erosión genética, indagamos cuáles son las fuentes genéticas de resistencia a enfermedades y herbicidas que impiden mayor rendimiento y somos conscientes, como nunca antes en nuestra historia, de la tarea permanente sobre el mejoramiento de las especies.

MGV 2

BIOTECNOLOGÍA APLICADA AL MEJORAMIENTO VEGETAL: EMPLEO DE MARCADORES MOLECULARES PARA ASISTIR LA MEJORA EN TOMATE

J.H. Pereira da Costa. IICAR-UNR, Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: pereiradacosta@iicar-conicet.gob.ar

La semilla mejorada genéticamente es el principal vehículo de agregación de valor en productos primarios agrícolas. El programa de mejoramiento de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) que tiene la Cátedra de Genética de la FCA-UNR tiene como objetivo mejorar la calidad del fruto y en particular su vida poscosecha. Para prolongar la vida poscosecha el mejoramiento genético clásico lo ha hecho a través de la incorporación de genes presentes en el germoplasma del tomate cultivado tales como el *rin* (*ripening inhibitor*) y el *nor* (*non ripening*). Estos genes en condición heterocigota modifican vías metabólicas que prolongan la maduración del fruto pero disminuyen su calidad. Dado que las especies silvestres tienen alternativas genéticas que mejoran la calidad del fruto se realizaron cruzamientos interespecíficos del cultivar Caimanta de *S. lycopersicum* con LA722 de *S. pimpinellifolium* como una estrategia para mejorar la calidad del fruto. El gran polimorfismo molecular existente entre estos genotipos progenitores permitió localizar marcadores moleculares en regiones del genoma que controlan diferencias morfológicas, bioquímicas o productivas. Estos marcadores fueron usados como herramienta para la caracterización y selección de varias poblaciones derivadas de este cruzamiento, obteniendo así poblaciones F2, *RILs* (*Recombinant Inbreed Lines* o líneas endocriadas recombinantes), HSC (Híbridos de Segundo Ciclo) y *NILs* (*Near Isogenic Lines* o líneas casi isogénicas) a través de las cuales avanzamos en el conocimiento de genes involucrados en la calidad de los frutos de este cultivo.

MGV 3

ESTUDIANDO LOS GENES Y MECANISMOS QUE CONFIEREN RESISTENCIA A HERBICIDAS GRUPO B EN GIRASOL Y TRIGO

G. Breccia. IICAR, UNR-CONICET, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina.

E-mail: breccia@iicar-conicet.gob.ar

Los herbicidas del grupo B o inhibidores de la acetohidroxiácido sintasa (AHAS) son un grupo de compuestos que incluyen a las imidazolinonas. Estos herbicidas controlan un amplio de espectro de malezas con bajas dosis de aplicación. La resistencia de las especies vegetales a estos herbicidas puede estar dada por la modificación del sitio de acción, esto es, una modificación en la estructura de la AHAS que hace que la misma pierda sensibilidad a estos compuestos. Mutaciones puntuales en estos genes confieren resistencia a los inhibidores de AHAS. Por otro lado, existen mecanismos de resistencia no relacionados con el sitio de acción que minimizan la cantidad de herbicida activo que alcanza el sitio de acción e involucran menor absorción o transporte y mayor metabolismo del herbicida. La resistencia a imidazolinonas en girasoles *Imisun*, incorporada a partir de una población de girasol maleza, está controlada por un gen mayor *Ahas1-1* y por un gen modificador que estaría relacionado a mecanismos de detoxificación del herbicida. Por su parte, en trigo esta resistencia está determinada por mutaciones puntuales en dos genes, *Ahas1-B* y *Ahas1-D* y la expresión de este carácter puede variar dependiendo del fondo genético de los cultivares. La fenotipificación de la respuesta a herbicida a nivel de plántula y ensayos enzimáticos permitieron, en ambas especies, distinguir genotipos con diferentes grados de resistencia. En conjunto todos estos estudios amplían el conocimiento de un carácter complejo y proveen información de interés para los programas de mejoramiento en ambos cultivos.

MGV 4

RESPUESTAS DE TRES GENOTIPOS DE MAÍZ (*Zea mays* L.) A DIFERENTES DOSIS DE MERCURIO EN EL AGUA DURANTE LOS PRIMEROS DÍAS DE CRECIMIENTO

Bretón A.M.¹, J.J. Medrano¹, M.J. Velázquez¹. Universidad Autónoma de Entre Ríos, Argentina.

E-mail: adribreton@gmail.com

El mercurio (Hg) es un metal pesado que se encuentran en forma natural en la corteza terrestre, su distribución en el ambiente se altera naturalmente o por efecto antrópico. Las plantas juegan un papel importante en la entrada de Hg en las cadenas alimentarias, ya que pueden absorber el metal tanto por las raíces como por las hojas. Este elemento altera los procesos fisiológicos de las plantas y puede tener un efecto negativo en su crecimiento y desarrollo; se tiene evidencia de esto en el maíz (*Zea mays* L.), pero se han observado comportamientos diferenciales según el genotipo empleado. En este trabajo se probaron las respuestas de tres cultivares comerciales, híbridos transgénicos de maíz de amplio empleo en la provincia de Entre Ríos, a saber: P2069YR, DK72-10VT3P y SY900 VIPTERA3, los cuales se crecieron en condiciones controladas empleando un testigo sin Hg y cuatro concentraciones diferentes de HgCl₂ a razón de 1; 5; 10 y 15 mg/l de agua de riego. Transcurridos 7 días se midieron las siguientes variables: porcentaje de germinación, peso de plántula, largo de vástago, largo de raíz principal y número de raíces. Los datos fueron analizados estadísticamente empleando el programa estadístico InfoStat. También se estimaron los porcentajes de fitotoxicidad para tallo y raíz y el índice de tolerancia (TI). Se observaron diferencias significativas entre los genotipos para las variables evaluadas. El genotipo DK72-10VT3P presentó los menores valores de TI, lo cual estaría indicando que es más sensible a la presencia de Hg que los otros dos genotipos evaluados.

MGV 5

POTENCIALIDAD DE LAS RAZAS DE MAÍZ DEL NOROESTE ARGENTINO PARA SER UTILIZADAS EN UN PROGRAMA DE MEJORA GENÉTICA DE LA CALIDAD QUÍMICA DEL GRANO

Corcuera V.R.^{1,2,5}, G.E. González³, J. Cámara-Hernández^{4†}, M.V. Kandus⁵, D. Almorza Gomar⁶, J.C. Salerno^{5,7}. ¹Com. Investig. Científ. Peia. Bs. As.; ²Cátedra Ind. Cadena de Cereales y Oleaginosas, FCA-UNLZ; ³Depto. Ecología Genética y Evolución (FCEN-UBA), IEGEBA (CONICET); ⁴Lab. Vavilov, Fac. Agronomía-UBA; ⁵Inst. de Genética Ewald A. Favret-INTA, Castelar, Peia. Bs. As.; ⁶Universidad de Cádiz, España; ⁷Escuela de Agronomía, USAL, Pilar, Peia. Bs. As., Argentina.
E-mail: vrcorcuera@gmail.com

El grano de maíz provee nutrientes primordiales para el ser humano pero el contenido de alguno de ellos es insuficiente o desequilibrado para quienes utilizan este cereal como alimento base. La calidad de los productos alimenticios que depende de las propiedades de la materia prima con la que se elaboran, puede mejorarse mediante fortificación exógena, pero los consumidores demandan productos más saludables y con menor contenido de aditivos-fortificantes. Por ende, la fortificación endógena o biofortificación es la mejor manera de optimizar la calidad nutricional e implica utilizar herramientas de mejora genética. El objetivo de este trabajo fue evaluar la calidad química del grano de diez razas de maíz autóctonas del Noroeste argentino (Amarillo Chico, Amarillo Grande, Capia Blanco, Culli, Chullpi, Garrapata, Harinoso, Marrón, Morocho y Pisingallo). El perfil de macronutrientes del grano entero fue determinado mediante tecnología de infrarrojo cercano sin destrucción de la matriz analizada. Se encontraron variaciones para contenido proteico (7,9-13,1%, el valor más alto correspondió a la raza Pisingallo); contenido de aceite (6,0-8,0%); contenido de almidón (67,3-72,2%). Los granos de todas las razas excepto Amarillo Chico, Amarillo Grande, Morocho y Marrón tienen un contenido elevado de aceite ($\geq 7,0\%$). Los resultados sugieren que estos materiales genéticos pueden ser empleados para desarrollar y seleccionar nuevas líneas endogámicas de alta calidad de grano y ser utilizadas en futuros planes de mejora genética del maíz.

MGV 6

INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN TRES POBLACIONES DE LÍNEAS RECOMBINANTES DE MAÍZ PARA RESISTENCIA A *Fusarium verticillioides* Y *Exserohilum turcicum*

Belich Y.E.¹, G.R. Pratta^{2,3}, G.P. Munkvold⁴, ¹Nidera Seeds, Venado Tuerto, Santa Fe, Argentina; ²IICAR (CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ³CONICET; ⁴Department of Plant Pathology and Microbiology, Iowa State University, Estados Unidos.
E-mail: yebelich@nidera.com.ar

Uno de los propósitos del mejoramiento de maíz (*Zea mays*) es el desarrollo de materiales genéticamente resistentes (R) a enfermedades de espiga (*Fusarium* spp.) y foliares (Tizón norteño o *Exserohilum turcicum*). Los objetivos fueron analizar la variación genética de tres poblaciones RIL en ambientes con distintas características para el desarrollo de estas enfermedades y determinar la magnitud y naturaleza de la Interacción Genotipo-Ambiente. Se evaluaron fenotípicamente tres poblaciones derivadas de parentales con diferente comportamiento frente a *Fusarium*: RxS (susceptible), RxR y SxS, en tres localidades: Laguna Larga, Venado Tuerto y Sampacho, en tres campañas: 2013-14, 2014-15 y 2015-16. Se evaluó severidad de *Fusarium* (escala Reid & Hamilton, entre 1=0% de infección y 7= de 75 a 100%) y de *E. turcicum* (escala entre 1=0% de infección y 9=100%). Las poblaciones se compararon por ANOVA factorial y se obtuvieron los *biplots* con el *software* Infogen. Todas las fuentes de variación resultaron significativas ($p < 0,05$), siendo las diferencias entre campañas muy superiores al resto. Por lo tanto, se aplicó un ANOVA bifactorial por campaña, encontrándose variación genética e interacción con localidad significativas. Los *biplots* permitieron visualizar las combinaciones población-localidad más favorables. Se concluyó que es posible utilizar la variación genética presente en estas poblaciones para desarrollar materiales resistentes a ambas enfermedades, pero dada la interacción genotipo-ambiente, los materiales deberán ser seleccionados para cada condición ambiental.

MGV 7

VARIABILIDAD PARA LOS CONTENIDOS DE PROLINA ENTRE CULTIVARES DE CANOLA (*Brassica campestris* L.) SOMETIDOS A TRATAMIENTO SALINO

Di Paolo M.¹, G.A. Eyherabide¹, J. Lúquez¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata.
E-mail: mechadipaolo@gmail.com

La prolina se acumula bajo estrés salino en los tejidos de hoja y raíz, y se le atribuye un posible papel protector frente al potencial osmótico generado por la sal. El objetivo del trabajo fue detectar variabilidad para el contenido de prolina en plantas jóvenes de cinco cultivares de canola regados con solución Hoagland (1/2X) y solución Hoagland más 120 mMNaCl. Se extrajo prolina de tejidos de parte aérea y raíz de plantas de los cultivares Solar Cl, Hyola 830, Inspiration, Bioaureo 2486 y Macacha Inta. En sal, los contenidos de prolina oscilaron entre 0,03 y 1,17 μmoles de prolina/gramo de material fresco para Bioaureo 2486 e Hyola 830 respectivamente en parte aérea, y 0,022 y 0,12 en raíz para Macacha Inta y Bioaureo 2486 respectivamente. Hyola 830, Macacha Inta y Solar Cl presentaron los mayores contenidos y Bioaureo 2486 el menor. Las medias de prolina en sal difirieron significativamente ($P \leq 0,05$) de las de prolina en Hoagland excepto para Inspiration en parte aérea y Bioaureo 2486 en raíz. Menos este último cultivar, todos acumularon prolina en parte aérea en tratamiento salino. Resta evaluar la performance agronómica de ellos y correlacionarla con su patrón de acumulación de prolina para realizar selección indirecta usando el osmolito como marcador.

MGV 8

SELECCIÓN DE UNA POBLACIÓN DE MAPEO PARA LA TOLERANCIA AL ESTRÉS HÍDRICO EN GIRASOL (*Helianthus annuus* VAR. *macrocarpus* (DC) Cockerell)

Grandon N.G.¹, M.V Moreno¹, L. Mecchia², E.A. Martin³.
¹Laboratorio de Biotecnología, INTA-EEA Manfredi, Córdoba, Argentina; ²Instituto A.P. Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Nacional de Villa María, Córdoba, Argentina; ³IICAR-CONICET, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: grandon.nancy@inta.gov.ar

Argentina es el cuarto productor mundial de girasol. No obstante, el desplazamiento del cultivo hacia zonas con déficit hídrico provoca pérdidas de rendimiento. Por esto, resulta interesante identificar las regiones genómicas asociadas a la tolerancia a dicho estrés. El objetivo del presente trabajo fue seleccionar una población de mapeo F_2 adecuada para el desarrollo posterior de un mapa de ligamiento, mediante el análisis con marcadores microsatélites (SSR). Se caracterizaron siete líneas endocriadas de girasol con 127 SSR para determinar el polimorfismo entre ellas y se realizó un análisis de conglomerados a partir de las distancias genéticas calculadas con el índice de Nei *Standard*. Cuatro de ellas se utilizaron para generar cinco poblaciones F_2 y se determinó si estas presentaban segregación mendeliana (1:2:1) ($\chi^2 \leq \chi^2_{\alpha=0,05}$), para 34 SSR polimórficos seleccionados previamente. De los 127 SSR analizados, 91 detectaron 262 alelos con 2,88 alelos/*locus*. Con el análisis de conglomerados se identificaron dos grupos, uno formado por HAR4 y B59 y el otro por los demás genotipos. En este último se formaron dos subgrupos, uno conformado por R423, HA89 y R419 y otro por R432 y HA64. El análisis de segregación de marcadores mostró distorsión en las cinco poblaciones, siendo R423xR419: 100%, B59xR423: 21%, R419xR423: 15%, R419xR432: 15% y B59xR432: 9%. Así se concluye que la población F_2 elegida es R419xR432 por presentar mayor polimorfismo entre sus parentales (64%) y evidenciar menor distorsión en su segregación (15%); además sus parentales se ubicaron en subgrupos distintos del dendrograma.

MGV 9

ESTUDIO COMPARATIVO DE PARÁMETROS BIOMÉTRICOS CITOEMBRIOLÓGICOS EN DISTINTOS GENOTIPOS DE GIRASOL

Duarte C.¹, A. Menendez¹, M.B. Bianchi^{1,2}, L.A. Picardi^{1,2,3}, G.M. Nestares^{1,3}, A.C. Ochogavía^{1,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²CIUNR, Universidad Nacional de Rosario; ³Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario IICAR-CONICET-UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: anaochogavia@conicet.gov.ar

Los sistemas de androesterilidad son útiles para la obtención de semilla híbrida. En girasol (*Helianthus annuus* L.) se ha propuesto un método para inducir androesterilidad a través del tratamiento con imidazolinonas en estadios vegetativos tardíos de plantas resistentes. En nuestro grupo de trabajo hemos comprobado que el tratamiento genera una importante disminución en el número de semillas en líneas autofecundadas Imisun (líneas portadoras del alelo de resistencia), asociada tanto a alteraciones en el desarrollo del gametofito masculino como a efectos negativos en la megagametogénesis. El estudio y control de estos últimos facilitará la aplicación segura de dicho método. Sin embargo, la citoembriología del girasol sólo ha sido estudiada en pocas líneas fértiles. El objetivo de este trabajo fue comparar las variables biométricas de sacos embrionarios durante 4 estadios reproductivos en 9 genotipos (3 líneas restauradoras de la fertilidad y 6 fértiles). Para esto se aplicó microscopía DIC sobre óvulos diafanizados y el programa FIJI para dimensionarlas (Largo, Ancho y Área del Saco Embrionario, Ancho del Endotelio, Índice de Forma, Área de Nucléolos de Célula Media y Oósfera). Los datos se analizaron a través de ANOVA y la comparación de medias con Tukey. Esta técnica permitió detectar diferencias significativas entre genotipos y entre estadios reproductivos para todos los parámetros biométricos evaluados y presenta un importante potencial para evaluar alteraciones durante la megagametogénesis inducidas por diversos gametocidas.

MGV 10

EFFECTO DE LA “RABIA” (*Ascochyta rabiae*) SOBRE PESO DE GRANO EN GENOTIPOS DE GARBANZO (*Cicer arietinum* L.)

Espósito M.A.¹, L. Magnano², E. Falappa⁴, L. Franco⁴, A. Bresó⁴, E. Carpinetti⁴, M.E. Lago³. ¹Mejoramiento EEA INTA Oliveros; ²Estadística EEA INTA Oliveros; ³Fitopatología EEA INTA Oliveros, Oliveros, Santa Fe; ⁴Estudiantes Facultad Cs. Agrarias, UNR.
E-mail: esposito.maria@inta.gov.ar

En el sur de Santa Fe las enfermedades limitan los rendimientos en garbanzo, produciéndose daños importantes por “rabia del garbanzo”. La evaluación del comportamiento local de materiales a esta enfermedad es clave para adaptar y desarrollar genotipos en nuevas áreas. En 2014 dos materiales (10 y 13) mostraron buen comportamiento en las condiciones de Oliveros. Además, se observó relación inversa entre severidad de “rabia” y peso de grano. En 2015, con el objetivo de validar estos resultados frente a otra situación ambiental en la misma localidad, se evaluaron 30 vainas/parcela/genotipo, obtenidas en un ensayo de campo con infección natural, en 11 genotipos y 2 repeticiones. Se evaluó severidad en vaina según escala de 4 puntos de Lago *et al.*, modificada. Cada grano se pesó individualmente. Se realizó un análisis de correspondencias y la prueba no paramétrica Friedman para describir y analizar el efecto del genotipo/peso de grano con Infostat. A diferencia de 2014, el ambiente no fue conducente para la enfermedad. Todos los materiales presentaron más del 80% de vainas sanas. La severidad más alta se observó en 11 y 12. La severidad registrada fue insuficiente para detectar diferencias de comportamiento e impidió caracterizar la relación severidad/peso de grano, pues no se cumplieron los supuestos para realizar un test de asociación. Los materiales 2, 6, 9, 11, 12 y 13 se asociaron con altos pesos de grano y 2, 5, 8 y 10, con menor peso. La evaluación en condiciones más propicias para la enfermedad permitirá validar los resultados previos respecto al comportamiento de los materiales a “rabia” y su efecto sobre peso de grano.

MGV 11

INFLUENCIA PARENTAL Y EFECTO RECÍPROCO PARA CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN TOMATE

Gimenez M.D.^{1*}, F. Trepata^{2*}, R.A. Bueno², J.H. Pereira da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR); ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina; *Ex-aequo.
E-mail: magali.d.gimenez@gmail.com

Con el objetivo de evaluar el tipo de herencia para caracteres cuantitativos de fruto se realizó un cruzamiento dialélico entre cinco genotipos de tomate: G, Q, R17, RP y ZG. En 5 o más frutos de 4 plantas de 10 cruzamientos recíprocos se analizó la acción génica de 13 caracteres: a, b, a/b y L del color, peso, altura, diámetro, forma, vida poscosecha (VP), dureza, pH, contenido de sólidos solubles y acidez (130 casos). Los efectos dominancia (27%) y aditividad (21%) fueron más frecuentes que dominancia parcial (2%) y sobredominancia (1%). En el 22% de los casos, los híbridos recíprocos mostraron diferente acción génica (acción génica asimétrica AGA). En algunos casos las AGA estaban influidas por el rol sexual de los progenitores. Entre estas últimas hubo 3% de AGA de herencia materna y 5% de herencia paterna. La dureza y a del color mostraron AGA de influencia materna en dos cruzamientos; mientras que a/b, peso y diámetro presentaron AGA de influencia paterna. Altura y VP presentaron tanto influencia materna como paterna. Asimismo, hubo diferencias significativas entre los híbridos recíprocos (Efecto Recíproco, ER) en el 19% de los casos. Este ER se presentó principalmente en el cruzamiento entre G y Q (61%) y en el carácter b de color (50%) en varios cruzamientos. Mientras que no hubo ER en el cruzamiento entre Q y R17, ni para el carácter sólidos solubles. Estos resultados indican que el rol sexual de los progenitores puede determinar el fenotipo de los híbridos y junto al ER entre híbridos deberían ser considerados en los programas de mejoramiento.

MGV 12

CLASIFICACIÓN DE POBLACIONES DE TOMATE POR CARACTERES DE FRUTO MEDIANTE *RANDOM FOREST*

Faviere G.S.¹, V.G. Cabodevila², M.S. Vitelleschi^{1,4}, G.R. Pratta^{2,3}. ¹Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas de la Escuela de Estadística, Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, UNR; ²Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR; ³IICAR (UNR/CONICET); ⁴CIUNR.
E-mail: mvitelle@fcecon.unr.edu.ar

La clasificación de poblaciones es necesaria para obtener el máximo provecho de su variación genética. El objetivo fue clasificar 5 poblaciones de tomate (RIL1, RIL18, su F₁ o Híbrido de Segundo Ciclo y ambas BCs) por 10 caracteres de fruto mediante *Random Forest*, un método que permite construir una regla de clasificación con el menor error, reconociendo patrones a partir del conjunto de variables en estudio y proporcionando un ranking de la importancia de las variables que resultan fundamentales. Como método de referencia se aplicó Análisis Discriminante. Para dividir cada nodo de los árboles, se optó por seleccionar aleatoriamente 3 variables. Los porcentajes del error de clasificación global fueron mínimos y similares tanto con 200 como con 300 árboles (28,26%), por lo que se decidió combinar 200. No hubo errores en la clasificación de los genotipos uniformes, siendo los errores de 9,09% en BC1 y 23,53% en BC2. Tanto las medidas MDA (*Mean Decrease Accuracy*) como MDG (*Mean Decrease Gini*) indicaron que forma, contenido en sólidos solubles y diámetro fueron los caracteres de fruto que más contribuyeron a la clasificación de estas poblaciones. Además, el Análisis Discriminante tuvo un error de clasificación mayor (43,48%). En un trabajo previo en que se aplicó *Random Forest* a un conjunto de RILs, se obtuvieron resultados similares aunque los errores en la clasificación de genotipos fueron nulos. Los errores encontrados en las BCs podrían ser atribuidos a su segregación genética. Se concluye que *Random Forest* es un método apropiado para clasificar poblaciones de tomate.

MGV 13

LA INTROGRESIÓN DE GENES DE *Solanum pimpinellifolium* EN EL CROMOSOMA 8 INCREMENTA LA VIDA POSCOSECHA DE LOS FRUTOS EN EL TOMATE CULTIVADO

Rodríguez G.R.^{1,2}, G.G. Alarcón¹, D.V. Vázquez¹, V. Cambiaso^{1,2}, J.H. Pereira da Costa^{1,2}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR); ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: grodrig@unr.edu.ar

El incremento en la vida poscosecha (VP) de los frutos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es fundamental cuando el producto se destina al consumo en fresco. Por análisis de *QTL* (*Quantitative Trait Loci* o *loci* de caracteres cuantitativos), la región centromérica del cromosoma 8 de tomate se asoció a VP en generaciones segregantes tempranas de dos cruzamientos interespecíficos. Para validar estos resultados, realizamos cuatro ciclos de retrocruza asistidos por marcadores moleculares para desarrollar líneas casi isogénicas (*NILs*, *near isogenic lines*) con la región centromérica del cromosoma 8 introgresada desde *S. pimpinellifolium* LA0722 en el cultivar Caimanta y desde *S. pimpinellifolium* LA1589 en Río Grande. Se evaluó una familia segregante de cada *NIL* conformada por 5 plantas homocigotas para los alelos del genotipo cultivado, 5 plantas homocigotas como *S. pimpinellifolium* y 5 plantas heterocigotas en la región segregante del cromosoma 8. En ocho frutos de cada planta cosechados al estado pintón se evaluó VP (en días) y dureza (en %). La asociación entre marcadores moleculares y los fenotipos se realizó por ANOVA. La región segregante se asoció a VP ($p < 0,05$) pero no a la dureza de los frutos en ambas familias de *NILs*. Los alelos responsables de incrementar el valor medio de VP fueron los provenientes del genotipo silvestre. Se concluye que se validó el efecto de los genes de *S. pimpinellifolium* localizados en la región centromérica del cromosoma 8 de tomate sobre el incremento en la vida poscosecha de los frutos en *NILs* de tomate con diferente contexto genético.

MGV 14

EVALUACIÓN DEL RENDIMIENTO DE 4 CULTIVARES DE *Stevia rebaudiana* (BERT.) EN EL NORESTE DE CORRIENTES

Guerrero D.R.^{1,2}, M.C. Dominguez^{1,2}, R.G. Feltan^{1,2}, R.E. Bubillo¹, M.J. Fernández². ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Cerro Azul, Argentina; ²Universidad del Salvador, Campus San Roque González de Santa Cruz, Gdor. Virasoro, Corrientes, Argentina. E-mail: guerrero.diego@inta.gob.ar

En la región noreste de la República Argentina se cultiva *Stevia* o yerba dulce desde épocas guaraníicas y en la actualidad el cultivo forma parte de importantes proyectos de pequeñas y grandes empresas. La Universidad del Salvador y el INTA Cerro Azul se encuentran realizando trabajos de investigación. La información obtenida a partir de los mismos será de gran importancia para productores interesados en diversificar su producción, o para emprendimientos de mayor magnitud. Para verificar el rendimiento de hojas secas por hectárea de 4 cultivares selectos de yerba dulce (ST72; ST02; ST54 y STE), se implantaron 12 parcelas de 5 m x 2 m con un marco de plantación de 0,5 m entre líneas y 0,2 m entre plantas. El diseño experimental propuesto fue en bloques completos al azar con 3 repeticiones. Se cosecharon 30 plantas por parcela cuando éstas se encontraban con aproximadamente 10% de flores abiertas. Las plantas cosechadas (tallos y hojas) fueron rotuladas y secadas en estufa a 65 °C durante 48 horas. Una vez secas se separaron y pesaron los tallos y las hojas. Como resultado del análisis estadístico de los datos, se observó que existe diferencias estadísticamente significativas entre los cultivares estudiados. El cultivar ST02 mostró el mayor rendimiento para la variable estudiada, registrando 1056 kg de hojas secas por hectárea y el menor rendimiento lo obtuvo el cultivar ST72 con 543 kg de hojas secas. A partir de estos datos parciales obtenidos de la campaña 2017-2018 no se sugiere realizar recomendaciones técnicas sobre cultivares a utilizar. Estos datos preliminares permitirán en el mediano plazo seleccionar los mejores genotipos para los planteos productivos.

MGV 15

OBTENCIÓN DE PLANTAS POLIPLÓIDES DE *Stevia rebaudiana* MEDIANTE EL USO DE COLCHICINA

Fernández M.J.¹, M. Domínguez², D.R. Guerrero², R.E. Bubillo².
¹Biofábrica Misiones S.A., Argentina; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Cerro Azul, Argentina.
E-mail: geneticamj@gmail.com

Las hojas de *Stevia rebaudiana* contienen esteviolglicósidos, endulzantes sin calorías, empleados como edulcorante natural. Por esto se busca incrementar la productividad en términos de masa foliar como el contenido en los principios edulcorantes. El objetivo del trabajo fue promover la obtención de ejemplares con mayor número cromosómico y mejores características fenotípicas. Se indujo la poliploidía en plantas de *S. rebaudiana* mediante el tratamiento de ápices caulinares en soluciones de colchicina; éstos incluyeron seis concentraciones distintas (0,1; 0,05; 0,01; 0,005; 0,001 y 0,0005%) y tres tiempos de exposición por cada uno (1, 2 y 3 hs). Se evaluó la estabilidad de los poliploides durante tres fases diferentes de multiplicación vegetativa, se analizó el tamaño de las hojas superiores e inferiores y la altura de las plantas en los individuos diploides, triploides y tetraploides. La ploidía de estacas apicales de *S. rebaudiana* estuvo influenciada por la concentración de colchicina y el tiempo de exposición. Se obtuvieron plantas triploides al exponer las estacas a concentraciones de 0,01% durante 2 y 3 horas, ó 0,001% durante 1, 2 y 3 horas ó 0,0005% por 3 horas. Se obtuvieron tetraploides a concentraciones de 0,005% y exposiciones de 1, 2 y 3 horas. Las plantas triploides y tetraploides mostraron pérdida de la estabilidad de la poliploidía en sucesivos estaqueos (periodos de 30 días). El tamaño de las hojas superiores, inferiores y la altura de plantas de *S. rebaudiana* también fueron influenciados por la ploidía.

MGV 16

REGENERACIÓN *IN VITRO* EN EL GÉNERO *Macroptilium* (BENTH.) URBAN

Chingolani F.¹, N. Uberti², J.M. Zabala¹. ¹Programa de Documentación, Conservación y Valoración de la Flora Nativa (PRODOCOVA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral; ²Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral-CONICET.
E-mail: jmzabala@fca.unl.edu.ar

Macroptilium (Benth.) Urban (Leguminosae-Phaseoleae) es un género de especies forrajeras nativas de Argentina y Sudamérica. Se destacan tres especies, *M. bracteatum* (Nees & Martius) Maréchal & Baudet, *M. erythroloma* (Benth.) Urban y *M. lathyroides* (L.) Urban. En estas especies el PRODOCOVA lleva adelante un programa de mejora genética. Varias de las modernas técnicas biotecnológicas requieren eficientes sistemas de regeneración *in vitro*. Con el objetivo de diseñar protocolos de regeneración *in vitro* se evaluaron diferentes explantos (cotiledones y nudos cotiledonares), fuentes hormonales (benciladenina y thydiazurón) y genotipos de estas especies para analizar su respuesta *in vitro*. Se encontraron diferentes respuestas en las diferentes combinaciones de tratamientos. Se logró la regeneración *in vitro* de genotipos de las tres especies utilizando nudos cotiledonares y thydiazurón como fuente hormonal.

MGV 17

AVANCES EN LA GENERACIÓN DE MUTANTES INDUCIDAS EN ESPECIES FORRAJERAS

García*¹, A.N., M.C. Gómez*¹, A. Ladoux^{1,2}, A.M. Landau¹, A. Prina¹, E.M. Pagano¹. ¹IGEAF-CICVyA, INTA, Argentina; ²FAUBA, Argentina. *ambas autoras han trabajado de igual manera en el presente trabajo.

E-mail: garcia.araceli@inta.gob.ar

La alfalfa (*Medicago sativa* L.) y la festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) son dos de las forrajeras templadas más cultivadas en Argentina. Ambas se utilizan en pasturas puras o polifíticas en la región pampeana. La variabilidad requerida en el proceso de mejoramiento genético puede incrementarse a partir de la inducción de mutaciones por la aplicación de agentes mutagénicos químicos o físicos sobre el material. Resulta fundamental establecer la sensibilidad del tejido a tratar en función de las condiciones del tratamiento, ya que la dosis de mutágeno a utilizar no es definida fácilmente debido a que la respuesta es influenciada por factores ambientales y químicos, modificando la efectividad y la eficiencia del mutágeno. Se determinarán los rangos de dosis óptima de EMS y rayos X para el tratamiento de semillas del cultivar Palenque Plus INTA de festuca y de la variedad Trafal de alfalfa y se evaluará la respuesta a los mismos. Se analizó la generación M1 con ambos agentes registrándose porcentaje de germinación, supervivencia y características morfológicas como altura total, producción de semillas, presencia de mutaciones clorofílicas y morfológicas. La generación M2 se obtuvo a partir de autofecundaciones en alfalfa y cruzamiento dentro de cada tratamiento en festuca, detectándose en ésta especie mutaciones heredables. Se determinaron los rangos de dosis óptimas con EMS y rayos X que permitieron obtener plantas fértiles para ambas especies, permitiendo iniciar la búsqueda de mutantes por el carácter de resistencia a herbicida.

MGV 18

EVALUACIÓN A CAMPO DE LA RESPUESTA AL GLUFOSINATO DE AMONIO DE EVENTOS DE FESTUCA ALTA CONSOCIADA CON ALFALFA, AMBAS ESPECIES TOLERANTES AL HERBICIDA

Ferri A.M.¹, M.C. Gómez¹, G. Piparola¹, G.C. Soto¹, M.E. Pagano¹. ¹Instituto de Genética Edwald A. Favret, INTA-Castelar, Buenos Aires, Argentina.

E-mail: ferri.andrea@inta.gob.ar

Las pasturas perennes con base festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) son utilizadas para la producción sostenible de carne y leche y están ampliamente distribuidas en toda la región Pampeana comúnmente consociada con alfalfa. Su lenta implantación determina una pérdida del rendimiento del cultivo en la competencia frente a malezas. Este trabajo tuvo como objetivo determinar en un ensayo a campo el comportamiento de eventos transgénicos de festuca alta tolerantes a glufosinato de amonio (GA), frente a la aplicación del herbicida. Las plantas transgénicas se obtuvieron previamente por transformación genética vía *Agrobacterium tumefaciens* sobre base genética de cultivares élite. Se evaluaron 16 eventos de festuca tolerantes a GA, en consociación con un evento de alfalfa también tolerante al herbicida. El material empleado consistió en plantines establecidos en invernáculo y trasplantados en hileras alternadas con alfalfa. Se realizaron 3 repeticiones con un n=10. Como control se usaron plantas de festuca alta y alfalfa no transgénicas con y sin aplicación de GA. La concentración de GA-Liberty® empleada fue 3,5 l/ha. Hubo dos eventos que mostraron tolerancia al GA. Estos resultados son consistentes con ensayos previos en invernáculo ya que dichos eventos se encontraban dentro de los que presentaban la mejor performance. Contar con cultivares de festuca resistentes al GA facilitará enormemente el control de las malezas en tiempo y forma, simplificando el manejo del cultivo y aumentando los rendimientos de forrajes por unidad de superficie.

MGV 19

CARACTERES MORFOLÓGICOS Y PRODUCTIVOS ENTRE FAMILIAS DE MEDIO HERMANOS DE *Festuca arundinacea* SCHREB.

Vega D.¹, H. di Santo¹, E. Grassi¹, E. Castillo¹, V. Ferreira¹, A. Ferreira¹. ¹Genética, FAV, UN de Río Cuarto.
E-mail: jvega@ayv.unrc.edu.ar

Festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) es una gramínea forrajera alohexaploide ($2n=6x=42$), perenne, de crecimiento otoño-invierno-primaveral, ampliamente cultivada como pastura en regiones templadas. Personal de la orientación Genética de la UN de Río Cuarto ha colectado germoplasma de festuca alta naturalizado en la zona central sub-húmeda semiárida de Argentina. Con el objetivo de identificar material forrajero superior, en 2017 se evaluaron 21 genotipos a través de un ensayo de medios hermanos, con un diseño completamente aleatorizado en macetas. Se realizaron 3 cortes de forraje y 5 momentos de medición de caracteres morfológicos en cada planta. Los mismos fueron: altura de planta (AP), N° de macollos (NM), N° de hojas (NH), producción de biomasa (BS), biomasa seca total producida en el ciclo (BST) y producción de semilla (PS). Los ANAVA revelaron diferencias significativas entre genotipos en NM, NH, BST y PS. Todos los caracteres presentaron interacción significativa genotipo x tiempo. Los genotipos 9 y 19 presentaron mayor BST ($7,69 \pm 0,45$ y $7,52 \pm 0,44$ g/planta) y PS ($0,94 \pm 0,09$ y $0,83 \pm 0,10$ g/planta respectivamente), diferenciándose significativamente del resto de los genotipos y testigos. Los caracteres morfológicos fueron los más importantes para explicar la variabilidad entre los genotipos según el análisis multivariado (ACP). Los genotipos 5, 16, 13, 14, 2, 11 y 17 se asociaron en forma positiva por los caracteres morfológicos, mientras los genotipos 6, 9, 8, 21 y 19 lo hicieron por los caracteres BST y PS.

MGV 20

SELECCIÓN DE LÍNEAS F₉ DE TRICEPIRO PARA LA PRODUCCIÓN DE FORRAJE Y GRANO

Vicente A.¹, H. di Santo¹, D. Vega^{1,2}, E. Grassi¹, E. Castillo¹, A. Ferreira¹, V. Ferreira¹. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; ²Becaria CONICET.
E-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

El tricepiro, cruza intergenérica entre Triticale (*x Triticosecale* Wittmack) y trigopiro (*x Agrotricum* A. Camus) presenta inestabilidad citológica y baja fertilidad en las primeras generaciones, que deben ser superadas para la posterior selección por caracteres de importancia agronómica. En la UN de Río Cuarto se desarrolla germoplasma de tricepiro empleando triticales hexaploides ($2n=6x=42$) y trigopiros octo- y hexaploides ($2n=8x=56$; $2n=6x=42$). Con el objetivo de seleccionar líneas F₉ estables con aptitud para la producción de forraje y grano, durante 2017 se sembraron 78 líneas selectas en parcelas de 5 m², empleando un diseño aumentado. Se incluyeron 5 repeticiones de los testigos tricepiro Don René-INTA y triticales Eronga-CIMMYT, Tizné-UNRC y Yavú-UNRC, para estimar el error experimental y ajustar los rendimientos de las líneas por diferencias de bloques. Los valores medios de los caracteres fueron: producción de biomasa: $219,14 \pm 81,88$ g.m²; altura de planta: $64,45 \pm 12,48$ cm; N° de macollos m²: $185,65 \pm 76,53$; N° de espigas m²: $175,07 \pm 70,26$; producción de grano: $107,72 \pm 71,79$ g.m²; e índice de fertilidad: $1,56 \pm 0,92$ granos/espiguilla. Todas las líneas presentaron diferencias significativas para los caracteres analizados. Se confeccionó un índice de posición con los valores ajustados, lo cual permitió la elección de 26 líneas que superaron en promedio por 29,5% a los testigos. Se continuará la evaluación de las líneas selectas en ensayos comparativos de rendimiento para su validación agronómica.



MGV 21

HEREDABILIDAD EN GENERACIONES TEMPRANAS DE TRITICALE Y TRICEPIRO

Grossi Vanacore M.F.¹, E. Grassi¹, H. di Santo¹, D. Vega^{1,2}, E. Castillo¹, A. Ferreira¹, V. Ferreira¹. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto; ²Becaria CONICET. E-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El triticale (*x Triticosecale Wittmack*) y el tricepiro (*x Agroticum Camus*) son cultivos sintéticos obtenidos a través del cruzamiento entre trigo y centeno, y triticale y trigopiro (*Triticum x Thinopyrum*), respectivamente. En ellos se pretende reunir la calidad del trigo con la rusticidad del centeno y agropiro. En la UN Río Cuarto, Córdoba, se desarrolla germoplasma con aptitud forrajera y granífera. La heredabilidad (h^2) representa el grado en que el valor fenotípico proporciona una indicación fiable del valor genético. El objetivo fue estimar la h^2 en cruza de triticale y tricepiro mediante la regresión progenie-progenitor en las generaciones F_2-F_3 y F_3-F_4 . El material se compuso de siete cruza. Sus progenies se sembraron a golpe en jaula fitotécnica en 2016, y se evaluaron cuatro plantas hijas de cada planta progenitora. Los caracteres analizados presentaron los siguientes valores de h^2 : altura de la planta 0,33; N° macollos por planta 0,47; días a floración: 0,03; ancho de hoja anterior a hoja bandera: 0,21; largo de hoja anterior a hoja bandera: 0,18; N° de hojas por macollo: 0,12; N° granos por espiga: 0,28; N° granos por espiguilla: 0,21; N° espiguillas por espiga: 0,25; longitud de espiga: 0,31; N° espigas por planta: 0,30; N° de granos por planta: 0,40; peso de granos por planta: 0,47; arrugamiento de grano: 0,34 y peso de mil granos: 0,38. Las h^2 en cada cruza variaron entre 0 y 0,55, con valores medios en la mayoría de los caracteres. Los resultados sugieren la posibilidad de continuar con la selección de genotipos en generaciones tempranas de cruzamientos.

MGV 22

EVALUACIÓN DE LÍNEAS AVANZADAS DE TRITICALES (*x Triticosecale Wittmack*)

Grasso J.¹, F. Orlando Pernas¹, M.B. Corbalán Gervasoni², S. Felgueras¹, S. Virginillo¹, F. Pantuso^{1,2}. ¹Escuela de Agronomía, Universidad del Salvador, Campus Nuestra Señora del Pilar, Buenos Aires, Argentina; ²Departamento de Tecnología, Universidad Nacional de Luján, Buenos Aires, Argentina. E-mail: fpantuso@gmail.com

El triticale (*x Triticosecale Wittmack*) es un cereal de invierno resultado del cruzamiento entre trigo y centeno, dando origen a un alopoliploide utilizado como verdeo invernal y producción de grano. El objetivo de este trabajo es la evaluación de líneas avanzadas de triticale. El ensayo fue conducido en el campo experimental de la Universidad Nacional de Luján y en el Campus Nuestra Señora del Pilar, de la Escuela de Agronomía de la Universidad del Salvador durante el año 2017, se evaluaron 31 materiales, de los cuales 8 fueron triticales comerciales, una variedad de trigo usada como testigo y 22 líneas avanzadas de triticale. Las siembras se realizaron conjuntamente el 5 de junio de 2017 con sembradora planet con placa de 12 mm. El diseño experimental utilizado fue en bloques completos aleatorizados con 3 repeticiones, en parcelas de 2 surcos a 0,30 m por 5 m de largo. Se fertilizó con fosfato diamónico en macollaje equivalente a 150 Kg/ha. Para el control de malezas se utilizó 2,4D (48,5 g/100 cm³) en dosis de 1 lt/ha PF en post emergencia entre 5 hojas y previo al inicio de encañado. Se tomaron los siguientes datos por parcela: Número de plantas, número de espigas, altura de planta, altura inserción de espiga, largo de espiga, número de granos por espiga, peso de los 1000 granos y rendimiento. Los datos se analizaron mediante ANOVA y test DMS ($\alpha = 0,05$). Los resultados obtenidos muestran que las líneas avanzadas 30 y 18 tuvieron un excelente comportamiento superando de manera estadísticamente significativa a los materiales comerciales utilizados como testigos.

MGV 23

MEJORAMIENTO GENÉTICO DE *Trifolium repens* Y *Lotus corniculatus* SELECCIONADOS POR PERSISTENCIA VEGETATIVA BAJO PASTOREO CON OVINOS

Garro L.D.¹, S. Miri¹, R.N. Jauregui¹. ¹GENTOS S.A, Pergamino, Buenos Aires, Argentina.
E-mail: lgarro@gentos.com.ar

La siembra de praderas a base de gramíneas consociadas con leguminosas es una técnica muy utilizada en los sistemas ganaderos. La inclusión de una leguminosa ofrece numerosas ventajas tanto económicas como ambientales además de mejorar el consumo animal y aumentar el balance forrajero durante todo el año. Sin embargo, la persistencia de las leguminosas bajo sistemas pastoriles y que admitan un manejo que favorezca su complementariedad es una limitante. Por esto, se iniciaron dos programas de mejoramiento genético en dos leguminosas perennes trébol blanco, *Trifolium repens*, y *Lotus corniculatus* con el objetivo de aumentar la persistencia vegetativa de las mismas en condiciones reales de uso bajo pastoreo y en competencia con gramínea. Ambas especies son muy utilizadas como recurso forrajero ganadero ya que se encuentran adaptadas al pastoreo, pero su persistencia vegetativa se ve comprometida al tercer año. En trébol blanco se inició un programa de mejoramiento a partir de diferentes poblaciones en las que se seleccionaron individuos persistentes que naturalmente presentaban una alta densidad de estolones, de menor diámetro, semienterrados y de folíolos pequeños con foco en la persistencia bajo pastoreo continuo para evitar resiembra. En *Lotus* se realizó un programa de mejoramiento genético con foco en resistencia a enfermedades de corona y raíz bajo pastoreo en mezcla con *Festuca* alta. Luego de dos ciclos de selección las poblaciones mejoradas se están evaluando agrónomicamente bajo pastoreo y consociado con gramíneas.

MGV 24

ENSAYO DE POLIPLIDIZACIÓN EN TRÉBOL ROJO (*Trifolium pratense*) MEDIANTE LA UTILIZACIÓN DE COLCHICINA

Schneider J.S.¹, M.S. Ureta¹. ¹Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca, Argentina.
E-mail: msureta@uns.edu.ar

El trébol rojo es una planta fabácea perenne de producción forrajera de alta calidad. Dentro de las especies forrajeras es común hallar distinto nivel de ploidía que les confieren a las plantas propiedades diferenciales, como una mayor producción de biomasa o cierto nivel de resistencia al estrés abiótico. De la misma manera sucede con el trébol rojo, del cual podemos encontrar cultivares diploides ($2x=14$) y tetraploides ($4x=28$). Las plantas de *T. pratense* tetraploide se caracterizan por producir menor cantidad de semillas, pero de mayor peso de mil (P1000), mayor producción de materia seca y mayor resistencia a enfermedades que sus correspondientes genotipos diploides. El objetivo de este trabajo fue obtener plantas tetraploides de trébol rojo var. Redomon partiendo de un genotipo diploide. Se probaron tres tratamientos con colchicina en solución al 0,2%; uno sobre semillas germinadas y los otros dos sobre la yema apical de plántulas, 14 días luego de su emergencia. Del primer tratamiento no sobrevivió ningún individuo, mientras que de los otros lograron crecer y desarrollarse 500 plantas, de las cuales cinco resultaron tetraploides. La ploidía se estimó inicialmente a través del tamaño de los granos de polen para luego ser confirmada por conteo de cromosomas teñidos con fucsina básica, encontrando una importante correlación entre el tamaño del polen y el número de cromosomas. La F_1 , producto de la autofecundación de las plantas tratadas, resultó en individuos tetraploides parcialmente autoincompatibles, con inflorescencias de mayor tamaño a sus respectivos controles.

MGV 25

**TOLERANCIA A LA SOMBRA EN
Macroptilium lathyroides (L.) URBAN**

Sartor S.¹, L. Marinoni¹, I. Dallaferrera², J.M. Zabala¹. ¹Programa de Documentación, Conservación y Valoración de la Flora Nativa (PRODOCOVA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral; ²Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral, CONICET.
E-mail: jmzabala@fca.unl.edu.ar

Macroptilium lathyroides (L.) Urban es una especie forrajera anual nativa de Argentina y Sudamérica. En el PRODOCOVA se lleva adelante un programa de mejora genética de esta especie. Uno de los objetivos es encontrar materiales aptos para ser cultivados bajo monte, en sistemas ganaderos mixtos. Por este motivo se realizó una evaluación de las entradas de esta especie en el Banco de Germoplasma José Mario Alonso (FCA-UNL) en relación a su tolerancia a la sombra. Se realizaron dos ensayos, uno en cámara de crecimiento con iluminación y control de temperatura artificial y otro a campo. En el primer ensayo se analizó el crecimiento inicial de 27 entradas y se evaluaron parámetros morfológicos (biomasa, área foliar específica, elongación de tallo, etc.) en dos condiciones de iluminación completa (PAR 600 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$) y sombreado con malla plástica (PAR 300 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$). En el segundo ensayo se seleccionaron entradas que mostraron comportamiento contrastante en el primer ensayo (5) y se evaluó su crecimiento a campo. Se evaluaron parámetros morfológicos y fisiológicos (capacidad fotosintética) en dos tratamientos de iluminación completa (PAR 1800 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$ en el momento de la evaluación) y sombreado con malla plástica (PAR 400 $\mu\text{m}/\text{m}/\text{s}$). Se comparó la respuesta en los dos ensayos y se encontraron materiales promisorios para ser incorporados a un programa de mejora de esta especie para tolerancia a la sombra.

MGV 26

**ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD PARA
CARACTERES MORFOLÓGICOS EN
POBLACIONES DE *Trichloris pluriflora* E.
FOURN (CYNODONTEAE, POACEAE)**

Trod M.A.^{1,2}, P. Tomas¹, G. Cervigni², J. Zabala¹, L. Marinoni^{1,2}, J. Giavedoni¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Esperanza, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
E-mail: maria_trod@hotmail.com

Trichloris pluriflora es una gramínea nativa con potencial aprovechamiento como forrajera para planteos ganaderos de climas subtropicales. El objetivo de este trabajo fue analizar la variabilidad de los caracteres morfológicos en poblaciones de *T. pluriflora* provenientes de distintas regiones de Argentina. Se evaluaron 103 genotipos correspondientes a 12 poblaciones conservadas en el Banco de Germoplasma de la FCA-UNL. El ensayo se implantó siguiendo un diseño completamente aleatorizado en el campo experimental de la FCA-UNL (Esperanza-SF). Se analizaron 10 variables morfológicas cualitativas y cuantitativas relativas a dimensión de planta, dimensión foliar y biomasa aérea. El Análisis de los Componentes Principales representó en los dos primeros ejes el 51 % de la variabilidad muestreada, sin observarse una diferenciación clara entre procedencias. Mientras que el análisis de conglomerados evidenció una marcada diferencia entre genotipos para algunas poblaciones. En el Análisis de Varianza de los parámetros determinados se observaron diferencias estadísticamente significativas entre poblaciones para las variables de dimensión foliar y biomasa aérea. El análisis de la variabilidad en los caracteres morfológicos constituyó una forma de aproximación para identificar los caracteres adaptativos como herramientas de conservación. Estos resultados sugieren la necesidad de realizar nuevos estudios a nivel de genotipo para ampliar el conocimiento de la base genética de la variabilidad observada y determinar su componente intrapoblacional.

MGV 27

RESPUESTA DE CUATRO GENOTIPOS DE QUINUA, *Chenopodium quinoa* WILLD CULTIVADOS EN LA ZONA DE VALLES TEMPLADOS DE LA PROVINCIA DE JUJUY

Paredes C.M.¹, L.G. Buitrago¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, San Salvador de Jujuy, Argentina. E-mail: claudiaparedes@argentina.com

Se evaluaron cuatro genotipos de *Chenopodium quinoa*: Amarilla de Marangani, Kamiri, Nariño Pastor y Puno en valles templados de la provincia de Jujuy con el objeto de establecer objetivos de mejora. La presencia de saponinas es limitante para el consumo del grano, y su contenido distingue las variedades de quinua como dulces (<0,11%) o amargas (>0,11%). Los genotipos Nariño y Amarilla de Marangani de grano “semidulce” pertenecen al grupo de las llamadas quinas de valles. Los genotipos Kamiri y Puno, de granos “amargos”, son tolerantes a heladas y provenientes del altiplano. Los ensayos se ubicaron en la localidad El Carmen Lat -24.3833 Long -65.2667 en campañas desde 2013-2017. Se observó presencia de “mildew” atribuido a *Peronospora* spp., de aparición temprana en la fase vegetativa (V4: 4 hojas verdaderas). La siembra se hizo en un DCA con cuatro repeticiones y como fuente nitrogenada fosfato monoamónico (80 kgr/ha) frente a testigo. Las variables respuestas fueron altura de planta (AP), longitud de panoja (LP) y número de plantas por metro lineal (N°P/m). El ANOVA dio diferencia significativa para (AP): Nariño y Puno ($P \leq 0,05$, test de Tuckey), (LP): Puno, (N°P/m): Nariño. La fertilización sobre (AP) y (LP) demostró diferencia significativa a favor de los genotipos Nariño y Puno, y en (N°P/m) a favor del genotipo Nariño, con y sin fertilización. La información obtenida es consistente con las características del genotipo Nariño, y promisorio respecto del genotipo Puno por su condición de tolerante a heladas. Se sugiere continuar seleccionando genotipos que se adapten a esta zona.

MGV 28

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE GENOTIPOS PARENTALES DE SOJA CON COMPORTAMIENTO DIFERENCIAL A TIZÓN DE VAINA Y SEMILLA A TRAVÉS DE SNPs

Hernández F.E.^{1,2}, A.M. Peruzzo^{1,2}, G. Malone⁵, B. Ferrari⁶, G.R. Pratta^{1,3}, R.N. Pioli^{1,2,4}. ¹IICAR, UNR, CONICET, FCA, Argentina; ²Cátedra de Fitopatología, Laboratorio Biodiversidad Vegetal Microbiana, FCA-UNR, Argentina; ³Cátedra de Genética, FCA-UNR, Argentina; ⁴CIUNR, Argentina; ⁵Grupo Don Mario Seeds, Brasil; ⁶Grupo Don Mario Seeds, Argentina. E-mail: pioli@iicar-conicet.gob.ar

Los marcadores moleculares son una herramienta complementaria para la caracterización del germoplasma. El objetivo fue evaluar la variabilidad genética de seis genotipos de soja con comportamiento diferencial (4 resistentes R y 2 susceptibles S) frente al Tizón de tallo y vaina (*Phomopsis longicolla* y *P. sojae*) mediante marcadores SNPs (Polimorfismo de nucleótido simple) distribuidos aleatoriamente en el genoma de soja. De los 1224 SNPs, 1100 amplificaron satisfactoriamente. Mediante el programa INFOGEN se estimó la variabilidad genética, obteniéndose los siguientes parámetros medios: Proporción de loci polimórficos=0,795, Proporción de Heterocigosis (PH) =0,123, PIC=52,667, Número de alelos por locus (NAL)=1,859, Diversidad genética total (DGT)=0,328. La PH (considerada residual por estar evaluando líneas endocriadas), DGT y PIC separaron a los genotipos S, que tuvieron los menores valores, de los R. Estos se diferenciaron entre sí en base a dichos parámetros y a NAL. Las similitudes entre los 6 genotipos, calculadas en base a las distancias de Nei estandarizadas, fueron mayores entre dos R que representan líneas casi isogénicas. El agrupamiento a partir de estas similitudes resultó un *cluster* formado por los dos genotipos S y uno R, y otro por los dos R casi isogénicos y el R restante. Existe variabilidad genética dentro de la población bajo estudio, siendo la caracterización molecular mediante SNPs un complemento de la evaluación de la expresión fenotípica de la enfermedad para poder introducir genes de resistencia a genotipos adaptados con mayor grado de certidumbre.

MGV 29

POLIMORFISMOS DE ADN EN CRUZAMIENTOS ENTRE GENOTIPOS DE SOJA PORTADORES DE RESISTENCIA A *Diaporthe phaseolorum* var. *caulivora* A TRAVÉS DE SNP

Peruzzo A.M.^{1,2}, F.E. Hernández^{1,2}, G. Malone⁵, G.R. Pratta^{1,3}, B. Ferrari⁶, L.D. Ploper⁷, R.N. Pioli^{1,2,4}, ¹IICAR, UNR, CONICET, FCA, Argentina; ²Cátedra de Fitopatología, Laboratorio Biodiversidad Vegetal Microbiana, FCA-UNR, Argentina; ³Cátedra de Genética, FCA-UNR, Argentina; ⁴CIUNR, Argentina; ⁵GDM Seeds, Brasil; ⁶GDM Seeds, Argentina; ⁷ITANOA, CONICET-EEAOC, Argentina.
E-mail: pioli@iicar-conicet.gob.ar

En trabajos previos se evaluó la variabilidad genética de 24 genotipos de soja con comportamiento diferencial (12 resistentes y 12 susceptibles) a la Cancrosis del Tallo de Soja causada por 3 a 4 cepas distintas de *D. phaseolorum* var. *caulivora* (CTS-*Dpc*), mediante 160 marcadores codominantes SNP distribuidos aleatoriamente en el genoma de soja. El objetivo de este trabajo fue calcular el porcentaje de polimorfismos (%P) entre progenitores y el porcentaje de heterocigosis (%H) en las F₁ respecto a los loci polimórficos entre sus padres, en tres cruzamientos seleccionados por el comportamiento fenotípico frente a CTS-*Dpc*: G13-RxG4-S; G13-RxG12-S y G16-RxG9-S. El progenitor G13, común en dos cruzamientos, mostró 37,67 %P y sólo 22,60 %P respecto a G4 y G12, respectivamente; mientras G16 y G9 fueron divergentes con 46,57 %P. Si bien los genotipos más estabilizados G4, G16 y G9 no presentaron loci en heterocigosis residual (Hr), G13 y G12 registraron 4 y 3 loci en Hr respectivamente, por ser líneas experimentales con menor grado de endocria. En cada cruzamiento, el %H fue 100,00; 89,50 y 83,82, respectivamente, corroborándose que se trata de F₁ verdaderas entre sus padres. En los dos cruzamientos con %H inferior al esperado se observaron eventos de duplicación del alelo de uno de sus padres (materno o paterno) que podrían ser explicados por *gene conversion in heterozygous genotypes*. El análisis basado en el %P entre progenitores y al %H de sus F₁ mediante SNP, permitió seleccionar con certeza las poblaciones F₂ y avanzar en el programa de mejoramiento para resistencia a CTS-*Dpc*.

MGV 30

RESPUESTA A LA CONVERSIÓN SEGÚN LA FUENTE DE CARBONO USADA EN FASES PREVIAS EN LA REGENERACIÓN DE PLANTAS *IN VITRO* DE SOJA (*Glycine max* (L.) MERRILL)

Souza Canada E.D.¹, H. Permingeat¹. ¹Plataforma Agrotecnológica Biomolecular-Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: souzadaniel8@hotmail.com

Las plantas regeneradas *in vitro* de soja ofrecen bajo porcentajes de embriones somáticos convertidos. Esto puede estar relacionado a las condiciones de las fases previas, como son las de histodiferenciación/maduración y desecación. Por tal motivo, se comparó la influencia de dos tipos de carbohidratos como fuente de carbono del medio en estas fases. Los embriones somáticos inducidos y proliferados a partir de cotiledones inmaduros del cultivar Jack, se cultivaron en medios a base de las sales Murashige y Skoog (MS), vitaminas B5, Gelrite 0,2%, pH 5,7 y carbón activado 0,5%, que fueron suplementados con sacarosa 3% (MS3S), sacarosa 6% (MS6S) y maltosa 6% (MS6M). Aunque los embriones desarrollados sobre el medio MS6S fueron los que alcanzaron mayor grado de maduración fisiológica, en MS6M se contabilizaron en mayor número. Además, en MS6M al menos uno de los embriones somáticos por cotiledón cultivado (100%), desarrolló una plántula (conversión), seguidos por 75% en MS6S y 44% en MS3S. Por otro lado, un 43,2% de los embriones desecados convirtieron a plántulas en MS6S, seguido por MS6M (27%). Se pudo evidenciar que el tipo de carbohidrato y su concentración influye en la obtención de plántulas regeneradas. A pesar que con el medio MS6S se obtuvo un mayor porcentaje de conversión de embriones desecados a plántula, con MS6M la cantidad de plántulas total fue superior debido a que se partió de un número mayor de embriones somáticos maduros en esta última fase.

MGV 31

MAPEO GENÉTICO DE PRECOCIDAD INTRÍNSECA EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL DE RILs DE TRIGO PAN (*Triticum aestivum* L.) DESARROLLADA CON VARIEDADES ARGENTINAS

Lombardo L.A.¹, C.E. Ghione¹, M.M. Nisi¹, M. Helguera¹. ¹EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina.
E-mail: lombardo.lucio@inta.gob.ar

La precocidad intrínseca (EPS) de trigo pan ($2n=6x=42$ AABBDD) es el número mínimo de días a espigazón cuando se satisfacen sus requerimientos de vernalización y fotoperíodo. Los genes de EPS son relevantes para el ajuste fino de la adaptación y la modificación de componentes de rendimiento. La EPS ha sido muy poco explorada en germoplasma argentino, siendo este el objetivo del presente estudio. Una población de 89 RILs F_8 fue desarrollada por SSD del cruzamiento entre BioINTA 2001 (variedad primaveral, sensible y precoz) y Baguette Premium 11 (variedad primaveral, insensible y tardía). El mapa genético fue construido utilizando 16641 marcadores polimórficos (13943 DArTs, 2608 SNPs, 80 SSRs y 10 marcadores específicos de genes). EPS fue medida en tres plantas por línea siguiendo un diseño completamente aleatorizado con cinco repeticiones (ambientes), como la duración en días de la fase trasplante-espigazón tras 8 semanas de vernalización (5 °C con 8 hs luz) y trasplante a invernáculo a temperatura controlada (21 °C) y fotoperíodo extendido a 20 hs luz. El mapeo genético se realizó por intervalo compuesto. El mapa genético incluyó 327 loci, agrupados en 21 grupos de ligamiento, abarcando un total de 3821,2 cM. Se detectaron seis QTLs de EPS (LOD= 2,52-4,74; $r^2=0,10-0,20$) cuando se consideraron los cinco ambientes y el promedio, observándose alelos precoces de EPS en ambos padres. Siendo el QTL Q_{Eps}.imj-5D1 (LOD= 4,38-4,74; $r^2=0,17-0,20$) el más relevante e inédito comparándolo con estudios previos.

MGV 32

ESTUDIO DE GENES DE DESATURASAS Y DE PERFILES DE ÁCIDOS GRASOS EN TRIGO CANDEAL

Cuppari S.Y.¹, D.S. Soresi^{2,3}, A.A. Carelli⁴, F. Delucchi⁴, A.D. Carrera¹, M.L. Díaz^{2,5}. ¹Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida (CERZOS), Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS)-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ²Dpto. Biología Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina; ³Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ⁴Planta Piloto de Química, PLAPIQUI-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; ⁵Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia. de Buenos Aires, Argentina.
E-mail: scuppari@cerzos-conicet.gob.ar

Las desaturasas catalizan la formación de enlaces múltiples en los ácidos grasos de las membranas celulares. Éstos generan un cambio en la fluidez de las mismas asociado a un aumento de la tolerancia a frío. La principal zona de cultivo de trigo candeal es el sur de Buenos Aires, donde ocurren heladas desde abril a octubre. El objetivo es determinar los perfiles de ácidos grasos en tres genotipos de trigo candeal expuestos a 4 °C durante 8, 24, 48, 72 y 144 hs y analizar la variabilidad de genes de desaturasas en cinco genotipos con comportamiento contrastante frente a bajas temperaturas. Por cromatografía de gases se cuantificaron los ácidos esteárico, oleico, linoleico y linolénico. Se amplificaron por PCR y secuenciaron los genes de estearoil-ACP, Ω -6 y Ω -3 desaturasas. Se identificaron dominios (<http://meme-suite.org/>) y polimorfismos, y se analizaron las regiones promotoras (<http://plantpan.mbc.nctu.edu.tw>). Se observaron diferencias en los perfiles de ácidos grasos entre los materiales analizados y los tratamientos. El ácido linolénico fue el más abundante en los tres genotipos y sólo los tolerantes acumularon ácido oleico a 4 °C. Se identificaron variaciones en la secuencia de los genes en regiones codificantes e intrones. En los promotores se identificaron sitios de unión a factores de transcripción relacionados con la respuesta a estrés. Dado que no existe hasta el momento información sobre los perfiles de ácidos grasos y de los genes de desaturasas en trigo candeal este estudio resulta de importancia para analizar el rol de estas enzimas frente a las bajas temperaturas.

MGV 33

ANÁLISIS DE VARIABILIDAD GENÉTICA PARA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN *Panicum Coloratum* L. A TRAVÉS DE CARACTERES MORFOLÓGICOS

Lifschitz M.^{1,2}, G. Guerrero¹, E. Pagnucco¹, M. Giordano^{1,3}, K. Grunberg^{1,3}, M.A. Tomás¹. ¹EEA INTA Rafaela; ²Becario FONCYT; ³CONICET.

E-mail: lifschitz.mauro@inta.gob.ar

La salinización de los suelos es uno de los estreses abióticos de mayor importancia en las regiones áridas y semiáridas del mundo. En los últimos años, en nuestro país la ganadería fue desplazada hacia estos ambientes, lo que genera la necesidad de forrajes tolerantes. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar la variabilidad genética para tolerancia a la salinidad, a partir de caracteres morfológicos de 8 materiales de *Panicum coloratum* pertenecientes a una colección de INTA que incluyó también cultivares comerciales de ambas variedades (*makarikariense* y *coloratum*). El ensayo fue llevado a cabo en invernadero en condiciones de hidroponía en solución nutritiva de Hoagland durante un periodo de 30 días. Se utilizó un diseño en bloques completamente aleatorizados con dos tratamientos: Control y Salino (200 mMNaCl). Se determinó el peso fresco de las plantas al inicio y al final del ensayo, como así también el número de hojas y macollos y el peso seco de porción aérea y radical. Los resultados obtenidos se analizaron mediante ANOVA previa comprobación de los supuestos del modelo. La interacción significativa material x tratamiento evidenció una respuesta diferencial entre los materiales al tratamiento salino. Por su parte, la supervivencia de las plántulas en salinidad difirió entre materiales. La amplia variabilidad observada en los caracteres estudiados indica que la colección de INTA Rafaela contiene materiales que podrían ser seleccionados en futuros programas de mejoramiento genético de la especie para la tolerancia a estrés salino.

MGV 34

CARACTERIZACIÓN DE POTENCIALES PORTAINJERTOS HÍBRIDOS DE KIWÍ POR SU TOLERANCIA A LA SALINIDAD A TRAVÉS DE ANÁLISIS MULTIVARIADOS

Marcellán O.N.¹, C.A. Godoy¹, M. Pascual¹. ¹Unidad Integrada Facultad de Ciencias Agrarias (UNMDP)-Estación Experimental Agropecuaria Balcarce (INTA), Balcarce, provincia de Buenos Aires, Argentina.

E-mail: marcellan.olga@inta.gob.ar

La planta de kiwi es sensible a la salinidad, particularmente al ión sodio. Este problema es grave en el sudeste bonaerense debido a que el agua de riego es salino-sódica. A fin de caracterizar potenciales portainjertos capaces de enfrentar este problema, se evaluaron 14 híbridos interespecíficos (*Actinidia arguta* x *A. deliciosa*), y las especies parentales como controles, por la tolerancia al estrés osmótico y al sodio a través de un ensayo clonal bajo un DCA en parcela dividida. Los clones crecieron en soluciones Hoagland, con potenciales osmóticos de -55 KPa (H), y de -150 KPa por la suplementación con sulfato de potasio (H más K⁺) o sulfato de sodio (H más Na⁺) durante tres semanas en cámara de cultivo. Se determinaron variables aéreas y radicales (usando el programa WinRhizo). El estrés osmótico [(H más K⁺) vs. (H)] provocó cambios en la parte aérea relacionados con menores incrementos del área foliar y contenido de clorofila de las hojas nuevas. El efecto tóxico del sodio [(H más Na⁺) vs. (H más K⁺)] se manifestó como un cambio en la arquitectura de las raíces, debido a un aumento en la proporción de raíces gruesas en desmedro de las raíces finas. A través de los Análisis de Componentes Principales, considerando las variables más afectadas en cada uno de los estreses, se pudieron identificar híbridos interespecíficos (potenciales portainjertos) con mejor comportamiento que las especies parentales y tolerantes a uno o a ambos estreses.

MGV 35

EVALUACIÓN DE MATERIAL GENÉTICO DE DISTINTOS ORÍGENES Y SELECCIÓN CLONAL EN CIRUELA D'AGEN (JUNÍN, MENDOZA, ARGENTINA)

Rossi J.A¹, A.C. Pereyra¹, D.A. Astorga¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Junín Mendoza.
E-mail: rossi.jorge@inta.gob.ar

En Mendoza el cultivar más difundido de ciruela para la industria del deshidratado es D'Agen, el cual presenta entre sus características grandes ventajas productivas, pero algunos inconvenientes como la vejería (añerismo) y un desorden denominado mancha roja (caídas previas a la madurez de los frutos). El objetivo de este trabajo es seleccionar germoplasma superior dentro del existente, manteniendo simultáneamente rendimientos elevados, frutos de tamaño grande y baja incidencia de mancha roja. Para ello se realizaron colectas de material de montes dentro del área productiva del Oasis Este y Norte de la provincia de Mendoza. Se seleccionó material destacado en base a los objetivos planteados, descartándose material enfermo (virus). Con estas plantas sanas se instaló una parcela en la Experimental sede Junín de tres plantas por cada origen. Durante tres campañas (2015-2017) se realizó evaluación por rendimiento y porcentaje de caída de mancha roja mediante análisis de componentes principales. Los resultados mostraron que de los 37 materiales 10 presentaron un buen comportamiento en cuanto a rendimiento y bajo porcentaje de caída por mancha roja y a la fecha se continuará con la evaluación *in situ* y en distintos ambientes de la provincia de Mendoza.

MGV 36

COMPARACIÓN DE MÉTODOS MULTIVARIADOS PARA LA CLASIFICACIÓN DE GENOTIPOS DE *Prunus persica*

Angelini J.¹, G.S. Faviere¹, E.B. Bortolotto¹, L. Arroyo², M.E. Daorden², G.H. Valentini², G.D.L. Cervigni¹. ¹Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI), Universidad Nacional de Rosario - CONICET, Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria INTA San Pedro, Argentina.
E-mail: angelini@cefobi-conicet.gov.ar

El objetivo fue comparar la eficiencia de clasificación entre el método paramétrico Análisis Discriminante (AD) y el no paramétrico *Random Forest* (RF), para categorizar genotipos de durazneros y nectarina e identificar las variables determinantes para la clasificación. Los 29 genotipos fueron evaluados para rendimiento (REND) en kg/planta, número de fruto por planta (NFP), peso promedio del fruto (PPF), días a floración (DF), días a cosecha (DC), período de desarrollo del fruto (PDF), requerimiento de frío (PCU) y calor (GDH), durante las campañas 2005/06 - 2011/12. Para normalizar la distribución y homogeneizar las variancias, todas las variables fueron transformadas según lo indicado por el método Box-Cox. La eficiencia de clasificación entre AD y RF se determinó mediante el error porcentual de clasificación verificado mediante validación cruzada. La transformación realizada no fue suficiente para cumplir con los supuestos de AD. Usando las variables transformadas el error de clasificación de AD y RF fue de 74,71 y 8,05% respectivamente, y con las variables originales fue 74,14 para AD y 9,77% para RF. Debido a que el AD requiere que los grupos sean internamente homogéneos y altamente heterogéneos entre ellos, PCU y GDH se excluyeron del AD ya que las mismas poseen un único valor en cada genotipo. Nuestros resultados muestran que el AD fue altamente ineficiente debido al incumplimiento de los supuestos. Por el contrario, RF clasificó correctamente todos los genotipos usando la variable GDH, la más importante y suficiente para el proceso de clasificación.



MGV 37

GANANCIA GENÉTICA DEL RENDIMIENTO EN *Prunus persica*, EN FUNCIÓN DEL AÑO DE COMERCIALIZACIÓN, REQUERIMIENTO DE FRÍO, TIPO DE FRUTA Y ORIGEN

Bortolotto E.B.¹, G.S. Faviere¹, J. Angelini¹, L. Arroyo², M.E. Daorden², G.H. Valentini², G.D.L. Cervigni¹. ¹Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI), Universidad Nacional de Rosario-CONICET, Rosario, Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria INTA San Pedro, San Pedro, Argentina.
E-mail: bortolotto.eugenia@gmail.com

El objetivo de este trabajo fue determinar la ganancia genética (GG) en el rendimiento de 126 genotipos en función del período de comercialización 1940–2000. El rendimiento (kg/planta) se evaluó durante las campañas 2005/06–2011/12 en INTA San Pedro. La GG fue comparada entre décadas, dividiendo los genotipos en duraznos (D) y nectarinas (N) considerando origen: EUA, Italia y Argentina; y el requerimiento de frío bajo (<500 unidades de frío positivas = PCU) o alto (>500 PCU). Para normalizar la distribución y homogeneizar las varianzas el rendimiento se transformó usando la potencia 0,28. El análisis se realizó mediante regresión lineal múltiple de efectos fijos. La diferencia entre décadas fue evaluada según la prueba de LSD ($P \leq 0,05$), y entre los grupos formados mediante la prueba de Kruskal-Wallis ($P \leq 0,05$). La década 70-80, mayoritariamente de EUA, mostró una GG de 4,70 kg/planta ($P=0,0001$). La GG fue nula entre las demás décadas al igual que entre D y N. En la comparación por origen, los genotipos argentinos fueron los de mejor desempeño (GG=5,02 kg/planta; $P=0,0336$). Finalmente, entre los genotipos de menor y mayor PCU, los primeros mostraron una GG=8,66 kg/planta ($P=0,0001$). El germoplasma evaluado muestra que el mejoramiento genético de *Prunus persica* tiende al desarrollo de materiales con bajo requerimiento de frío, y que las accesiones desarrolladas en la década 70-80 en EUA muestran la mejor adaptabilidad al ambiente de San Pedro, sin embargo, los mejores genotipos son los obtenidos en el país.

MGV 38

ESTIMACIÓN DE RENDIMIENTO DE 12 CULTIVARES DE *Manihot esculenta* EN EL NE DE LA PROVINCIA DE CORRIENTES

Dominguez Muñoz M.C.^{1,2}, R.G. Feltan^{1,2}, D.R. Guerrero^{1,2}, R.E. Bubbillo¹, M.J. Fernández². ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Cerro Azul, Argentina; ²Universidad del Salvador, Campus San Roque González de Santa Cruz, Gdor. Virasoro, Corrientes, Argentina.
E-mail: dominguez.martin@inta.gov.ar

En la República Argentina se siembran 8.128,9 hectáreas de mandioca, 400 se encuentran en la provincia de Corrientes, donde la cultivan pequeños productores para la comercialización en ferias y mercados locales. La problemática del cultivo está dada por la falta de información válida del comportamiento agronómico de los cultivares utilizados en esta región. El objetivo del presente trabajo fue evaluar 12 cultivares de uso frecuente para determinar características de rendimiento y utilidades. En el campus San Roque González de Santa Cruz, Gdor. Virasoro, provincia de Corrientes, se instalaron parcelas de 12 cultivares de mandioca (NN Corrientes Plescht, Mojeña Amarilla Salta, Rito B, Nito U, IAC 90, Amarilla Marcelo, Amarilla Cerro azul, Rama Seda Chaco, Brasilera Roque T., Paraguaya C.A., Gajuda y Amarilla Molina) distribuidas en tres bloques completos al azar, contando cada una de las parcelas con 30 plantas. Los datos relevados fueron Número de supervivencia de plantas, peso de las raíces frescas, Número de raíces comerciales. Los resultados observados muestran una supervivencia de plantas en todos los cultivares superior al 90% y no se detectó una diferencia significativa entre los mismos. El rendimiento de raíces frescas obtenido por hectárea para cultivo de mandioca de un año fue de 11 toneladas por ha para los cultivares Mojeña amarilla salta y Rama seda Chaco, el menor resultado fue de 6 toneladas para la variedad Gajuda. Los promedios obtenidos corresponden a las campañas 2015/2016 y 2016/2017.

MGV 39

SELECCIÓN DE PARENTALES Y ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS MEDIANTE BLUP Y MARCADORES MOLECULARES EN LENTEJA (*Lens culinaris* MEDIK)

Maglia F.¹, F. Cazzola¹, D. Vitelli¹, C. Bermejo². ¹Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IICAR-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina.
E-mail: bermejo@iicar-conicet.gob.ar

El objetivo de los programas de mejora de lenteja es desarrollar nuevos genotipos más productivos y con ciclos de floración cortos para entrar en ciclos de rotación. La selección normalmente se basa en métodos fenotípicos, pero debería basarse en valores de mejora porque los caracteres cuantitativos a menudo están influenciados por los ambientes y la interacción genotipo-ambiente. Los objetivos de este estudio fueron estimar los parámetros genéticos y seleccionar los genotipos superiores mediante el uso de BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) y marcadores SRAP. 25 RILs (*Recombinant Inbred Lines*) se sembraron en un DCA con 3 repeticiones en 4 ambientes evaluándose 8 caracteres cuantitativos morfoagronómicos. Los valores de mejora, coeficientes de variación (σ_g^2), correlación genética y heredabilidades (h) fueron obtenidos mediante el programa estadístico MetaR. Las h y σ_g^2 fueron elevadas para la mayoría de las variables. Se ordenaron los genotipos en base a un ranking promedio considerando todas las variables y se seleccionaron 7 RILs macrospermas y 2 microspermas. Mediante SRAP se construyó un árbol de recorrido mínimo utilizando el programa Infogen seleccionándose las mismas 9 RILs. BLUP podría reemplazar los métodos de análisis fenotípico y molecular ya que facilita la selección con menor costo y más precisión, mejorando la eficacia de la selección y la ganancia genética. Los genotipos seleccionados podrían convertirse en posibles variedades comerciales o usarse como parentales en futuros programas de hibridación.