

MV

**MEJORAMIENTO
VEGETAL**

EVALUACIÓN DE LÍNEAS DOBLE HAPLOIDES DE MAÍZ DERIVADAS DE GERMOPLASMA FLINT DEL NORTE DE EUROPA SELECTO POR SU FRECUENCIA DE ALELOS FAVORABLES NOVELES

Genin A.N.¹, C. López², F.S. Montiel¹, S. Incognito³. ¹KWS Argentina S.A. Córdoba, Argentina. ²IPAAS-FCA, UNLZ, Buenos Aires, Argentina. ³IPAAS-FCA, UNLZ, CONICET, Buenos Aires, Argentina.
alejandro.genin@kws.com

Los métodos biométricos fueron desarrollados para identificar líneas donantes con elevada frecuencia de alelos favorables noveles (FAFN) no presentes en un híbrido élite (HE). La validación de estos métodos requiere comparar el comportamiento de la progenie resultante del cruzamiento de padres donantes (PD) que porten una elevada FAFN, con líneas parentales elite (P). Se seleccionaron cuatro PD, siendo tres de ellas líneas de maíz Flint del Norte de Europa (FNE) y una línea adaptada de ciclo FAO700 (PD6) con diferentes FAFN para mejorar el rendimiento de grano (RG) de un HE de referencia. El valor predicho de FAFN tiene un gradiente PD6>PD1>PD2>PD4. Las PD se cruzaron con la P más cercana genéticamente, y se derivaron 24 haploides duplicados (DH) que fueron cruzados por la otra P del HE, y comparados con el RG de este HE y varios testigos comerciales (TC) en dos ambientes (A) (Ch y Pe). Los DH×P presentaron diferencias significativas ($p<0,01$) e interacción G×A ($p<0,01$). Cinco y tres DH presentaron RG que no diferían estadísticamente del HE para Ch y Pe respectivamente. Clasificando los PD por frecuencia promedio de DH×P que superaron al promedio de los TC, se ordenaron PD6>PD1=PD4>PD2. A partir de los resultados se concluye que la clasificación realizada utilizando los métodos biométricos es confirmada parcialmente, probablemente debido a que los DH×P no han sido evaluados en los mismos ambientes en los cuales se clasificaron los PD.

BÚSQUEDA DE REGIONES GENÓMICAS PARA LA MEJORA DE RESISTENCIA A BACTERIOSIS EN MAÍZ

Ruiz M.¹, E.A. Rossi¹, N.C. Bonamico¹, M.G. Balzarini². ¹INIAB (CONICET-UNRC), Córdoba, Argentina. ²UFyMA, Córdoba, Argentina.
mruiz@ayv.unrc.edu.ar

La producción de semilla híbrida de maíz ha sido beneficiada por la mejora de líneas endocriadas respecto a la resistencia a enfermedades causadas por virus y hongos. Sin embargo, es notable la ausencia de genotipos resistentes a bacteriosis (BD). El mapeo por asociación permite identificar variantes alélicas que incrementan la resistencia a enfermedades. El objetivo del estudio fue identificar regiones genómicas para la mejora de resistencia a BD en maíz. Se evaluó una población diversa de 185 líneas provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo durante el ciclo de cultivo 2019-2020 en la región central de Argentina respecto a incidencia (INC) y severidad (SEV). Se realizó un estudio de mapeo por asociación (GWAS) con 50.604 marcadores SNPs. Los resultados sugieren que el germoplasma posee variabilidad genética para la mejora de la resistencia a BD. La expresión de BD fue alta con un valor promedio para INC de 83% y para SEV de 2,5 (escala 0 a 6), observándose líneas con valores mínimos y máximos en la escala de evaluación de síntomas. La correlación genética entre INC y SEV fue de 0,94. Para INC y SEV se identificaron 18 y dos regiones genómicas, respectivamente. La proporción de variación fenotípica explicada por cada región genómica varió entre 0,12 y 0,20. Evaluaciones adicionales en múltiples ambientes permitirán validar los resultados y proveer alelos de resistencia a BD para programas de mejoramiento públicos y privados de Argentina.

GERMOPLASMA EXÓTICO DE MAÍZ COMO FUENTE DE RESISTENCIA A LA ENFERMEDAD MAL DE RÍO CUARTO

Rossi E.A.¹, M. Ruiz¹, N.C. Bonamico¹, M.G. Balzarini².

¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC). ²Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.
erossi@ayv.unrc.edu.ar

El Mal de Río Cuarto (MRC), causado por el *Mal de Río Cuarto virus*, es una enfermedad endémica que afecta la producción de maíz (*Zea mays* L.) en Argentina. El objetivo del trabajo fue identificar regiones genómicas asociadas con la resistencia a MRC a partir de germoplasma de maíz exótico. Un panel diverso de alrededor de 200 líneas de maíz del Centro Internacional de Maíz y Trigo (CIMMYT) fue evaluado fenotípicamente bajo infección natural, en las localidades de Río Cuarto y Sampacho, región donde la enfermedad es endémica, durante dos ciclos agrícolas. La combinación localidad-ciclo agrícola permitió definir tres ambientes de evaluación (Río Cuarto 2018-2019, Sampacho 2018-2019 y Río Cuarto 2019-2020). Se ajustó un modelo multivariado multiambiental para obtener la mejor predicción lineal insesgada (BLUP) de cada línea para los caracteres incidencia (INC) y severidad (SEV) de MRC. También se realizó un estudio de asociación entre los BLUP de cada carácter y 78.376 polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs). El componente de varianza genotípica fue el de mayor aporte a la variabilidad total en ambos caracteres, con valores de heredabilidad en sentido amplio de 0,67 y 0,71 para INC y SEV, respectivamente. Se observó una alta y significativa correlación genética entre ambos caracteres. El estudio de asociación permitió identificar cuatro regiones genómicas asociadas con INC y SEV de MRC. Los resultados sugieren que el germoplasma de maíz exótico de CIMMYT es una fuente de valiosos alelos para el mejoramiento genético del germoplasma local para la resistencia a MRC.

BASE GENÉTICA PARA EL ÍNDICE DE CAMBIO DE RASGOS FOTOMORFOGÉNICOS ANTE EL INCREMENTO DE LA DENSIDAD EN LA POBLACIÓN IBM (B73×MO17) SYN4 DE MAÍZ

Navas M.¹, S.J.P. Incognito², G. Maddonni³, C. López².

¹Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora (UNLZ), Buenos Aires, Argentina.
²IIPAAS-FCA, UNLZ-CONICET, Buenos Aires, Argentina.
³FAUBA-IFEVA-CONICET, Buenos Aires, Argentina.
mauro.navas16@gmail.com

En maíz, la densidad de plantas (DP) y el rendimiento de grano aumentaron a través del tiempo. La DP, modifica el ambiente lumínico provocando la respuesta de rasgos fotomorfogénicos (RFMG) en la planta para evitar el sombreo. Hay poca información sobre la base genética de la respuesta de los RFMG a aumentos en la DP. Los objetivos del trabajo fueron: i) identificar QTLs para RFMG y sus Índices de Cambio (IC) ante el aumento en la DP y ii) establecer si existen colocalizaciones entre los RFMG *per se* y sus IC. Se evaluaron 160 RILs de la población IBM (B73×Mo17) Syn4 en alta (AD; diez pl m⁻²) y baja (BD; cinco pl m⁻²) DP en dos años (Exp1 y Exp2). Se estimó el $IC = (YAD/YBD)/ICM$; donde $ICM = (YpromedioAD/YpromedioBD)$ es la Intensidad de Cambio Medio. Se registraron diez RFMG. Los BLUPs de los RFMG, estimados mediante un procedimiento multi-carácter-multi-ambiente (MC/MA), se usaron para mapear QTLs con una aproximación MC/MA. En el Exp1, que presentó una ICM mayor que el Exp2, se hallaron más QTLs y una mayor asociación entre los RFMG *per se* y su IC. Se encontraron cuatro QTLs para el IC de altura de planta (IC_{AP}), dos para IC de ángulo foliar y uno para IC de la relación altura de espiga/AP en el Exp1 y uno para IC_{AP} en el Exp2. Seis de los ocho QTLs fueron hallados en el cromosoma nueve. Se encontraron colocalizaciones para la mayoría de los IC con la AE/AP o algunos de sus componentes. Los QTLs de los IC explicaron hasta un 14% de la varianza fenotípica. Estos resultados sugieren que la base genética de los IC es parcialmente independiente de la que controla los RFMG *per se*.

MODULACIÓN AMBIENTAL Y SU CONTROL GENÉTICO PARA RASGOS ARQUITECTURALES EN MAÍZ

Incognito S.J.P¹, S. Álvarez Prado², G. Maddonni², C. López³. ¹IIPAAS-FCA, UNLZ, CONICET. ²FAUBA-IFEVA-CONICET, Buenos Aires, Argentina. ³IIPAAS-FCA, UNLZ, Buenos Aires, Argentina. salinco-@hotmail.com

La plasticidad fenotípica (PF) es la variación fenotípica de un rasgo cuando un genotipo es expuesto a diferentes ambientes (A). En maíz, la altura de planta (AP) interacciona fuertemente con el A y es un rasgo de interés por su relación con la propensión al vuelco. Un trabajo reciente detectó QTLs concentrados en el cromosoma 9 para AP, altura de espiga (AE) y AE/AP con efectos consistentes para diferentes combinaciones Densidad×A (D×A), sin embargo, el control genético de sus PFs es aún desconocido. El objetivo de este trabajo fue determinar las PFs de AE, AP y AE/AP y establecer si el control genético de las PFs es independiente del de los rasgos *per se* (Rps). Se evaluó una población de 160 RILs de la población IBM (B73×Mo17) Syn4 bajo cuatro combinaciones D×A en la FCA-UNLZ y la FAUBA, BA, Argentina. La PF se calculó como varianza de cada RILs/varianza total. PF se relacionó al percentil 10 (P10), P50 y P90 de cada Rps, para capturar la relación Rps×A. El control genético se determinó con un análisis de QTLs. Para AP y AE, bajas PFs son deseables en P50 y P90 ya que generaron valores bajos del Rps mientras que en P10, PFs altas generaron menores AP y AE. Para AE/AP, bajas PFs son deseables porque generaron bajas AE/AP y baja propensión al vuelco en cualquier A. En promedio, sólo AE correlacionó positivamente con PF de AE (0,36, $p < 0,001$). No hubo otras correlaciones fenotípicas y genéticas (QTLs) consistentes entre los Rps y sus PFs sugiriendo que los mejoradores podrían seleccionar por altas o bajas PFs para AP y AE/AP, en combinación con altos o bajos valores de Rps.

MAPEO POR ASOCIACIÓN PARA CAPACIDAD FOTOSINTÉTICA Y CRECIMIENTO EN SORGO BAJO CONDICIONES ÓPTIMAS

Rosas M.B.¹, C.D.P. Díaz¹, G. Pratta², J.J. Guiamet³, D. Ortiz¹. ¹EEA INTA Manfredi, Córdoba, Argentina. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Centro Científico Tecnológico Rosario, Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. ³CONICET, Centro Científico Tecnológico La Plata, Instituto de Fisiología Vegetal, Facultad de Ciencias Naturales y Museo, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina. belenrosas1604@gmail.com

El sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) es un cultivo con una gran diversidad genética que puede ser utilizada para la obtención de genotipos con mayor potencial de crecimiento. El objetivo de este trabajo fue detectar regiones genómicas asociadas con la capacidad fotosintética y crecimiento en sorgo. Durante la campaña 2018/2019 se evaluaron a campo en la EEA INTA Manfredi 334 genotipos del Panel de Asociación de Sorgo, para las siguientes variables: altura de planta (ALT), contenido de clorofila en hoja (SPAD), fluorescencia de clorofila (Fv'/Fm'), densidad estomática (DE) y área foliar específica (AFE). Los datos se analizaron con un modelo Glimmix y a partir de los BLUPS obtenidos se realizó un mapeo por asociación para cada variable con el software TASSEL. Los genotipos presentaron suficiente variabilidad fenotípica para las variables analizadas, con heredabilidades en sentido amplio significativas para ALT=0,89; SPAD=0,68; DE=0,28 y AFE=0,44. Se encontró correlación negativa ($p < 0,05$) entre ALT y SPAD ($r = -0,35$) y entre SPAD y AFE ($r = -0,19$), y positiva entre Fv'/Fm' y AFE ($r = 0,29$). Se detectaron regiones genómicas significativas para ALT en cromosomas 6 y 9, SPAD en cromosomas 1, 3 y 4, y AFE en cromosomas 1, 3, 4, 6, y 10. Estos resultados contribuyen a establecer la estructura genética de la capacidad fotosintética y crecimiento en sorgo, destacando que la correlación significativa, aunque baja, entre ALT y SPAD indican ligamiento o efectos pleiotrópicos para alguno de los genes subyacentes, lo que se verificó por el mapeo para ambos caracteres en el cromosoma 6.

EVALUACIÓN DEL RENDIMIENTO Y VARIABLES ASOCIADAS EN GENOTIPOS DE *Triticum turgidum* ssp. *durum* QUE DIFIEREN EN LA DURACIÓN DE SU CICLO

Cuppari S.Y.¹, A. Garayalde², M. Díaz³, A. Larsen⁴, L. Wehrhahne⁴, A. Carrera¹. ¹Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Buenos Aires, Argentina. ²Dpto. Matemática, UNS, Buenos Aires, Argentina. ³Dpto. Biología Bioquímica y Farmacia, UNS, Buenos Aires, Argentina. ⁴Chacra Experimental Integrada Barrow, Buenos Aires, Argentina. selva.cuppari@gmail.com

La principal zona de siembra de trigo candeal es el sur de Buenos Aires donde las heladas entre abril y noviembre afectan al cultivo en estadio vegetativo y reproductivo. Las variedades en Argentina son primaverales de ciclo corto a intermedio y la siembra se realiza entre junio y agosto. La obtención de variedades de ciclo más largo, que puedan ser sembradas previamente para evitar las temperaturas extremas en floración, es en la actualidad una alternativa considerada por el mejoramiento. El objetivo fue evaluar los efectos de tres fechas de siembra (FS) sobre el rendimiento (Rto) y sus componentes, ciclo, producción de biomasa y daño causado por heladas en espigazón. Ensayos a campo con 15 genotipos de trigo candeal, durante dos años en INTA-Barrow, mostraron interacción tripe fecha (F) - año (A) - genotipo (G) y diferencias significativas ($p < 0,05$) entre F, A y G en todas las variables. El peso de granos/m² (PG), peso de espigas/m² logrado en el periodo de llenado de granos (PE) y el índice de cosecha, fueron las variables que mejor explicaron cambios en el Rto. En ambos años, se observaron mayores valores promedios de Rto, biomasa aérea total, PG y PE, en la primera y segunda FS. Los genotipos de ciclo intermedio-largo presentaron mejores rendimientos en las siembras más tempranas en ambos años y resultaron menos afectados por heladas en floración. Este estudio identificó las combinaciones más adecuadas de genotipo/ciclo y fecha de siembra, y demostró que las siembras tempranas constituyen una estrategia recomendable para el sur de la provincia de Buenos Aires.

SELECCIÓN DE LÍNEAS PARA LA GENERACIÓN DE UNA POBLACIÓN F2 Y UNA DE NILS PARA EL MAPEO FINO DE *QEPs.imj-5D1* QUE AFECTA PRECOCIDAD INTRÍNSECA EN TRIGO PAN

Pozzi F.¹, M. Morillo², C.E. Ghione¹, M. Helguera¹, S.A. Felitti², L. Lombardo¹. ¹INTA EEA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (IICAR), Santa Fe, Argentina. florenciapoz@hotmail.com

En trigo, la precocidad intrínseca (Eps) puede definirse como el mínimo número de días a espigazón una vez satisfechos sus requerimientos de vernalización y fotoperíodo. Los genes de Eps pueden afectar el rendimiento. El mapeo de Eps en variedades argentinas de trigo pan (*Triticum aestivum*), reveló un QTL inédito: *QEps.imj-5D1* (cromosoma 5D), con un pico entre los marcadores 1120985 y *Vrn-D1*. El objetivo del presente trabajo fue seleccionar líneas heterocigotas para *QEps.imj-5D1* a fin de ser usadas en la generación de dos poblaciones: una de F2 y una de NILs. Para ello se sembraron a campo líneas F1 provenientes del cruzamiento de RILs F8 con constitución alélica similar para genes de adaptación pero con fenotipo contrastante de Eps (precoz y tardío) y 694 líneas de generaciones anteriores de la población de RILs usadas para el mapeo de *QEps.imj-5D1*. Se muestreó una hoja joven de cada línea (comenzando por las más estabilizadas, filiales más avanzadas), se extrajo el ADN y se corrió el marcador molecular *Vrn-D1* (marcador más cercano al pico del QTL), en geles de agarosa 2% m.v-1, a fin de corroborar la heterocigosis en las F1 y seleccionar las líneas con alto grado de homocigosis genómica (seleccionadas por genotipado masivo con marcadores DArT) pero heterocigotas para *QEps.imj-5D1*. Mediante este análisis se corroboró la heterocigosis para *QEps.imj-5D1* de tres F1 y de dos líneas altamente estabilizadas (una F6 y una F7), las cuales serán utilizadas para el desarrollo de una población F2 y de una población de NILs, respectivamente, para el mapeo fino de *QEps.imj-5D1*.

BÚSQUEDA Y DETECCIÓN DE LÍNEAS MUTANTES DE TRIGO PAN CON RESISTENCIA A SEQUÍA

Lombardo L.¹, D. Gomez², C.E. Ghione², M. Balmaceda³, M. Ruiz³, M. Helguera². ¹EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. ²EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. ³EEA INTA San Juan, San Juan, Argentina.
lombardo.lucio@inta.gob.ar

La producción de variabilidad genética por mutagénesis se logra mediante la ocurrencia de cambios estables en la secuencia del ADN generadores de nuevas variantes alélicas sobre un único genotipo elite original. Esto convierte a la mutagénesis en una herramienta útil para la creación de variabilidad genética inédita utilizable por un programa de mejoramiento. Durante la campaña 2018 (muy seca) se sembró una población de 500 líneas mutantes de trigo pan (obtenidas por mutagénesis química con EMS y estabilizadas durante 8 generaciones), en parcelas de 3 m² con una densidad de 200 plantas/m² en la EEA INTA Marcos Juárez. Treinta y nueve de estas líneas lograron producir granos bajo estas condiciones y fueron reevaluadas junto con el genotipo original durante la campaña 2019, en un ambiente de alta sequía natural (EEA INTA San Juan) y en una plataforma que simula estrés hídrico construida para este trabajo. Las variables en estudio fueron rendimiento para el ensayo de 2018 e índice de tolerancia a estrés hídrico (TEH) para los dos ensayos de 2019. Un subgrupo constituido por tres líneas presentó consistentemente un desempeño agronómico significativamente superior ($\alpha=0,05$) para las variables en estudio comparado con el resto de los materiales evaluados, incluido el genotipo original, (\bar{X} rendimiento: 555,77±78,90 vs. 299,27±22,47 g/parcela; \bar{X} TEH San Juan: 6,50±0,52 vs. 2,24±0,15; \bar{X} TEH plataforma: 9,00±0,80 vs. 4,65±0,23). Los tres genotipos seleccionados están siendo utilizados actualmente como material de cría por el programa de mejoramiento de trigo pan de INTA.

INDICADORES BIOQUÍMICOS DE TOLERANCIA A LA SEQUÍA EN INICIO DE ENCAÑAZÓN EN TRIGO

Quiriban A.¹, M. Pereyra Cardozo¹, E. Ferrari¹. ¹Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de La Pampa, La Pampa, Argentina.
adrianaquiriban@hotmail.com

Se evaluó la respuesta de indicadores bioquímicos en función de la reducción de la disponibilidad hídrica a partir de inicio de encañazón en trigo, etapa importante en la definición de componentes de rendimiento del cultivo. Se trabajó en invernáculo, en macetas, con dos genotipos de trigo *Triticum aestivum* L., ACA 315 y Buck Arriero, contrastantes en tolerancia a sequía, sometidos a suspensión del riego durante 0, 5, 10 y 15 días. Por análisis de componentes principales, se determinó que el 71% de la variabilidad total se explicó por los dos primeros componentes. Las variables se separaron en función de los días de suspensión del riego, lo que permitió definir al componente 1 como indicador del contenido hídrico del tejido. El contenido relativo de agua, potencial osmótico y pigmentos estuvieron asociados entre ellos y positivamente con el componente 1. Mientras que proteína, prolina y actividad enzimática antioxidante estuvieron correlacionadas negativamente con el contenido hídrico del tejido. Para el componente 2, se observó que la prolina estuvo asociada negativamente, mientras que la glucosa, fructosa y sacarosa se asociaron positivamente. La superóxido dismutasa estuvo asociada positivamente con el componente 2, la peroxidasa correlacionó negativamente. Las diferencias observadas dependen de la magnitud del estrés y se observó una acumulación diferencial de metabolitos en los genotipos. La concentración de prolina fue el mejor indicador bioquímico del contenido hídrico del tejido y de tolerancia al estrés hídrico.

EVALUACIÓN DE CARACTERES SECUNDARIOS EN LÍNEAS DE TRITICALE *X Triticosecale* W. MEDIANTE ÍNDICES DE TOLERANCIA A LA SEQUÍA

Ferrari E.¹, A. Quiriban¹, A. Picca¹, H. Paccapelo¹, O. Moreno¹. ¹Facultad de Agronomía, Universidad Nacional de La Pampa, La Pampa, Argentina. ferrarienzo@agro.unlpam.edu.ar

Los índices de tolerancia a la sequía permiten comprar y caracterizar diferentes variedades en relación al déficit hídrico. El objetivo de este estudio fue evaluar caracteres secundarios en líneas de triticale para determinar la tolerancia a la sequía, mediante un ranking promedio generado a partir de distintos índices de tolerancia. Se trabajó en diez líneas experimentales de triticale, en invernáculo, bajo dos condiciones hídricas: sin déficit, y con déficit hídrico que consistió en aplicar la mitad del volumen de agua de riego desde la germinación hasta la antesis. Se analizaron dos plantas por maceta distribuidas en un diseño de bloques al azar con cuatro repeticiones durante el año 2019. Los caracteres evaluados fueron índice verde en estado de primer nudo perceptible y en hoja bandera, número de espiguillas, longitud de espiga, altura de planta y peso seco de planta. Se utilizaron diez índices de tolerancia a la sequía en cada carácter, que relacionan la condición con y sin déficit hídrico, para clasificar las líneas mediante un ranking; el ranking de los diez índices se promedió y se analizó mediante componentes principales. El déficit hídrico influyó en todos los caracteres ($p \leq 0,05$); las dos primeras componentes principales explicaron el 69,6% de la variabilidad y las líneas 10, 45 y 27 se asociaron a una mayor tolerancia a la sequía en los caracteres número de espiguillas, longitud de espiga y peso seco de planta. La evaluación de líneas con este criterio permite identificar y seleccionar variedades con mayor tolerancia a la sequía en caracteres secundarios.

ESTABILIDAD DE GENOTIPOS DE AMARANTO GRANÍFERO (*Amaranthus* spp.) MEDIANTE REML/BLUP Y BILOT GGE

Ibañez M.A.¹, C.J. Mojica², N. Marcellino³, M. Strube³, G.E. Peiretti³. ¹Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC). ²Facultad de Agronomía y Veterinaria (FAyV), UNRC, Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB). ³FAyV, UNRC, Córdoba, Argentina. mibanez@ayv.unrc.edu.ar

La identificación de genotipos superiores es un trabajo clave en los programas de mejoramiento. En la Facultad de Agronomía y Veterinaria de la Universidad Nacional de Río Cuarto, se lleva adelante un programa de mejoramiento a partir de poblaciones de diferentes especies de *Amaranthus* y de cruzamientos interespecíficos dirigidos. Los objetivos de este trabajo fueron identificar genotipos superiores de amaranto por su rendimiento de grano (RG) y estabilidad, y analizar la asociación entre los métodos biplot GGE y REML/BLUP. La potencialidad granífera de 20 genotipos de amaranto cultivares y líneas avanzadas, se estudió en tres fechas de siembra durante los ciclos agrícolas 2016/17 y 2017/18, en Río Cuarto-Córdoba. En cada ciclo agrícola se utilizó un diseño de bloques completos al azar, con tres repeticiones. El biplot mostró a los genotipos H21II, Aman G1/3, ACA G10/3, 16/L2 y Dorado como los de mayor interacción. El genotipo H21II presentó el mayor promedio de RG en la mayoría de los ambientes. El genotipo H17a exhibió una productividad superior a la media, a la vez que mostró mayor estabilidad. Los genotipos H21II y H17a tuvieron los mejores valores genotípicos a través de los ambientes según el análisis REML/BLUP. Los dos métodos fueron concordantes en la identificación de los mejores genotipos de amaranto. Los resultados mostraron que el uso de diferentes métodos permite al mejorador seleccionar genotipos estables y con mayor capacidad de respuesta cuando se requieren adaptaciones tanto amplias como específicas.

SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp.) PARA MÚLTIPLES CARACTERES MEDIANTE EL ANÁLISIS BILOT-GYT

Mojica C.J.¹, M.A. Ibañez², N. Marcellino³, M. Strube³, G.E. Peiretti³. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria (FAYV), Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INAB), CONICET. ²FAYV, UNRC, INIAB. ³FAYV, UNRC, Río Cuarto, Córdoba, Argentina.

jmojica@ayv.unrc.edu.ar

Entre los cultivos alternativos se destacan algunos con capacidad de adaptarse a diferentes ambientes, que expresan buen rendimiento y excelente calidad nutricional, como el amaranto. Los caracteres de interés agronómico adquieren mayor relevancia cuando se asocian estrechamente con el rendimiento. El objetivo del trabajo fue seleccionar genotipos de amaranto para múltiples caracteres mediante el análisis biplot-rendimiento de grano×carácter (GYT). Veinte genotipos se evaluaron en tres fechas de siembra, durante dos ciclos agrícolas, 2016/17 y 2017/18, en Río Cuarto, Córdoba. En cada ciclo agrícola se utilizó un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. Sobre los genotipos se midieron las variables altura de planta (AP), longitud de panoja (LP), índice de vuelco (IV), días a inicio de panojamiento (DRp), días a madurez fisiológica (DMf), índice de fertilidad (IF), peso de mil semillas (PMS), rendimiento (RG) e índice de reventado (IR). Los genotipos de mejor comportamiento incluyeron H17a, H21II, Candil, Antorcha, H22II y H20a. Los genotipos H17a, H21II y Candil presentaron las mejores combinaciones de RG con IF, PMS y IR, mientras que los genotipos Antorcha y H22II lo hicieron con las combinaciones de RG con DRp y LP. El genotipo H17a tuvo un perfil más equilibrado para varios caracteres. El biplot-GYT posibilitó un análisis con visualización de resultados confiables y de fácil interpretación, lo que permitiría tomar decisiones al momento de seleccionar genotipos en programas de mejoramiento e incluso recomendar potenciales genotipos comerciales.

IDENTIFICACIÓN DE GENES Y/O ALELOS QUE DETERMINAN EL TIEMPO A FLORACIÓN Y LA LONGITUD DEL PERIODO REPRODUCTIVO EN SOJA A TRAVÉS DE MAPEO ASOCIATIVO

Vicentín I.G.¹, C.E. Ghione², J.R. Gilli², A.L. Cuatrin¹, C.N. Bernardi², R.A. Heinz³. ¹INTA EEA Paraná, Entre Ríos, Argentina. ²INTA EEA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. ³INTA CICVyA CNIA, Buenos Aires, Argentina.

vicentin.ignacio@inta.gob.ar

La adaptación a estrés hídrico y/o térmico transitorio puede lograrse prolongando el periodo reproductivo en soja. Para identificar mediante mapeo asociativo genes candidatos asociados a periodos desde emergencia a floración cortos (E-R1c) y periodos reproductivos prolongados desde inicio de floración a inicio de fructificación (R1-R3p) y desde inicio de fructificación a llenado de granos (R3-R6p), se utilizó un set de 94 genotipos de soja. Los ensayos se realizaron en tres sitios y cinco ciclos agrícolas, agrupándolos por localidad y por duración de ciclo (Ciclo) para su análisis. Se determinó la estructura poblacional con 14 marcadores SSR y se realizó una genotipificación con marcadores DarTs y SNPs. La variación de los genotipos, los ambientes y su interacción fue significativa para Ciclo. Se identificaron 32, 19 y 5 genotipos con las características buscadas, en Paraná, Marcos Juárez y Cerro Azul respectivamente. Se analizaron 7125 SNPs y 6465 DarTs. La estructura de la población que mejor ajustó fue K=2. Para 203 marcadores asociados a uno o más de los periodos evaluados, se identificaron 1225 genes candidatos y solo ocho habían sido citados previamente. Se comprobó la existencia dentro de germoplasma con similar Ciclo de genotipos con E-R1c y R1-R3p y R3-R6p que puede ser explotada. Los genes identificados son una herramienta para prolongar el periodo reproductivo, asociados a mayor estabilidad ante eventos de estrés transitorios, y al comportamiento fenológico.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL PATOSISTEMA DEL TIZÓN DE TALLO Y VAINA DE SOJA CAUSADA POR *Phomopsis longicolla* A PARTIR DE DOS MÉTODOS DE INOCULACIÓN

Hernández F.E.¹, V.G. Cabodevila¹, P. Cachiarelli², G. Pratta³, R.N. Pioli⁴. ¹Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Rosario (UNR). ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR) CONICET, FCA, UNR, Argentina. ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Centro Científico Tecnológico CONICET Rosario, IICAR, FCA, UNR. ⁴IICAR, FCA (CONICET-UNR), Rosario, Argentina. facundoezequielhernandez@gmail.com

P. longicolla (Plo) es el principal agente causal del Tizón de Tallo y Vaina (TTV) en soja (*Glycine max*, So). Severidad (Se) mide el nivel de TTV en el cultivo y permite caracterizar respuestas diferenciales en So y Plo. Por ello, es relevante evaluar el método de inoculación (MI) que permita desarrollar y estimar TTV. El objetivo fue validar comportamientos de cuatro genotipos de So (Ge) discrepantes para resistencia y tres aislamientos de Plo (Ai) discrepantes para virulencia en TTV mediante dos MI: Inyección (I) y Herida (H). A partir de estudios previos en los que MI fue solo I, se seleccionaron dos Ge resistentes (R) a moderadamente R (MR), dos Ge susceptibles (S) a moderadamente S (MS) y tres Ai de Plo que permiten discriminar entre estos comportamientos. La comparación entre Ge, Ai, MI y sus interacciones se hizo a través de ANOVA factorial para Se. Se encontraron diferencias significativas entre Ge, Ai y su interacción, validando todos los Ge ($p < 0,0001$) su categoría de R-MR (Ge6 y Ge3, $Se < 30\%$) y MS-S (Ge5 y Ge4, con $Se > 30\%$). Respecto a Ai, se identificó ($p = 0,0012$) a 227-B2 como el más virulento ($Se = 40\%$) mientras que B5L16 y CaB mostraron Se cercanas a 30%. MI, MIxGe y MIxAi resultaron no significativas ($p = 0,65$; $0,52$ y $0,78$, respectivamente). La variabilidad genética en el patosistema TTV fue similarmente estimada por ambos MI, validando los comportamientos esperados de So, Plo y su interacción en base a estudios previos. Los resultados indican que H parecería presentar cierta ventaja respecto a I para diferenciar Ge de comportamiento intermedio (Ge3, MR y Ge5, MS).

HEREDABILIDAD EN SENTIDO AMPLIO PARA LA RESISTENCIA AL CANCRO DE TALLO DE LA SOJA

Cuba Amarilla M.¹, A.M. Peruzzo², F.E. Hernández¹, D. Balaban², G. Pratta³, R.N. Pioli¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Rosario (UNR). ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR) (CONICET-UNR), Parque Villarino, Zavalla, Santa Fe, Argentina. ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Centro Científico Tecnológico CONICET Rosario, IICAR, FCA, UNR. Rosario, Santa Fe, Argentina. cubaamario@gmail.com

El primer gen de resistencia (R) para el cancro de tallo de la soja (CTS) causado por *Diaporthe phaseolorum* var. *caulivora* (Dpc), denominado *Rdc1*, fue identificado a través de un enfoque mendeliano en tres poblaciones F2:3 obtenidas a partir de diferentes cruzamientos. Dos de ellos compartían el padre R (P13) pero diferían en el susceptible (S) (P13xP4 y P13xP12), mientras que el otro cruzamiento (P9xP16) involucró a padres R a *Dp* var. *meridionalis*. La segregación en las dos primeras poblaciones ajustó a 3R:1S, aunque en la segunda dicho ajuste se logró al flexibilizar el criterio para definir los individuos R. La tercera población no mostró segregación mendeliana alguna. Por ello, es pertinente aplicar métodos de la genética cuantitativa que permitan detectar tanto variaciones genotípicas a partir de los datos biométricos directos como eventuales genes modificadores. El objetivo de este trabajo fue estimar la heredabilidad en sentido amplio (H_2) para *RaDpc* en los tres cruzamientos mencionados. Aplicando el método de Mather, se obtuvieron valores medios a altos de H_2 (0,55 y 0,60 para P13xP4 y P13xP12, respectivamente) en los cruzamientos que involucran al padre R-P13, mientras que en P9xP16 la H_2 fue baja (0,19). El enfoque cuantitativo permitió validar al padre P13 como portador del gen *Rdc1*, cuyo efecto sobre la variación fenotípica fue independiente del fondo genético del padre S con el cual interactuó, así como determinar que ante la ausencia de genes *Rdc*, la mayor proporción de la variación fenotípica observada se debe a variaciones ambientales.

VARIABILIDAD PARA LOS CONTENIDOS DE PROLINA ENTRE CULTIVARES DE CANOLA *Brassica napus* L. Y CEBADA *Hordeum vulgare* L. BAJO TRATAMIENTO SALINO

Di Paolo M.¹, G. Eyherabide¹, J. Lúquez¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. mechadipaolo@gmail.com

Se le atribuye a la prolina un papel protector frente al potencial osmótico generado por la sal, ya que se acumula bajo estrés salino en tejidos de hoja y raíz. El objetivo del trabajo fue detectar variabilidad para el contenido de prolina en plantas jóvenes de cultivares de canola y cebada regados con solución Hoagland (1/2X) (a) y solución Hoagland más 120 mM NaCl (b). Se extrajo prolina de tejidos de parte aérea y raíz de plantas de los cultivares de canola Solar Cl, Hyola 830, Inspiration, Bioaureo 2486 y Macacha Inta, y de cebada Explorer, MP1012, Scarlett, Jennifer y Traveller. En b, los contenidos de prolina en canola oscilaron entre 0,03 y 1,17 µg de prolina/gramo de material seco 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. En cebada oscilaron entre 0,18 y 0,26 mg/g de material seco para Jennifer y Traveller y Scarlett respectivamente en parte aérea, y 0,02 y 0,07 en raíz para Scarlett y Jennifer respectivamente. Las medias de prolina en b en parte aérea y raíz difirieron significativamente ($p < 0,05$) de las de prolina en a para canola, y sólo en parte aérea para cebada. Salvo Bioaureo 2486 en canola todos los cultivares acumularon prolina en parte aérea en tratamiento salino, no así en raíz. Los contenidos de prolina acumulados bajo estrés salino fueron mayores en cebada que en canola. Las performance agronómicas de los cultivares revelarán si la acumulación de prolina en raíz o parte aérea es responsable de las mismas.

TOLERANCIA A ESTRÉS TÉRMICO DURANTE LA IMPLANTACIÓN EN GIRASOL CULTIVADO

Hernández F.¹, I. Montenegro², M. Friedel², M. Meier³, A. Carrera¹, A. Presotto¹. ¹Universidad Nacional del Sur (UNS), CERZOS-CONICET, Buenos Aires, Argentina. ²UNS, Buenos Aires, Argentina. ³Asociación de Cooperativas Argentinas, Buenos Aires, Argentina. fhernandez@cerzos-conicet.gov.ar

La tolerancia a estrés térmico en los estadios tempranos es importante para una buena implantación del cultivo, especialmente en áreas propensas al estrés y de menor productividad, comúnmente asignadas al girasol. Para evaluar la tolerancia a estrés térmico durante la implantación en girasol, se sembraron 43 líneas de girasol aceitero (22 mantenedoras y 21 restauradores), parentales de híbridos comerciales de ACA Semillas en tres fechas de siembra (FS) contrastantes en la localidad de Bahía Blanca: FS1 (20 de agosto), FS2 (23 de octubre) y FS3 (27 de enero). Se analizaron los efectos del genotipo (líneas), la FS y la interacción para variables asociadas al crecimiento como altura de planta, y largo, ancho y tamaño de hoja en V4 y V6. La temperatura media varió entre FS (11,8 °C, 18,2 °C y 21,5 °C en FS1, FS2 y FS3). Se encontraron diferencias significativas entre FS ($p < 0,0001$) y líneas ($p < 0,0001$) para todas las variables (excepto efecto FS para altura en V6; $p = 0,08$) pero no se encontró interacción significativa ($p > 0,05$), indicando que todas las líneas mostraron una respuesta similar a cambios en la FS. Dentro de cada FS, se observaron grandes diferencias entre líneas. Entre los caracteres evaluados, el tamaño de hoja fue el más variable. En V6, éste varió de 4,8 a 20 cm² en la FS1, 6,6 a 66,7 cm² en la FS2 y 9,1 a 31,3 cm² en la FS3. Existe una amplia variación genética para el crecimiento en estadios tempranos (no así para la respuesta a la FS) dentro del germoplasma cultivado de girasol.

VARIACIÓN GENÉTICA DE LA DORMICIÓN POSTCOSECHA EN GIRASOL CULTIVADO

Hernández F.¹, M. Meier², A. Presotto¹. ¹Universidad Nacional del Sur, CERZOS-CONICET, Buenos Aires, Argentina. ²Asociación de Cooperativas Argentinas, Buenos Aires, Argentina. fherandez@cerzos-conicet.gob.ar

Para la industria de semilla híbrida, una prolongada dormición postcosecha (DPC) puede dificultar la provisión de semilla a los productores e incrementar los costos de almacenamiento. En girasol, los frutos presentan DPC, la cual puede durar semanas o meses, dependiendo del genotipo, el ambiente de producción y las condiciones de germinación. Para explorar la diversidad genética en la DPC se evaluó la dormición de 23 líneas de girasol aceitero (11 mantenedoras y 12 restauradores), parentales de híbridos comerciales de ACA Semillas en dos ambientes: frutos producidos a campo (CAMPO) e invernáculo (INV), y cinco tratamientos producto de dos momentos postcosecha: 2 y 6 semanas de almacenamiento a 25 °C (T1 y T2) y tres condiciones de germinación: 10 °C y 25 °C constantes (en T1 y T2) y 20/10 °C alterno (sólo en T1). En promedio, en T1 la germinación a los 16 días varió de 0% (a 10 °C en ambos ambientes) a 79% y 85% (a 25 °C en CAMPO e INV) mientras que en T2 varió de 21% y 44% (a 10 °C en CAMPO e INV) a 100% (a 25 °C en ambos ambientes). Debido a la escasa variación genética observada, dos tratamientos (T1 a 10 °C y T2 a 25 °C) no fueron analizados. Para el resto, la germinación varió de 0 a 100% entre genotipos en ambos ambientes y se encontraron diferencias significativas entre genotipos, ambientes, tratamientos, y todas las interacciones. La mayor parte de la variación fue explicada por el tratamiento (73%), seguido del genotipo (12%) y la interacción genotipo*ambiente (6,5%). Existe una amplia variación genética para la DPC en girasol cultivado, aún dentro del germoplasma elite.

EVENTOS BIOTECNOLÓGICOS NACIONALES DE ALGODÓN PARA EL CONTROL DEL PICUDO DEL ALGODONERO: AVANCES Y PERSPECTIVAS

Maskin, L.¹, M. Turica¹, R. Salvador², J. Niz², A. Pedarros², E. Hopp³, D.M. Lewi¹. ¹Instituto de Genética, Centro de Investigación en Ciencias Veterinarias y Agronómicas (CICVyA), INTA. ²Instituto de Microbiología y Zoología Agrícola (IMYZA), CICVyA, INTA. ³Instituto de Biotecnología CICVyA, INTA Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. dlewi@magyp.gob.ar

El picudo del algodón (*Anthonomus grandis* Boheman) es una de las principales plagas que afecta al cultivo de algodón en Argentina. La etapa larval de este insecto se desarrolla dentro del botón floral, dañando drásticamente la fibra del algodón y dificultando su control mediante insecticidas químicos y enemigos naturales. La obtención de plantas transgénicas resistentes a esta plaga surge como una estrategia alternativa para disminuir su impacto negativo sobre la producción algodonera. A partir de dos ensayos independientes se obtuvieron dos grupos de eventos transgénicos que portan una construcción que inducirá la interferencia (ARNi) un gen del intestino del picudo. Al comparar ambos eventos en cuanto a fenotipo y capacidad reproductiva, se confirmó que mientras el grupo 1 desarrolló variadas malformaciones en algunas plantas y esterilidad en todas ellas, en el grupo 2 todos los eventos fueron fenotípicamente normales y fértiles. Otro objetivo planteado es la búsqueda de alternativas a los eventos ya obtenidos. Para ello, se estudiaron nuevos blancos de silenciamiento mediante el uso de virus que inducen silenciamiento génico (VIGS) y se obtuvieron construcciones genéticas que permiten la síntesis simultánea de ARNdc contra diferentes genes blanco de la plaga. También se realizan estudios sobre promotores específicos del botón floral del algodón con el fin de redirigir la síntesis de ARNi hacia este órgano. Actualmente se ha logrado amplificar y clonar este tipo de promotor en vectores con genes marcadores que permitirán evaluar su actividad in situ. La evaluación de los eventos transgénicos obtenidos y la generación de otros nuevos se encuentran en curso con el fin de lograr una resistencia significativa a esta plaga clave del algodón.

MÉTODO NO DESTRUCTIVO PARA DETECCIÓN DE PLANTAS TRANSGÉNICAS DE ALGODÓN QUE CONTIENEN EL GEN *NPTII*

González A.¹, L. Klein¹, N. Tcach¹, M. Tcach¹, M. Spoljaric¹, D.M. Lewi². ¹INTA EEA Sáenz Peña, Chaco, Argentina. ²Instituto de Genética, CICVyA, INTA. Buenos Aires, Argentina. gonzalez.ariela@inta.gob.ar

La superficie de siembra de algodón en Argentina es de aproximadamente 454.700 ha. Al igual que en otras especies, la domesticación y selección artificial de *G. hirsutum* provocaron un estrechamiento en su base genética. La transgénesis permitió ampliar la diversidad logrando la expresión estable de genes foráneos de fuentes muy diversas. En el desarrollo de estas variedades, se usan genes marcadores de selección *in vitro* como el *nptII*, cuyo producto confiere resistencia al antibiótico kanamicina. El algodón fue uno de los primeros cultivos transgénicos aprobados en nuestro país y su extensión promovió la mezcla de semillas debido a varios factores relacionados con hábitos de manejo y procesamiento. Por otra parte, el intercambio de materiales entre Bancos de Germoplasma con países de la Unión Europea, la agricultura orgánica y el desarrollo de variedades no transgénicas exigen un control de la pureza varietal en los núcleos semilleros. Por ello, se desarrolló un método de selección que utiliza kanamicina para detectar las plántulas que poseen el transgén *nptII*. El mismo involucra la aplicación de una solución del antibiótico sobre el ápice de plántulas bajo condiciones controladas, evidenciando síntomas de clorosis en las primeras hojas en los genotipos convencionales. Es un método no destructivo y se aplicó en la campaña 19/20 para analizar y discriminar las plantas transgénicas, de las variedades y líneas de algodón no transgénicas, tanto bajo condiciones de invernáculo como a campo. Es un método sencillo y económico que no implica la extracción y amplificación de ADN.

RECURSOS GENÉTICOS DE *Arachis*: EVALUACIÓN DE RESISTENCIA AL CARBÓN DE MANÍ EN ESPECIES SILVESTRES DE DIFERENTES TIPOS GENÓMICOS

Rosso M.¹, F. Giordano², C. Oddino³, S. Soave¹, J. Soave¹, G.I. Lavia⁴. ¹Criadero El Carmen, Gral. Cabrera, Córdoba. ²IMICO (CONICET-UNRC), Córdoba. ³FAYV, UNRC, IMICO, Río Cuarto, Córdoba. Criadero El Carmen, Gral. Cabrera, Córdoba. ⁴FaCENA, UNNE. CONICET, Corrientes, Argentina. mrosso@criaderoelcarmen.com.ar

Los recursos genéticos son fundamentales para el mejoramiento de los cultivos. Particularmente, las especies silvestres afines a *Arachis hypogaea* constituyen una importante fuente de resistencia a diversos factores. Actualmente, el carbón (*Thecaphora frezii*) ocasiona pérdidas millonarias en el sector manicero argentino; por tal motivo se evaluó el comportamiento de especies de *Arachis* con diferentes genomas, mantenidas en el IBONE, frente a *T. frezii*. Durante dos campañas se evaluaron en el Criadero El Carmen 11 especies diploides con genomas A, B y K, 1 tetraploide *A. monticola* (AABB) y 1 híbrido interespecífico diploide (BB). Se evaluaron 3 repeticiones por cada una, inoculándose con teliosporas del patógeno hasta saturar el suelo. Se cuantificó la enfermedad a través de incidencia (% de vainas enfermas) y severidad (escala de 0 a 4). Entre las especies con genoma A, la mayor incidencia fue de 29,03% en *A. duranensis*; mientras que entre las de genoma K, *A. batizocoi*, presentó hasta 10,53% de incidencia y *A. cruziana* no presentó vainas enfermas. Todas las especies con genoma B (entre ellas *A. ipaënsis*), así como el tetraploide *A. monticola* y el híbrido BB no mostraron vainas afectadas. Los resultados revelan que las especies con genoma B mostraron mejor comportamiento frente al patógeno y serían útiles en la obtención de variedades resistentes. Además, es posible que *A. monticola* (AABB), antecesor silvestre del cultígeno, recibiera la resistencia de *A. ipaënsis* (dador del genoma B), ya que *A. duranensis* (dador del genoma A) es susceptible.

SELECCIÓN DE FAMILIAS DE MEDIO HERMANOS DE FESTUCA ALTA (*Festuca arundinacea*) POR TOLERANCIA A SEQUÍA

Palacios N.¹, A. Andrés¹. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA). Pergamino, Buenos Aires, Argentina. sazuri91@hotmail.com

Festuca alta se considera tolerante a la sequía, por lo que se propuso evaluar mediante el Índice de Tolerancia del Peso Seco Aéreo (ITPSA) 30 familias de medio hermanos (FMH) que derivan de poblaciones colectadas en el borde del nicho ecológico de la especie en la región pampeana. Las FMH fueron germinadas y trasplantadas a macetas plásticas de seis litros con mezcla tierra arena (3:2) bajo un DBCA con 3 repeticiones y 2 tratamientos: Control (riego periódico) y Sequía (un riego a saturación con posterior suspensión total). Se monitoreó diariamente la humedad contenida en cada maceta con sonda TDR300. Luego de 29 días de aplicados los tratamientos se cosechó la biomasa aérea y se determinó el peso seco aéreo (PSA) por planta a partir del cual se aplicó el Índice de Tolerancia (ITPSA= PSA_Sequía/PSA_Control). Mediante un gráfico de dispersión se representó el ITPSA y el PSA (o productividad). Se detectaron tres grandes grupos y dos FMH aisladas. El grupo más numeroso se caracterizó por baja tolerancia y productividad, el segundo grupo presentó baja productividad y tolerancia intermedia, el tercer grupo presentó elevada productividad y tolerancia intermedia (FMH 9, 17, 19, 21, 22, 25). La FMH 26 se destacó por su elevada productividad, pero baja tolerancia mientras que la FMH 18 se destacó por ser la de mayor tolerancia y productividad intermedia. Las FMH 9, 17, 18, 19, 21, 22, 25 se consideran promisorias para incorporar a futuros programas de mejoramiento genético cuyo objetivo sea la obtención de cultivares de *Festuca alta* tolerantes a sequía, y de elevada productividad de forraje.

MARCADORES MOLECULARES EN LA TOLERANCIA A SALINIDAD Y SEQUÍA DE FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE FESTUCA ALTA (*Festuca arundinacea*)

Palacios N.¹, A. Andrés², A. Díaz Paleo³. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), CIC. ²UNNOBA, Buenos Aires, Argentina. ³Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, UNNOBA. Pergamino, Buenos Aires, Argentina. natalia_spalacios@hotmail.com

La salinidad y la sequía afectan negativamente la productividad en *festuca alta*. Los avances en la genética molecular facilitaron la asociación de marcadores a la tolerancia en dichos estreses abióticos. El objetivo de este trabajo fue evaluar ocho familias de medios hermanos (FMH) de *festuca alta* seleccionados por la tolerancia y susceptibilidad a salinidad o sequía. Las FMH derivan de poblaciones colectadas en el borde del nicho ecológico de la especie en la región pampeana. Mediante la utilización de 34 marcadores EST-SSR se distinguieron 251 alelos en las 8 FMH de los cuales se preseleccionaron 51 alelos por diferencias en las frecuencias absolutas en las FMH de comportamiento extremo a salinidad y sequía. Para confirmar la relación entre la presencia de estos alelos y la expresión de tolerancia o susceptibilidad a ambos estreses se realizaron regresiones lineales sobre los índices de tolerancia del peso seco aéreo -ITPSA- calculados bajo condición de salinidad o sequía. Se detectaron 12 alelos con efectos significativos ($p < 0,05$) lo que indicaría la relación con la tolerancia y susceptibilidad a ambos estreses. Se detectaron siete alelos asociados a la tolerancia y dos alelos asociados a la susceptibilidad a salinidad. Un alelo fue asociado a la tolerancia y dos asociados a la susceptibilidad a sequía. Solo un alelo (73,4) resultó significativamente asociado a ambos estreses: tolerancia a salinidad y susceptibilidad a sequía. Estos resultados demuestran la amplia variabilidad fenotípica y genotípica de las FMH y el valor de EST-SSR como marcadores genéticos.

VARIABILIDAD GERMINATIVA DE DIFERENTES POBLACIONES DE *Festuca palleescens*: PRIMEROS PASOS EN LA DOMESTICACIÓN DE UNA FORRAJERA NATIVA PATAGÓNICA

Angeli J.P.¹, C. Ugarte², P. Marchelli³, N. Nagahama⁴.

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), INTA Estación Experimental Agroforestal (EEAf) Esquel, Chubut, Argentina.

²EEAf Esquel (INTA), Chubut, Argentina. ³Instituto de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (IFAB, INTA-CONICET), Río Negro, Argentina. ⁴CONICET, INTA EEAf Esquel, Facultad de Ciencias Naturales y Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Esquel, Chubut, Argentina.

angeli.juan@inta.gob.ar

En la Patagonia Argentina, la ganadería ovina extensiva es una de las principales actividades agropecuarias y *Festuca palleescens* es considerada una de las gramíneas forrajeras nativas de mayor importancia. La amplia distribución de esta especie (Sur de Mendoza a Sur de Santa Cruz) y la gran diversidad de ambientes en los que crece sugieren la existencia de una gran plasticidad y/o variabilidad genética intra-específica. En este estudio se determinó la variabilidad germinativa en 20 poblaciones de *F. palleescens* provenientes de toda su área de distribución natural mediante un ensayo en ambiente común bajo cubierta, a los fines de determinar qué proporción de la variación observada podría tener una base genética. Los resultados indicaron que existe una gran variabilidad entre poblaciones en: peso de 1000 semillas, porcentajes de germinación y tiempos de emergencia del coleoptile. Los porcentajes de germinación entre poblaciones variaron entre 47,8 y 90,5%. En cuanto a los tiempos de emergencia, se observaron diferencias en el tiempo requerido para la germinación del 50% y del 100% de las semillas en cada población (T50 y T100). Las poblaciones con menor T100 se anticiparon 16 días con respecto a las más tardías. Esta información es una herramienta de base para planificar la selección de poblaciones a mejorar en un programa de domesticación en curso. La domesticación de *F. palleescens* contribuirá a la recuperación y/o el aumento de la productividad en los sistemas ganaderos regionales mitigando los procesos de degradación en los pastizales naturales de Patagonia.

EXPRESIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA INTER-POBLACIONAL EN EL DESARROLLO DE PLÁNTULAS DE *Festuca palleescens* EN AMBIENTE COMÚN

Angeli J.P.¹, C. Ugarte², P. Marchelli³, N. Nagahama⁴.

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), INTA Estación Experimental Agroforestal (EEAf) Esquel, Chubut, Argentina. ²INTA EEAf Esquel, Chubut, Argentina. ³CONICET, Instituto

de Investigaciones Forestales y Agropecuarias Bariloche (IFAB, INTA-CONICET), Río Negro, Argentina. ⁴CONICET, EEAf Esquel (INTA), Facultad de Ciencias

Naturales y Ciencias de la Salud, Universidad Nacional de la Patagonia San Juan Bosco (UNPSJB), Esquel, Chubut, Argentina.

angeli.juan@inta.gob.ar

Festuca palleescens es una de las gramíneas forrajeras nativas de mayor importancia para la ganadería extensiva en la Patagonia. Esta especie crece bajo diferentes condiciones edafoclimáticas desde el sur de Mendoza hasta el sur de Santa Cruz. En macroambientes heterogéneos como los patagónicos es posible encontrar ecotipos vegetales diferenciados por la selección natural, que se caracterizan por sus adaptaciones morfo-fisiológicas a ambientes particulares y que pueden expresarse cuando las plantas crecen en un ambiente común. Actualmente, se está desarrollando un programa de domesticación para la especie. En este contexto, se estudió el crecimiento de plántulas (obtenidas a partir de semillas provenientes de 20 poblaciones distribuidas en todo su rango de distribución natural) durante los primeros 90 días de desarrollo en ambiente común bajo cubierta. Se estudiaron 20 plantas por población y se observaron diferencias significativas ($p < 0,001$) en el número de macollos, hojas y longitud de hojas entre poblaciones. Se estableció la dinámica de crecimiento de las plántulas de diferentes poblaciones (mediciones cada 2-6 días) y se identificaron las de mayor desarrollo en los primeros tres meses post germinación. Los resultados obtenidos revelaron una gran variabilidad genética a nivel intra-específico en *F. palleescens*, expresada en el desarrollo de plántulas, y permitieron generar información de gran importancia para el programa de domesticación en curso.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE FAMILIAS DE MEDIO HERMANOS DE *Festuca arundinacea* SCHREB.

Vega D.J.¹, M. Petenatti Muñoz², J.S. Palermo², H.E. Di Santo², E.A. Castillo², L.E. Aguirre³. ¹CONICET. Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina. ²UNRC, Córdoba, Argentina. ³Criadero UNINARC, UNRC, Córdoba, Argentina. jvega@ayv.unrc.edu.ar

Festuca arundinacea Schreb. es una gramínea forrajera alohexaploide ($2n=6x=42$), perenne, de crecimiento otoño-invierno-primaveral. El equipo de Genética, FAV, UN Río Cuarto, colectó germoplasma de festuca alta tipo continental naturalizada en la zona central semiárida de Argentina. Ensayos previos identificaron presencia del hongo endófito *Epichloë coenophiala*. Con el objetivo de identificar material forrajero superior, en 2018 se evaluaron 21 genotipos en un ensayo de medio hermanos con DBCA. Se realizaron tres cortes de forraje y se midieron caracteres morfológicos en cada planta (LM: largo de macollo, LH: largo de hoja, NH: número de hojas/macollo, PH: peso de hoja, PM: peso de macollo). Los ANAVA revelaron diferencias entre genotipos. El genotipo 1 se destacó en LM en todos los cortes (23,36±9,34 cm). En LH sobresalieron los genotipos 1, 2 y 11 en dos cortes (18,74±8,10 cm, 17,48±8,54 cm y 18,14±9,25 cm). Los genotipos 9, 3 y 11 presentaron mayor NH en el primer, segundo y tercer corte, respectivamente (3,69±0,91; 3,51±0,58 y 3,32±0,55 hojas/macollo), con diferencias significativas. En PH el 30% de los genotipos se destacó en el primer y segundo corte (1,02±0,56 g, 0,63±0,48 g) entre ellos los genotipos 1, 10 y 11. En PM el 20% de los genotipos se destacó en el tercer corte. Los genotipos 1 (colectado en el suroeste del Depto. Río Cuarto), 10 (región noroeste) y 2, 3, 9 y 11 (zona norte de Río Cuarto) resultaron superiores al resto de los genotipos en relación a los caracteres morfológicos que definen la producción de biomasa aérea por planta.

ESTUDIOS PRELIMINARES DE VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES NATURALES COSTERAS DE *Bromus* DEL SUDESTE BONAERENSE (ARGENTINA)

Echeverría M.L.¹, G.A. Leofanti¹, A. López¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. mlecheverria@mdp.edu.ar

La Secc. *Ceratochloa* del género *Bromus* L. (Poaceae) incluye especies de valor forrajero (“cebadillas”). Las poblaciones naturales presentes en la costa marítima del sudeste de la provincia de Buenos Aires pueden constituir una importante fuente de genes para el mejoramiento basado en germoplasma nativo, sin embargo, se desconoce la diversidad genética y la variabilidad fenotípica de estos recursos. Como objetivo general se propuso: a) prospectar la mencionada área de distribución y recolectar muestras de poblaciones naturales de *Bromus*; b) caracterizar los ambientes naturales; y c) realizar la caracterización morfológica y molecular de dichas muestras. En una primera etapa se identificaron siete poblaciones naturales: dos en el Partido de Mar Chiquita, dos en el de General Pueyrredón y tres en el de Necochea de las especies taxonómicas *B. catharticus* Vahl y *B. parodii* Covas & Itria. En cada sitio se tomaron muestras de suelo y se registró la flora acompañante. Hasta el momento se ha detectado variación entre sitios con respecto a la flora acompañante y las características edáficas, con suelos arenosos y franco-arenosos. También se recolectaron al menos 10 ejemplares de cada población de *Bromus*, que se encuentran depositados en Herbario BAL, y se tomaron muestras de hojas de 20 individuos para extraer ADN. Está en ejecución la caracterización morfológica para estimar la variabilidad fenotípica y se prevé realizar la caracterización molecular con marcadores de tipo ISSR para estimar la diversidad genética inter- e intra-poblacional y la estructura genética de las poblaciones.

ANÁLISIS EXPLORATORIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA PARA TOLERANCIA A SALINIDAD EN GENOTIPOS DE RAIGRÁS ANUAL

Ceaglio C.A.¹, M.A. Maciel^{1,2}, M.L. Acuña^{1,3}, I. Varela¹, J. Lavandera³, A.N. Andrés^{1,3}. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Buenos Aires, Argentina. ²Centro de Investigaciones y Transferencia del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (CITNOBA)-UNNOBA-UNSA-CONICET, Buenos Aires, Argentina. ³EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina.
acceaglio@gmail.com

Raigrás anual es una especie forrajera valorada en los sistemas ganaderos de Argentina por producir forraje en ambientes marginales, caracterizados por suelos halomórficos. El objetivo fue explorar la variabilidad genética en 12 genotipos (gen) de raigrás que integran un programa de mejoramiento genético de INTA Pergamino para tolerancia a salinidad en etapas tempranas de crecimiento. Estos genotipos fueron seleccionados por su buen comportamiento agronómico a campo. En hidroponía, cada genotipo fue expuesto a 0 (C-control), 100 y 200 mM de NaCl (trat) en un DBCA con 3 repeticiones (30 plántulas/gen/trat). A los 21 y 40 días de exposición a los trat se evaluó el peso seco aéreo (g) (PSA1; PSA2), peso seco de raíz (g) (PSR2) y el contenido de iones (%Na+; %K+; %K+/Na+ respecto del C). En ambas fechas se estimó el Índice de Tolerancia a salinidad de cada gen (IT= PSA plántulas en sal/PSA promedio en C). Se realizó un análisis multivariado de componentes principales con INFOSAT/P. En ambos trat la CP1 y la CP2 explicaron un gran porcentaje de la variabilidad total, pero en 200 mM se explicó el mayor porcentaje (80,6%) y se observó una mayor diferenciación entre los genotipos. Las variables con mayor aporte a la CP1 fueron IT2, IT1 y %Na+; mientras que PSA1 y %K+ aportaron a la CP2. Se diferenció un grupo (gen 2) con mayores IT y menor %Na+; otro grupo (gen 9 y 10) con menores IT y mayor %Na+; y un grupo de comportamiento intermedio formado por el resto de los genotipos. Este análisis preliminar permitió detectar genotipos de raigrás con tolerancia diferencial a la salinidad.

FERTILIDAD DE LA ESPIGA EN LÍNEAS GRANÍFERAS DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS

Grassi E.M.¹, F. Traverso¹, H.E. Di Santo¹, E.A. Castillo¹, D.J. Vega¹, A. Ferreira¹. Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), Río Cuarto, Córdoba, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Argentina.
egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El grano de cereales invernales utilizado como suplemento, aporta alta energía digestible en dietas de animales domésticos. La fertilidad de la espiga es una limitante de la producción de grano en especies provenientes de la hibridación interespecífica, tales como el triticale y el tricepiro. Con el objetivo de caracterizar 18 líneas avanzadas de triticale (13 re-seleccionadas a partir de introducciones de CIMMYT y 5 cruza propias UNRC) y 4 de tricepiro (cruza propias UNRC) se desarrollaron ensayos durante tres años en la UNRC, considerando seis caracteres relacionados a la fertilidad de la espiga. Los valores medios fueron: longitud de la espiga (LE)=9,87±1,28 cm; espiguillas por espiga (E/E)=24,65±3,06; densidad de la espiga (E/cm)=2,52±0,25 espiguillas por cm de espiga; granos por espiga (G/E)=41,73±9,30; índice de fertilidad (IF)=1,69±0,32 granos por espiguilla y peso de grano por espiga (PG)=1,76±0,59 g. Los ANVA mostraron interacción año línea significativa para todos los caracteres. Los análisis de correlación determinaron que el componente más importante para determinar el IF fue el G/E ($r=0,82^{***}$). Se realizaron biplots GGE para analizar la interacción y se identificaron tres líneas de triticale (3 y 4 propias y 18 re-selección CIMMYT) de buen comportamiento para IF, G/E y PG. La línea de triticale 27 (re-selección CIMMYT) se destacó por su alto PG. Los resultados indican que la fertilidad de la espiga no es una limitante en estas líneas para la producción de grano forrajero en la región central subhúmeda-semiárida de Argentina.

PROSPECCIÓN Y RECOLECCIÓN DE GERMOPLASMA SILVESTRE DE *Achyrocline satureioides* EN LA ZONA AUSTRAL DE SU DISTRIBUCIÓN

Echeverría M.L., E.L. Camadro¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina.
mlecheverria@mdp.edu.ar

Achyrocline satureioides o “Marcela” (2n=24-28), Asteraceae de valor medicinal y alimenticio, se distribuye desde Venezuela hasta el centro de Argentina. Las poblaciones australes pueden constituir una fuente de diversidad genética para el mejoramiento. Como objetivo general de un proyecto mayor se propuso: a) prospectar y recolectar muestras de poblaciones naturales de Marcela procedentes del límite austral de su distribución; b) caracterizar los ambientes naturales; y c) caracterizar morfológica y molecularmente dichas muestras. En una primera etapa experimental las expediciones en el sur de Buenos Aires, Argentina, han permitido identificar poblaciones naturales en dos sitios serranos (Partidos de Balcarce y Gral. Pueyrredón) y tres de la costa marítima (Partidos de Mar Chiquita, Gral. Alvarado y Necochea). En cada sitio se tomaron muestras de suelo y se recolectaron ejemplares de herbario de Marcela y flora acompañante. También, en al menos 30 plantas/población se cosechó tejido vegetal para extracción de ADN y simiente que fue sembrada a 20 °C con alternancia de luz/oscuridad. La flora varió principalmente entre los sitios serranos y los costeros. En cuanto al suelo, los sitios variaron en tipo (arenoso, franco arenoso y franco), profundidad (0,1-2 m) y características químicas. El porcentaje de germinación varió entre 31,6% a 44,7%. En una segunda etapa se prevé cultivar las plantas obtenidas para su caracterización fenotípica y estimar la diversidad genética inter- e intra-poblacional empleando marcadores moleculares de tipo ISSR.

INTERACCIÓN ENTRE EL GENOTIPO DEL PORTAINJERTO Y EL AMBIENTE EN DOS VARIETADES DE VID CULTIVADAS EN EL SUDESTE BONAERENSE DE ARGENTINA

Marcellán O.N., B. Altamirano¹, D. Polifroni¹, C. Godoy¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina.
omarcellan@mdp.edu.ar

La evaluación de los efectos de los genotipos de los portainjertos sobre las variedades de vid (*Vitis vinífera*) y su posible interacción con el ambiente es prioritaria para poder elegir las mejores combinaciones portainjerto-variedad que se adapten a una región nueva para la vitivinicultura como lo es el sudeste bonaerense. Se realizaron dos ensayos en viñedos de Tandil cultivados en secano, durante dos temporadas. Se evaluaron plantas provenientes del vivero Mercier de Mendoza, de la variedad Sauvignon Blanc (SB) injertada sobre los portainjertos 101-14 (*V. riparia* x *V. rupestris*) y SO4 (*V. riparia* x *V. berlandieri*), y la variedad Syrah (Sy) injertada sobre 101-14 y P1103 (*V. berlandieri* x *V. rupestris*). En seis plantas/combinación variedad-portainjerto se determinó: área foliar (AF), peso de bayas (PB), número de bayas/racimo (NB), número de racimos/planta (NR), rendimiento/planta (RP), contenido de sólidos solubles (CSS) y acidez titulable (AT). En SB no se detectó interacción significativa entre el genotipo del portainjerto y la temporada (IGA), ni se detectaron efectos del genotipo del portainjerto (AF: 4,6 m², PB: 1,9 g, NB: 57, NR: 13, RP: 1,09 kg, AT: 7,6%), excepto para la variable de calidad CSS, destacándose el portainjerto SO4 sobre 101-14 (22^o vs. 21^o Brix). En Sy se detectó IGA significativa en AFT y NR, y un efecto significativo del portainjerto en RP, confirmando el portainjerto P1103 el triple de rendimiento que 101-14 (0,9 vs. 0,3 kg).

EDICIÓN DE BASE EN EL CODÓN PRO197 DEL GEN DE LA ACETOLACTATO SINTASA DE LECHUGA: RESULTADOS PRELIMINARES

Darqui F.S.¹, L.M. Radonic¹, V.C. Beracochea¹, H.E. Hopp¹, M. López Bilbao¹. ¹Instituto de Biotecnología INTA Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. fdarqui@gmail.com

En distintas especies vegetales, mutaciones específicas en el gen de la acetolactato sintasa (ALS) conducen a sustituciones de aminoácidos que confieren resistencia a herbicidas. La sustitución espontánea de Pro197 por His en el gen ALS de *L. serriola* (lechuga salvaje) generó resistencia a sulfonilureas e imidazolinonas que por cruzamiento pudo transferirse a lechuga cultivada (*L. sativa*). Nuestro objetivo es establecer la edición génica en lechuga por edición de base, modificando el codón Pro197 del gen ALS (LsALS) con cambios C por T que lo sustituyen por Ser197 o Leu197. Este trabajo describe la selección y armado del vector de edición, y su *delivery* por transformación genética. Mediante amplificación por PCR se logró identificar la región target de LsALS y se comprobó la ausencia de variantes alélicas. Se evaluó el número de potenciales *off targets* por análisis *in silico*. Para la construcción del vector de edición se partió del plásmido pXSE901BG (Addgene), confirmando su identidad por antibiograma, PCR y análisis de perfiles de restricción. En el vector se reemplazó el cassette de resistencia a fosfotricina por otro de resistencia a kanamicina y se incorporó la secuencia espaciadora del gRNA. Por PCR y secuenciación se confirmó la inserción de una única secuencia espaciadora en la posición y dirección correcta. Por último, se transformó establemente la var. Grand Rapids de lechuga. Se obtuvieron 8 eventos diferentes, con una eficiencia del 6%, similar a la lograda previamente con otros vectores.

EFFECTO PRIMING EN LA TOLERANCIA A SEQUÍA EN LA PAPA SILVESTRE DEL DESIERTO *Solanum kurtzianum*

Jerez D.N.¹, P.C. Kozub¹, V.N. Ibañez¹, C.V. Gonzalez¹, F. Berli¹, C.F. Marfil¹. ¹Instituto de Biología Agrícola de Mendoza (IBAM), Mendoza, Argentina. dnjerez90@gmail.com

La papa cultivada (*Solanum tuberosum*) es susceptible a sequía y se espera que sus rendimientos disminuyan frente a condiciones de déficit hídrico. *S. kurtzianum* (ktz) es una especie silvestre de papa adaptada a zonas áridas con potencial para el mejoramiento genético. El *priming* o memoria al estrés es el fenómeno por el cual exposiciones previas a diferentes estreses alteran respuestas posteriores y eventualmente predisponen a la planta para responder más eficientemente a estreses futuros. Se evaluó el efecto *priming* en variables morfo-fisiológicas en dos genotipos de ktz (G1 y G2) obtenidas de tubérculos cosechados de tratamientos control (C) y sequía (P; *priming*) previos y sometidas a dos niveles de restricción hídrica: moderado (M) y severo (S). Se observó un efecto *priming* en la biomasa de las plantas ensayadas. Para ambos genotipos se observó una reducción en el Índice de Susceptibilidad a la Sequía (ISS) en las plantas P respecto a las C para ambos tratamientos (M y S). Para G1, el ISS de las plantas C y P fue 1,1 y 0,6 para el tratamiento M y 1,0 y 0,7 para el tratamiento S, respectivamente. Mientras que el ISS de las plantas C y P de G2 fueron 1,0 y 0,7 para el tratamiento M y 1,0 y 0,95 para el tratamiento S. Estos valores indican un efecto de *priming* en la tolerancia a sequía en ktz y diferencias intraespecíficas en la respuesta al estrés hídrico en esta especie. Para explicar el efecto de *priming*, se pretende comparar las respuestas de control estomático, el daño oxidativo y evaluar la dinámica de cambios epigenéticos que puedan estar participando.

ANÁLISIS FENOTÍPICO Y MOLECULAR DE LÍNEAS CASI ISOGÉNICAS DE TOMATE QUE DIFIEREN EN REGIONES CROMOSÓMICAS APORTADAS POR *Solanum pimpinellifolium*

Di Giacomo M.¹, V. Cambiaso¹, G. Rodríguez¹, J.H. Pereira Da Costa¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, IICAR-CONICET-UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina. melisa_dg22@hotmail.com

Las introgresiones de la accesión silvestre LA0722 de *Solanum pimpinellifolium* en el tomate cultivado tienen el potencial de mejorar la calidad de los frutos en variedades comerciales. Una colección de 22 líneas casi isogénicas (NILs) fue desarrollada mediante retrocruzamientos asistidos por 28 marcadores microsatélites con LA0722 como genotipo donante y *S. lycopersicum* cv. Caimanta (CAI) como recurrente. En 10 plantas por NIL se evaluaron 13 caracteres de calidad de fruto y se realizó una caracterización molecular con 89 marcadores adicionales distribuidos en el genoma. El análisis de componentes principales mostró que las dos primeras componentes (CP) explicaron un 56,5% de la variación fenotípica total. La CP1 fue ponderada mayoritariamente por el tamaño y pH de los frutos mientras que la CP2, por el color, la firmeza y la vida poscosecha. Mediante la caracterización molecular se determinó que el número promedio de introgresiones por NIL varió entre 3 y 13, y que el porcentaje del fondo genético cultivado recuperado varió entre 84,9 y 96,1%. La comparación de las NILs con su progenitor cultivado mostró diferencias significativas ($p < 0,05$) para todos los caracteres evaluados exceptuando el contenido de sólidos solubles. Analizando los efectos de las introgresiones silvestres se observó una disminución de la media para caracteres de tamaño y acidez y un aumento para vida poscosecha, firmeza, espesor de pericarpio, pH y color. Se concluye que las introgresiones silvestres proporcionan una fuente de variación con efectos positivos en caracteres de fruto de valor comercial.

REGENERACIÓN *IN VITRO* DE *Solanum sisymbriifolium* LAM, (SOLANACEAE), PARA EMPLEAR COMO FUENTE POTENCIAL DE RESISTENCIA A NEMÁTODOS

Paredes C.M.¹, S.A. Cabezas Cisneros¹, E.G. Torrejón¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy, Argentina. claudiaparedes@argentina.com

Jujuy es la tercera provincia argentina dedicada al cultivo de tomate, proveyendo el 11,8% del total nacional. No existen cultivares tolerantes a nemátodos, lo que limita la producción e induce a buscar fuentes de resistencia en *Solanum sisymbriifolium* Lam. La naturaleza silvestre de la especie obliga a coleccionar, identificar y seleccionar materiales para hibridar. Su heterogénea germinación natural justifica emplear técnicas *in vitro* para su multiplicación masiva. El objetivo del trabajo fue definir un protocolo de multiplicación de *Solanum sisymbriifolium* Lam, mediante organogénesis directa. Se sembraron en condiciones axénicas, explantes mononodales del material colectado en medios de cultivo semisólidos Murashige y Skoog (MS) al 100% y 50% combinados con ANA y GA3. Se realizó un DCA con diez repeticiones en medios al 100% (MS100), y al 50% (MS50) con 3% de sacarosa, más combinaciones con ANA (0,5 ppm) y GA3 (7 ppm) y medios testigo. Las variables fueron longitud de tallo, número de hojas, desarrollo radicular y tiempo de brotación. Mediante ANOVA y prueba de Duncan ($p \leq 0,05$), se estableció que existen diferencias altamente significativas del tratamiento MS50% + ANA (0,5 ppm) + GA3 (7 ppm) para elongación de tallo y tiempo de regeneración, y diferencia significativa para tratamiento MS50% + GA3 (7 ppm) para número de hojas. El vigor de los explantes no requirió de medios de enraizamiento. El protocolo establecido permite multiplicar material para hibridación, requiriendo colectas solo para exploración de ecotipos de interés.

SPEED BREEDING PARA LA MULTIPLICACIÓN DE COLECCIONES ACTIVAS EN LENTEJA (*Lens culinaris* MEDIK.)

Maglia F.¹, C. Bermejo¹, T. Palacios², E. Cointry².

¹CONICET, Instituto Investigaciones en Ciencias Agrarias Rosario (IICAR), Santa Fe, Argentina.

²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina.

fer.maglia@hotmail.com

El objetivo fue demostrar la utilidad de este método *in vivo* de aceleración de generaciones para su aplicación en bancos de germoplasma. Se usaron 4 variedades (macro y microsperma) con diferente longitud de ciclo, en un sistema hidropónico en cámara con foto y termo periodo controlado. Se sembraron 30 semillas por variedad y tratamiento en perlita. Se aplicó flurprimidol 0,6 μ M y un tratamiento control. Se cosecharon las vainas 2 días pos madurez fisiológica. Se realizó un diseño factorial al azar con 2 repeticiones. Se evaluaron días a floración (DF), días a cosecha (DC), N° de generaciones/año (NGA), % de plantas florecidas que produjeron vaina (PV), altura de planta (AP), longitud de entrenudos (LE), número de vainas/planta (NVP) y número de semillas/planta (NSP). Se analizó el efecto tratamiento y genotipo para todas las variables mediante un ANVA con software InfoStat. Se observaron diferencias significativas ($p < 0,001$) entre tratamientos para DF, AP, LE, NVP y NSP. Con flurprimidol se redujo AP y LE de todas las variedades pero también NVP y NSP. Si bien los DF se alargaron, los DC y NGA se mantuvieron constantes con respecto al control. Se observaron diferencias significativas ($p < 0,001$) entre genotipos para todas las variables dentro de tratamientos. Dentro del control, las microsperma produjeron más vainas y semillas, en macrosperma se acortaron DF y DC logrando una generación más por año. Dichos resultados permiten confirmar su utilización en bancos de germoplasma para la multiplicación acelerada de materiales ya que se logran 5-6 generaciones/año.

PERFIL PROTEICO EN DIFERENTES GENOTIPOS MACROSPERMAS Y MICROSPERMAS DE LENTEJA *Lens culinaris* MEDIK

Palacios Martínez L.T.¹, F. Guindón¹, F. Maglia², E.

Cointry, C. Bermejo². ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina.

²Instituto Investigaciones en Ciencias Agrarias Rosario (IICAR), CONICET, Santa Fe, Argentina.

palaciostatiana72@gmail.com

La lenteja cultivada se divide en 2 subespecies por tamaño de semilla: *macro* y *microsperma*, pero poco se sabe sobre diferencias a nivel proteico. El objetivo fue evaluar la concentración, composición proteica y su relación con el peso de semillas de 2 variedades macro derivadas de la F2 ILL8072 x ILL6972, la variedad comercial Silvina y 4 micro derivadas de la F2 ILL5769 x ILL1005. La extracción proteica se realizó por duplicado a partir de 50 mg de harina, se midió su concentración con kit Quant-iT™ y se realizó un ANDEVA con software Infostat. Los genotipos mostraron diferencias significativas ($p < 0,05$) siendo los *microspermas* de mayor porcentaje proteico (29,30 a 33,12%). Los *macrospermas* presentaron valores entre 23 y 28%. Los análisis de correlación de Pearson indicaron la ausencia de correlación entre contenido proteico y peso. Se realizó un SDS-PAGE cuyo patrón contuvo bandas correspondientes a vicilinas (53, 48, 43 kDa), convicilina (70 kDa), leguminas (23, 22, 20 kDa), lectina (32 kDa) y dos globulinas, ácida y básica (37 y 25 kDa, respectivamente). Se determinó la intensidad de bandas con el programa Gel analyzer y se calculó el % de cada proteína respecto del total extraído. La mayor proporción fue de lectina 32 kDa y legumina 20 kDa representando un 15,54 y 14,9% del total. Los genotipos no mostraron diferencias significativas para los constituyentes polipeptídicos evaluados. Se identificaron líneas *microspermas* superiores en contenido proteico al testigo comercial Silvina, pudiendo ser explotadas en la industria o en programas de mejora de calidad de lenteja.

QTL ASOCIADOS A LA RESISTENCIA A LA FUSARIOSIS DE LA ESPIGA Y A CARACTERES MORFOLÓGICOS EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL DE *Triticum aestivum*

Franco M.F.^{1,2}, G.A. Lori^{3,4}, J.S. Panelo³, M.P. Alonso^{1,2}, I. Malbrán^{2,4}, A.C. Pontaroli^{1,2}. ¹Unidad Integrada Balcarce: Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata - Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, Balcarce, Argentina.

²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET). ³Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC). ⁴Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina

fiorella.franco@hotmail.com

El mapeo de QTL es una herramienta de utilidad para el mejoramiento por resistencia a la fusariosis de la espiga de trigo (FET). Sin embargo, dado que numerosos caracteres morfológicos afectan a la enfermedad, es necesaria una clara diferenciación entre QTL asociados a la resistencia y aquellos asociados a la morfología que influyen en el proceso de infección. El presente trabajo caracterizó la resistencia al avance de *Fusarium graminearum* en espigas de trigo de la población de RIL derivada del cruzamiento Baguette 10/Klein Chajá (cultivares medianamente tolerantes a la FET y morfológicamente diferentes). La población se evaluó en cuatro experimentos de patogenicidad en dos años de ensayos de campo con inoculación artificial. Se estimaron Severidad y Área Bajo la Curva de Progreso de la enfermedad (ABCPE), y se determinaron atributos morfológicos de la espiga. Las RILs fueron genotipificadas con un chip de 35K SNP de Affimetrix. Se construyó un mapa de ligamiento con 857 marcadores en 80 RILs y se realizó un mapeo por intervalo compuesto. Se identificaron tres QTL para la resistencia a la FET en los cromosomas 2A, 4A y 6D. Los QTL para espiguillas/espiga se superpusieron con los QTL para resistencia a la FET en los cromosomas 2A y 6D. La severidad y el ABCPE se asociaron significativamente con flores/espiguilla ($r=0,28$ y $r=0,27$, respectivamente) y flores/espiga ($r=0,38$ y $r=0,31$, respectivamente). Estos resultados constituyen un avance promisorio, ya que la consideración de los atributos morfológicos asociados a la FET permitiría acelerar el desarrollo de cultivares resistentes.

LÍNEAS R DE GIRASOL Y SU COMPORTAMIENTO FRENTE A UN NUEVO TEST DE INOCULACIÓN CON *Phomopsis helianthi* EN CAPÍTULO

Dinon M.A.¹, S.G. Delgado¹, F. Castaño¹, C.B. Troglia².

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina.

²INTA EEA Balcarce, Balcarce, Buenos Aires, Argentina. mdinon@mdp.edu.ar

Se evaluó la respuesta a las inoculaciones asistidas con *Phomopsis helianthi* en capítulos de 8 líneas R de girasol (del programa de mejoramiento local) y de los cultivares Syn3970CL y Par1600CLPlus (de comportamiento contrastante en infección natural). Los 10 genotipos se ubicaron en parcelas de tres surcos de 12 plantas cada uno, bajo un diseño con dos bloques completos y aleatorizados realizado en Balcarce. En cuatro plantas, elegidas al azar del surco central, se hizo un raspado suave de la epidermis del dorso verde-amarillento del capítulo de alrededor de 1 cm². Allí se fijó con cinta adhesiva un disco de agar de 10 mm de diámetro con el micelio del hongo hacia dicha superficie. El capítulo se cubrió con una bolsa de papel. Hubo dos riegos diarios de unos 2 mm. El área relativa (%) del capítulo con síntomas se evaluó a los 9 días en un bloque, y a los 13 días en el otro. Todos los síntomas superaron el tamaño del disco. Con los datos transformados en arco-seno $\sqrt{\%}$, el ANOVA detectó interacción Genotipo-Fecha significativa. En la primera lectura, Par1600CLPlus y las líneas R2 y R16 tuvieron las menores áreas relativas afectadas. Mientras que, en la segunda, fueron Syn3970CL, R15, R16, R31 y RF. Sólo los resultados de la última lectura coincidieron con el comportamiento conocido de los cultivares. La línea R16 fue la única que sobresalió en ambas lecturas. Otros ensayos, además de validar la repetibilidad de los resultados, permitirán estimar la interacción GxA y conocer si el nuevo protocolo de inoculación genera resultados semejantes a lo que sucede en la naturaleza.

ACELERACIÓN DE GENERACIONES IN VITRO - IN VIVO E IN VIVO EN ARVEJA *Pisum sativum* L.

Cazzola F.¹, E. Cointry¹, C. Bermejo¹. ¹Instituto Investigaciones en Ciencias Agrarias Rosario (IICAR), Santa Fe, Argentina.
cazzola.f@gmail.com

La duración del ciclo semilla a semilla es un factor limitante en el proceso de obtención de variedades comerciales. El objetivo del presente trabajo fue comparar dos sistemas de aceleración de generaciones con el fin de incorporarlo a los sistemas convencionales y aumentar su eficiencia. Se evaluaron 30 plantas de las variedades Amarilla, Turf, Ilca 5115 y Zavalla 15, crecidas en cámara y distribuidas en un diseño al azar con 2 repeticiones. Se utilizó hidroponía, luz artificial con fotoperiodo de 22 horas y antigiberelina Flurprimidol. En un sistema se realizó rescate de embriones *in vitro* en medio de cultivo MS, 18 días pos-antesis (S1) mientras en el otro se realizó la cosecha anticipada de vainas 24 días pos-antesis (S2). Se evaluó altura a floración (A), días a floración (DF), días a cosecha (DC) y eficiencia (E), medida como cantidad de plantas cosechadas/cantidad de plantas sembradas. Ambos sistemas presentaron reducción en A entre 51% y 63% respecto al sistema convencional. Los DF oscilaron entre 65 y 78 días, dependiendo de la variedad para S1, mientras que para S2 entre 46 y 57 días. Para DC los días variaron entre 83 y 96 días en S1 y entre 70 y 81 días en S2. La E de S1 varió entre 49% y 79% mientras que S2 entre 51% y 95%. La prolongación del ciclo en S1 respecto a S2, se debió al crecimiento lento durante los primeros días de aclimatación, necesarios en el paso del sistema *in vitro* al *in vivo*. El sistema *in vivo* resultó ser el más factible de aplicar debido a su mejor E, su reducción de los ciclos, su menor costo y demanda de mano de obra especializada.

SPEED BREEDING EN ARVEJA *Pisum sativum* L.

Cazzola F.¹, E. Cointry¹, C. Bermejo¹. ¹Instituto Investigaciones en Ciencias Agrarias Rosario (IICAR), Santa Fe, Argentina.
cazzola.f@gmail.com

El mejoramiento de plantas es un proceso lento. Desarrollar nuevas variedades de cultivos como arveja necesita de una década o más, usando la metodología tradicional. Un sistema llamado *Speed Breeding* fue desarrollado en diferentes cultivos. Incluye el crecimiento de plantas en cámaras de cultivos o invernaderos, usando luz artificial con fotoperiodos inductivos, temperatura y humedad controlada y cosecha anticipada de granos. El objetivo del trabajo fue desarrollar un sistema de *Speed Breeding* para arveja. Se utilizó un sistema hidropónico, con fotoperiodo de 22 horas, antigiberelina Flurprimidol y cosecha anticipada de granos (24 días después de antesis). Se evaluaron diferentes variedades que fueron comparadas con los mismos materiales evaluados a campo, obteniéndose reducciones de altura dentro del 52 y 63%, días a floración entre 46 y 57 días (mientras que los mismos materiales a campo florecieron entre 91 y 96 días) y eficiencias entre el 51 y el 93%, siendo las variedades semiafilas las que presentaron un mayor valor. Luego, el mismo sistema fue evaluado sobre dos poblaciones segregantes durante dos generaciones. Obteniendo eficiencias entre 74% y 78%, días a floración entre 41 y 47 días y disminuyendo la altura de la planta entre 52% y 63%. Se evaluaron hibridaciones entre variedades. Se tuvieron resultados alentadores, permitiendo desarrollar un sistema integral de mejora incluyendo hibridación y conducción de materiales segregantes. Este sistema permitió aumentar la eficiencia de los programas significativamente, reduciendo el espacio necesario (266 plantas/m²), reduciendo considerablemente costos y labores, obteniendo 5 generaciones por año de arvejas.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE UN HUERTO SEMILLERO CLONAL DE *Cedrela fissilis* MEDIANTE MARCADORES SSR

Coimbra S.A.¹, M.C. Soldati², P. Saravia³, L. Fornes³, M.V. Inza². ¹Facultad de Ciencias Exactas Químicas y Naturales, Universidad de Morón. ²INTA Instituto de Recursos Biológicos. Buenos Aires, Argentina. ³INTA EEA Famaillá. Tucumán, Argentina. silviaandrea-coimbra@gmail.com

Cedrela fissilis es una especie forestal de alto valor comercial por la calidad de su madera, que tiene distribución natural en Sudamérica. Los huertos semilleros clonales (HSC) para producción de semilla genéticamente mejorada constituyen uno de los objetivos principales de los programas de domesticación y mejoramiento del INTA. Para *C. fissilis*, un HSC con 46 clones (230 ramets) de interés fenotípico se encuentra emplazado en la EEA Famaillá, Tucumán. El objetivo del trabajo fue caracterizar la variabilidad genética y tasas de endogamia (Fis) para asistir al diseño final del HSC. Para esto, se utilizaron 8 marcadores SSRs desarrollados para la especie y/o transferidos desde especies filogenéticamente cercanas. Los niveles de diversidad observados fueron elevados ($U_{He}=0,857$) y comparables con los valores de diversidad genética media de poblaciones naturales de la misma especie ($He=0,820$). Además, se identificaron 15 clones con alelos exclusivos, los cuales deberían ser incorporados de forma preferencial en el HSC para mantener los niveles de diversidad genética. Por otro lado, fueron determinados los grupos genéticos que contribuyeron al huerto a través de métodos bayesianos. Dos grupos fueron detectados, distribuidos de forma heterogénea en la totalidad de los individuos. Estos resultados constituyen una herramienta de evaluación para la toma de decisiones en el diseño y constitución del HSC de *C. fissilis* para abastecer a planes de producción sustentable y a su conservación a largo plazo.