

**MV**

**MEJORAMIENTO  
VEGETAL**

**PLANT  
BREEDING**

## Cereales / Cereals

### MV 1

#### HEREDABILIDAD Y ASOCIACIONES ENTRE CARACTERES DE IMPORTANCIA EN LA SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE AVENA

Mathias M.<sup>1</sup>, I. Lobos<sup>2</sup>, M. Silva<sup>2</sup>, F. Fernández<sup>1</sup>, E. Ungerfeld<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INIA Carillanca, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chile; <sup>2</sup>INIA Remehue, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Chile. [monica.mathias@inia.cl](mailto:monica.mathias@inia.cl)

El programa de mejoramiento de avena (*Avena sativa* L.) de INIA Chile (PMG) ha desarrollado variedades ampliamente posicionadas en el mercado chileno. Los objetivos de este trabajo fueron: 1) investigar asociaciones entre caracteres de selección, 2) estimar la heredabilidad, 3) determinar los valores de mejora de los genotipos, y 4) seleccionar los mejores genotipos. Se sembró en junio de 2020 en La Araucanía, Chile, un experimento de campo con diseño de alfa-látice con dos repeticiones y 132 genotipos, incluyendo variedades de diverso origen, parentales y nuevas líneas avanzadas. Se colectaron datos de altura en macolla y madurez, tendadura (TEND), enfermedades, época de floración (EF), largo de panojas (LP), rendimiento, calidad industrial -peso hectolitro y extracción de grano (EG)-, contenido de proteína (PROT) y grasa. Los datos fueron analizados con el paquete R "Metan", usando el método REML/BLUP. Se observó un efecto significativo del genotipo en todos los caracteres estudiados. La heredabilidad en el sentido estrecho fluctuó entre 0,3 (altura-macolla) y 0,95 (EF); con un valor de 0,46 para el rendimiento, y variando entre 0,81 y 0,92 en los caracteres de calidad de grano. Las asociaciones entre caracteres fueron moderadas a bajas, y en su mayoría favorables para el mejoramiento genético, con excepción de las combinaciones EG-PROT ( $R^2 = -0,21$ ;  $p = 0,0058$ ), LP-TEND ( $R^2 = 0,52$ ;  $p < 0,001$ ), y rendimiento-EF ( $R^2 = 0,19$ ;  $p = 0,0033$ ). Los 20 mejores genotipos de la población fueron nuevas líneas avanzadas generadas por el PMG y exhibieron valores de mejora favorables en la mayoría de caracteres estudiados.

Proyecto Núcleo de Investigación, Programa de Mejoramiento de Avena, INIA, Ministerio de Agricultura

### MV 2

#### AÑOS DE EVALUACIÓN DE CULTIVARES COMERCIALES DE TRIGO PAN (*Triticum aestivum* L.) EN ARGENTINA

Mójica C.J.<sup>1</sup>, P.E. Abbate<sup>2</sup>, E.A. Rossi<sup>1</sup>, M. Balzarini<sup>3</sup>. <sup>1</sup>INIAB (CONICET-UNRC), Argentina; <sup>2</sup>INTA Balcarce, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Estadística y Biometría, FCA, UNC. UFYMA (INTA-CONICET), Argentina. [jmojica@ayv.unrc.edu.ar](mailto:jmojica@ayv.unrc.edu.ar)

Las evaluaciones multianuales de rendimiento permiten comparar el desempeño de cultivares comerciales para identificar cuáles se adaptan mejor a un ambiente objetivo. Establecer la cantidad de años de ensayo necesaria para una buena comparación de cultivares de trigo pan es un aspecto que requiere revisión periódica. El objetivo de este trabajo fue determinar la mínima cantidad de años de ensayos necesarios para detectar la superioridad de rendimiento de una proporción determinada de cultivares en ambientes de interés. Se trabajó con datos de la Red de Evaluación de cultivares de trigo (RET-INASE) para seis localidades de distintas subregiones trigueras, considerando los manejos con y sin fungicida, y la primera y tercera época de siembra, correspondientes a cultivares de ciclo largo y corto, respectivamente. Se estimaron componentes de varianzas mediante REML a partir de dos métodos: incluyendo todos los cultivares evaluados (en promedio, 30) o sólo los 10 cultivares de mayor rendimiento de cada año. Mediante curvas características de operación, se calculó la cantidad años de evaluaciones necesaria para alcanzar una potencia  $>90\%$  para identificar diferencias de rendimiento en al menos  $1/3$  de los cultivares. Los resultados revelaron que para una estimación confiable se requieren al menos cuatro años de ensayos por ambiente, sin diferencias por manejo o por ciclo de los cultivares. No hubo diferencias entre los dos métodos evaluados para calcular varianzas. La metodología usada para identificar el número de años a evaluar es sencilla y factible de extender a ensayos multiambientales de otras especies.

FONCYT- PICT 2018-03321

**MV 3****VARIABILIDAD GENOTÍPICA, HEREDABILIDAD Y AVANCE GENÉTICO EN AMARANTO GRANÍFERO (*Amaranthus* spp.)**

Mójica C.J.<sup>1,2</sup>, M.A. Ibañez<sup>1,2</sup>, N. Marcellino<sup>1</sup>, A. Nicola<sup>1</sup>, E.G. Peiretti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; <sup>2</sup>UNRC-CONICET, Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), Argentina. jmojica@ayv.unrc.edu.ar

El amaranto es un pseudocereal con amplia adaptación a condiciones agroclimáticas variables, incluso restrictivas. Los parámetros genéticos, el coeficiente de variación, la heredabilidad y el avance genético, proporcionan medidas de variabilidad y eficiencia de selección. El objetivo fue determinar los parámetros genéticos de rendimiento de grano y de otros caracteres agronómicos de 20 genotipos de amaranto en 12 ambientes (Río Cuarto, Argentina), con genotipos desbalanceados. Las variables analizadas fueron: altura de planta, días a panojamiento y a madurez fisiológica, longitud de panoja, índice de vuelco, de fertilidad y de reventado, peso de semillas y rendimiento. Los componentes de la varianza se estimaron mediante modelos mixtos vía REML. Los resultados mostraron diferencias significativas entre genotipos. Las varianzas fenotípica y genotípica fueron semejantes para todos los caracteres, excepto para rendimiento donde la fenotípica fue mayor, indicando influencia de factores ambientales. Las estimaciones de heredabilidad en sentido amplio fueron altas, excepto para rendimiento y vuelco. Los coeficientes de variación genética y fenotípica fueron moderados, con poca diferencia entre ellos, indicando fuerte determinación genética en estos caracteres. El avance genético esperado fue moderado para la mayoría de los caracteres, excepto para vuelco y reventado. Altos valores de heredabilidad, junto a moderados valores de avance genético en la mayoría de los caracteres, sugieren genes con efectos genéticos no aditivos. Alta heredabilidad asociada con alto avance genético para vuelco y reventado indican genes con efectos aditivos y sugieren factibilidad de mejora por selección. La información generada permitiría orientar estrategias de mejoramiento y maximizar la ganancia genética.

Secretaría de Ciencia y Técnica, Universidad Nacional de Río Cuarto

**MV 4****INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE DE LA RESISTENCIA A MAL DE RÍO CUARTO EN MAÍZ Y SU IMPLICANCIA EN LA SELECCIÓN GENÓMICA**

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

La variación de los niveles de infección de la enfermedad Mal de Río Cuarto (MRC) en maíz (*Zea mays* L.) impacta en las varianzas de interacción. La interacción genotipo-ambiente (GxE) para resistencia a MRC, a su vez, impacta la selección genómica. Nuestro objetivo fue analizar la eficiencia de la predicción genómica de resistencia a MRC bajo distintos escenarios de interacción GxE. Evaluamos un panel diverso de 290 líneas de maíz respecto al índice de severidad (ISE) en 11 ambientes de la región donde la enfermedad es endémica. Se estimó varianza genotípica -Var(G)- y varianza de la interacción GxE -Var(GxE)- y se realizó predicción genómica (PG) a partir de 10.810 SNPs y diferentes modelos para las estructuras de covarianzas para GxE y residual. La PG se realizó trabajando con los 11 ambientes y con subgrupos de tres ambientes de menor incidencia (<5%) y de mayor incidencia (>56%). La Var(GxE) fue menor a la Var(G) en ambientes de incidencia alta ( $H^2=0,70$ ), donde la eficiencia de la PG también fue mayor ( $r^2=0,43$  para predecir nuevos genotipos). En ambientes de baja incidencia la Var(GxE) representó el 86% de la variabilidad total del ISE y la eficiencia de la PG fue baja ( $r^2=0,08$ ). Trabajar con todos los ambientes, incrementó las estimaciones de varianza ambiental pero no la  $H^2$  y consecuentemente no mejoró la PG. Un mejor entendimiento fenotípico de la interacción GxE es esencial para tomar mejores decisiones basadas en información genómica.

FONCYT PICT; 2018 UNC 03321; CONICET

## MV 5

**GENÓMICA PARA LA RESISTENCIA A BACTERIOSIS EN MAÍZ (*Zea mays* L.)**

Ruiz M.<sup>1,2</sup>, E. Rossi<sup>1,2</sup>, N. Bonamico<sup>1,2</sup>, M. Balzarini<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina; <sup>4</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET-INTA), Argentina. mruiz@ayv.unrc.edu.ar

En el sur de Córdoba (Argentina), el cultivo de maíz se encuentra afectado por enfermedades virales y fúngicas para las cuales existen genotipos resistentes. Recientemente, han emergido problemas de bacteriosis (BD), causados principalmente por *Xanthomonas* spp., para las que no existen híbridos resistentes. El objetivo de este trabajo fue identificar regiones del genoma de maíz útiles para mejorar su reacción frente a BD. Durante los ciclos agrícolas 19–20 y 20–21, se fenotipó para BD en cuatro ambientes del sur de Córdoba un panel altamente diverso de 200 líneas endocriadas provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). En todos los ambientes hubo alta infestación natural y daños en la población de líneas (50 a 75% de las hojas inferiores con daños severos). Se midió severidad (SEV) de la sintomatología, promedio por parcela, en cada genotipo. Primero, se ajustó un modelo lineal mixto a los datos fenotípicos para descontar efectos ambientales y extraer el mejor predictor lineal insesgado (BLUP) de cada genotipo. Segundo, se modeló la asociación fenotipo-genotipo utilizando el BLUP de SEV para cada genotipo como variable respuesta y 46.990 marcadores del tipo SNP como variables explicativas. Los resultados muestran que el germoplasma explorado contiene alto nivel de variabilidad genética para resistencia a BD y señalan 11 regiones genómicas asociadas como promisorias para el desarrollo de híbridos resistentes.

CONICET; FONCYT -PICT 03321 2018

## MV 6

**ANÁLISIS MORFOLÓGICO DE GENOTIPOS DE MAÍZ NATIVOS DEL NOA ARGENTINO COMO FUENTE DE VARIABILIDAD PARA LA MEJORA GENÉTICA**

Torres Carbonell F.J.<sup>1</sup>, S. Callava<sup>1</sup>, M.S. Ureta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina. msureta@uns.edu.ar

El maíz (*Zea mays* L. subsp. *mays*), si bien es una especie originaria de Centro-América, presenta un centro de diversidad en Perú-Bolivia, que incluye el NO argentino como límite sur. A través de importantes procesos de mejora se han obtenido cultivares uniformes de mayor rendimiento y calidad, perdiendo gran parte de la variabilidad de los genotipos ancestrales. Los objetivos de este trabajo fueron estudiar la variabilidad genética presente en distintos genotipos nativos y mejorados de maíz, y determinar características en los mismos que podrían ser exploradas para iniciar un proceso de mejora. Se evaluaron en un jardín común, tres genotipos originarios de la provincia de Salta junto con cuatro variedades de polinización abierta cedidas por el INTA Pergamino. Se midieron caracteres morfológicos en distintos estadios fenológicos, 22 caracteres cuantitativos y 14 cualitativos. A partir de los mismos, se realizó un análisis de la variabilidad de todos los genotipos. Los resultados demostraron que los genotipos incógnita poseen una mayor variabilidad que los materiales mejorados, reflejado en el análisis gráfico de los descriptores cualitativos como en el coeficiente de variación que presentaron algunos de los caracteres cuantitativos de estos materiales. Varios de estos caracteres medidos sobre los genotipos originarios de la provincia de Salta, como el peso de la espiga, el número de espigas en el tallo principal y el número de granos por espiga no tuvieron diferencias significativas con los cultivares de mejor performance y podrían aportar variabilidad a un programa de mejora.

## Forrajeras / Forage Crops

### MV 7

#### SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS POR RENDIMIENTO DE GRANO Y ESTABILIDAD EN FECHAS CONTRASTANTES DE SIEMBRA

Traverso F.<sup>1</sup>, H. Di Santo<sup>1,2</sup>, E.A. Castillo<sup>1,2</sup>, D.J. Vega<sup>1,2</sup>, A. Ferreira<sup>1,2</sup>, F. Victor<sup>1</sup>, P. Hector<sup>3</sup>, E. Ferrari<sup>3</sup>, A. Picca<sup>3</sup>, L.E. Aguirre<sup>1,2</sup>, E. Kaufman<sup>1</sup>, R. Lucas<sup>1</sup>, M. Nicola<sup>1</sup>, G. Carol<sup>1</sup>, L. Ailén<sup>1</sup>, C. Tomás<sup>1</sup>, E.M. Grassi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de La Pampa, Argentina. egrassi@ayv.unrc.edu.ar

Triticale y tricepiro son especies que posibilitan obtener grano forrajero de buena calidad en ambientes con limitaciones edafoclimáticas. El objetivo del trabajo fue identificar líneas de aceptable producción de grano en dos fechas de siembra: marzo y junio. Se desarrollaron ensayos comparativos durante cinco ciclos (2013-2017) con DBCA y tres repeticiones. Los caracteres observados fueron: rendimiento en grano, sus componentes (espigas/m<sup>2</sup>, granos/espiga y peso de 1.000 granos) y tres caracteres para medir el esfuerzo reproductivo de las líneas (macollos fértiles, índice de fertilidad de la espiga e índice de cosecha). Los rendimientos medios de las 26 líneas experimentales y los 10 testigos ensayados fueron 124,76 ± 119,94 g/m<sup>2</sup> para la siembra de marzo y 334,08 ± 204,24 g/m<sup>2</sup> para la siembra de junio (diferencia de 209,32 g/m<sup>2</sup>). Los ANOVA revelaron interacción genotipo x ambiente significativa para la mayoría de los caracteres. Los biplots GGA permitieron identificar ocho genotipos de buen comportamiento en ambas fechas, las cuales fueron utilizadas para analizar la estabilidad de las diferencias de rendimiento. Las líneas de triticale 16 y 19 y el tricepiro 21 presentaron las menores diferencias de rendimiento (159,19, 163,80 y 165,60 g/m<sup>2</sup>, respectivamente); sin embargo, sólo la línea 16 presentó estabilidad a través de los años de ensayo. Al analizar los componentes del rendimiento, dicha línea tuvo las menores diferencias en macollos fértiles, número de granos por espiga, índice de cosecha y peso de 1.000 granos. Los resultados demuestran la importancia de seleccionar genotipos de alta estabilidad en ambientes de alta variación interanual.

### MV 8

#### LA DISTANCIA GENÉTICA ENTRE LOS PARENTALES SE RELACIONA CON LA PROPORCIÓN DE HETEROSIS EN LA PROGENIE EN UNA FORRAJERA ALÓGAMA

Lifschitz M.<sup>1</sup>, M.A. Tomás<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (INTA-CONICET), Estación Experimental Agropecuaria Rafaela, Argentina. mauroelif@hotmail.com

El progreso genético en especies forrajeras en las últimas décadas es escaso y, debido a esto, son necesarios nuevos esquemas de mejoramiento. El impacto provocado por el uso de la heterosis en el mejoramiento genético de forrajeras autóгамas y apomícticas no es equivalente en especies alógamas. Generalmente el nivel de heterosis es proporcional a la distancia genética entre los parentales. Por otra parte, el mejoramiento en tolerancia a salinidad se ha vuelto relevante en varios países de Latinoamérica debido a la gran superficie afectada por estrés salino. Nuestro objetivo fue evaluar la relación entre la distancia genética y el porcentaje de heterosis en la progenie de seis genotipos selectos por su tolerancia a salinidad de *Panicum coloratum*, una gramínea forrajera alógama. En un DBCA, 48 plántulas de 3-4 hojas fueron sometidas a condiciones de salinidad (200 mM NaCl) en hidroponia. Luego de 35 días se midió la altura, número de hojas y macollos y se cortó, secó y pesó la biomasa aérea (PSA) y radicular (PSR) de cada individuo. La distancia genética media entre los parentales se evaluó mediante marcadores moleculares ISSR. La asociación entre la distancia genética de los genotipos selectos y la proporción de la progenie mostrando heterosis se evaluó mediante correlación de Pearson. La correlación fue positiva y significativa para PSA ( $r=0,88$   $p<0,05$ ) mientras que resultó no significativa para los demás caracteres estudiados. La correlación encontrada podría tener impacto en futuros programas de mejoramiento genético al permitir explotar la varianza genética no aditiva presente.

INTA PEI 142

## MV 9

## CARACTERIZACIÓN DE DISTINTAS POBLACIONES NATURALIZADAS DE FESTUCA ALTA (*Festuca arundinacea*) EN MEZCLA CON ALFALFA (*Medicago sativa*)

Martinez E.S.<sup>1</sup>, J. Mattera<sup>1</sup>, J.E. Lavandera<sup>1</sup>, N. Fioravanti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>EEA Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. martinez.emilce@inta.gob.ar

Los programas de mejoramiento de especies forrajeras generalmente no adoptan como criterio de selección evaluar la competencia en mezclas de especies como festuca alta y alfalfa. Sin embargo, la proporción de cada especie en la mezcla a lo largo del tiempo puede estar asociada a la población. El objetivo de este trabajo fue caracterizar productivamente distintas poblaciones promisorias de festuca alta en mezcla con alfalfa. El trabajo se llevó a cabo en INTA Pergamino. Se evaluaron nueve poblaciones naturalizadas de festuca alta conservadas en el Banco Activo de Germoplasma y un cultivar comercial (cv.) "Luján INTA", cada uno de ellos en mezcla con alfalfa sin reposo invernal cv. "Cautiva III". El diseño experimental fue de BCA (n=3). En cada parcela se dispusieron a tresbolillo 12 plantas de festuca y 25 plantas de alfalfa. La distancia entre plantas de una misma especie fue de 20 cm y 14 cm entre especies. Se evaluó la producción de forraje de cada componente para estimar la relación festuca:alfalfa en una superficie de 1 m<sup>2</sup>. Se realizó un ANOVA y la comparación de medias con DMS ( $p < 0,05$ ). La producción de forraje evidenció diferencias significativas entre las poblaciones de festuca en competencia con alfalfa. La relación festuca:alfalfa también evidenció diferencias significativas. Se detectaron poblaciones de festuca con potencial para ser incluidas en un programa de mejoramiento que tenga como objetivo mejorar la persistencia y productividad de esta especie en mezcla con alfalfa. Asimismo, es importante continuar con las evaluaciones en distintas estaciones de crecimiento.

PE INTA 007; PE INTA 142

## MV 10

## EVALUACIÓN DE UNA ESTRATEGIA PARA EL MEJORAMIENTO DE *Paspalum* GRUPO DILATATA COMO ESPECIE SEXUAL

Monteverde E.<sup>1</sup>, M. Olveyra<sup>1</sup>, P. Speranza<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. emonteverde@fagro.edu.uy

*Paspalum dilatatum* Poir. es una gramínea perenne apomíctica y pentaploide sudamericana de alto interés forrajero, pero su baja producción de semilla, reproducción apomíctica y susceptibilidad a *Claviceps paspali* limitan su domesticación y mejoramiento. Se conocen cinco especies o biotipos tetraploides sexuales muy cercanamente emparentados con *P. dilatatum*. Estos biotipos mayormente autógamos pueden hibridarse en diferentes combinaciones. Para explorar el potencial productivo de combinar germoplasma de diferentes fuentes tetraploides, se realizó un cruzamiento entre dos de estos biotipos: *P. dilatatum* subsp. *flavescens* y *P. dilatatum* "Virasoro". Ambos biotipos presentan particular interés por su productividad y baja infección por *Claviceps*. Pueden cruzarse fácilmente y generar híbridos fértiles. Se comparó el híbrido F1 con los padres y 20 familias F3 para determinar la presencia de heterosis, estimar la variabilidad genética aditiva y el grado de segregación transgresiva esperada para varias características morfológicas y productivas. De las características analizadas, peso seco y número de inflorescencias mostraron en la F1 valores superiores al mejor de los padres. En la generación F3 se observó segregación transgresiva en más del 30% de las familias para cinco de las ocho características analizadas además de altos valores de varianza genética aditiva estimada. Estos resultados muestran que por lo menos en algunas combinaciones, la hibridación entre diferentes biotipos tetraploides genera recombinantes vigorosos y productivos con un alto potencial de producir segregantes transgresivos promisorios. Esta estrategia de mejoramiento resulta altamente promisoriosa. Se están evaluando las líneas recombinantes avanzadas y nuevas combinaciones además de la variabilidad presente dentro de cada biotipo.

**MV 11****EVALUACIÓN DE TRATAMIENTOS PARA LA OBTENCIÓN DE COLCHIPLOIDES EN *Lolium perenne* L. (POACEAE)**

Schneider J.S.<sup>1</sup>, L. Umbriago<sup>1</sup>, M.S. Ureta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina. schneider.s.juan@gmail.com

El raigrás perenne, *Lolium perenne* L. (Poaceae), es una gramínea forrajera predominantemente diploide ( $2n=2x=14$ ). Existen variedades tetraploides ( $4n=2x=28$ ) que pueden ser obtenidas mediante la duplicación artificial de cromosomas y poseen interés debido a su mayor producción de materia seca en comparación con las diploides. Los objetivos de este trabajo fueron identificar metodologías adecuadas para inferir la ploidía en esta especie y determinar un protocolo eficiente para la obtención de tetraploides. Se realizaron tres tratamientos con colchicina en plántula, el primero de ellos a una concentración del 0,1% durante 3 h, el segundo a 0,1% durante 24 h y el tercero a 0,2% durante 3 h. Además, se trataron distintos macollos con una concentración de 0,2% por 24 h. Para inferir la ploidía se midió el tamaño de los estomas y de los granos de polen, se analizaron hojas mediante citometría de flujo y se realizaron conteos cromosómicos somáticos mediante tinción de Feulgen. La citometría de flujo y el conteo cromosómico fueron los métodos más contundentes para inferir la ploidía mientras que la medición de los estomas resultó poco práctica en esta especie. Con respecto a la duplicación cromosómica, se observaron individuos mixoploides en el tratamiento a 0,1% durante 3 h. Las plantas de los otros dos tratamientos realizados en plántula presentaron malformaciones morfológicas, pero no duplicación cromosómica. El porcentaje de mortalidad fue mayor en las plántulas expuestas a colchicina durante 24 h. A partir de esta información se están llevando a cabo nuevos ensayos con el fin de obtener individuos tetraploides.

**MV 12****EVALUACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE INTRODUCCIONES DE FESTUCA ALTA NATURALIZADA EN EL CENTRO DE ARGENTINA**

Vega D.J.<sup>1,2</sup>, H. Di Santo<sup>1,2</sup>, N. Bonamico<sup>1,2</sup>, E.A. Castillo<sup>1,2</sup>, L.E. Aguirre<sup>1,2</sup>, F. Meyer<sup>1</sup>, C. Vicente<sup>1</sup>, M. González Levita<sup>1</sup>, M. Petenatti<sup>1</sup>, J. Palermo<sup>1</sup>, A. Ferreira<sup>1,2</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>, E.M. Grassi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, Argentina. jvega@ayv.unrc.edu.ar

Festuca alta es una especie forrajera perenne alohexaploide ( $2n=6x=42$ ), de crecimiento otoño-invierno-primaveral. En Genética de la Universidad Nacional de Río Cuarto se lleva a cabo un programa de mejora de festuca alta a partir de introducciones provenientes de la colecta de poblaciones naturalizadas en diferentes ambientes de la zona central de Argentina. Se evaluaron a campo durante tres años y se seleccionaron 21 genotipos con aptitud para producción de forraje. El objetivo del trabajo fue estudiar el desempeño fenotípico y genotípico (con 15 marcadores SSR) de los genotipos selectos y tres cultivares comerciales. Se realizaron ensayos de medio hermanos a campo durante 2017 y 2018 y se midieron caracteres vegetativos y reproductivos por planta: producción de biomasa seca (BS), altura (AP), diámetro de corona (DC), número de macollos (NM) y hojas (NH), producción de semilla (PS) e índice de cosecha (IC). Se realizaron análisis de componentes principales (ACP), de procrustes generalizados (APG) y de conglomerados (agrupamiento UPGMA). Los ACP permitieron identificar 10 genotipos que se asociaron mejor a los caracteres vegetativos que determinan la producción de forraje (AP, BS, BST, NH y NM). De los 15 SSR, 14 resultaron informativos y reportaron un 80% de polimorfismo. El APG permitió encontrar un alto porcentaje de consenso (76%) entre caracteres fenotípicos y genotípicos. El análisis de conglomerados (correlación cofenética: 0,66) agrupó genotipos de acuerdo a su comportamiento molecular y permitió concluir que dos de ellos, destacados en producción forrajera, presentaron perfiles moleculares diferentes al resto de genotipos y cultivares evaluados.

## MV 13

## PRODUCCIÓN Y ESTABILIDAD EN GENOTIPOS SELECTOS DE *Festuca arundinacea* NATURALIZADA

Di Santo H.<sup>1,2</sup>, D.J. Vega<sup>1,2</sup>, E.A. Castillo<sup>1,2</sup>, L.E. Aguirre<sup>1,2</sup>, A. Ferreira<sup>1,2</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>, M. González Levita<sup>1</sup>, S. Basconsuelo<sup>1</sup>, R. Malpassi<sup>1,2</sup>, J. Gorjon<sup>1,2</sup>, L. Bianco<sup>1,2</sup>, A. Novaira<sup>1</sup>, M.J. Ganun Gorris<sup>1,2</sup>, E.M. Grassi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, Argentina. hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

*Festuca alta* ( $2n=6x=42$ ) posee adecuada producción forrajera y capacidad para sobrevivir a condiciones de estrés por sequía. En Genética, FAV, UN Río Cuarto, se desarrolla un plan de selección a partir de introducciones pertenecientes a poblaciones naturalizadas en la región central subhúmeda semiárida de Argentina, con el objetivo de identificar genotipos superiores en producción forrajera. La evaluación y selección se realizó mediante tres cortes de biomasa seca (BS1, BS2, BS3) por ciclo en un ensayo implantado a campo con DBCA y 4 repeticiones durante tres ciclos productivos (2014-16). Análisis estadísticos previos permitieron verificar interacción genotipo x ambiente e identificar 38 genotipos de comportamiento superior. Con el objetivo de identificar genotipos de alta productividad y estabilidad interanual, se realizaron análisis de interacción genotipo x ambiente (GxA) mediante el modelo de efecto aditivo e interacción multiplicativa (AMMI1) en siete caracteres. Los valores medios  $\pm$  EE fueron 38,84 $\pm$ 1,35 g en BS1, 26,46 $\pm$ 1,20 g en BS2, 30,73 $\pm$ 1,20 g en BS3, 111,02 $\pm$ 5,25 g para biomasa seca total, 18,85 $\pm$ 0,47 para número de macollos, 4,59 $\pm$ 0,13 cm de diámetro de corona y 8,53 $\pm$ 0,21 cm de altura de planta. Se pudieron identificar ocho genotipos de alta productividad y estables en al menos cuatro caracteres. Por otro lado, ocho genotipos presentaron alta productividad en al menos cinco caracteres fenotípicos con escasa estabilidad interanual. Los gráficos generados a partir del modelo AMMI1 permitieron seleccionar los genotipos de mejor desempeño agronómico para la región central subhúmeda semiárida de Argentina.

## Hortalizas / Vegetables

## MV 14

## COMPORTAMIENTO AGRONÓMICO DE DOS LÍNEAS PROMISORIAS DE TOMATE (*Lycopersicon esculentum* Mill.) SANTA ELENA, ECUADOR

Andrade Varela C.<sup>1</sup>, Pozo Pozo W<sup>1</sup>, L. Ramírez López<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Universidad Estatal Península de Santa Elena, Ecuador.  
cloandradevarela@gmail.com

Santa Elena, es considerada una provincia hortícola, pero la presencia de problemas bióticos como la plaga *Prodidiplosis longifila* y abióticos como estrés hídrico y salinidad, constituyen una limitante para la producción de hortalizas. Razón por la cual, se evaluó el comportamiento agronómico de dos líneas promisorias de tomate (tolerantes al estrés hídrico y salinidad) en Río Verde, cantón Santa Elena; con materiales seleccionados, a través del mejoramiento genético de semillas de tomate realizado por el Centro de Investigaciones Agropecuarias (CIAP). Se utilizó un DBCA en arreglo factorial 2x3 (líneas promisorias y productos dirigidos para control de *P. longifila*); para el análisis estadístico se utilizó la prueba de Tukey al 5% de probabilidades. Entre las variables se enfatizaron porcentaje de germinación, altura de plantas (m), días a floración, racimos florales por planta, número de frutos por racimo, días a cosecha, peso de fruto (g), diámetro de frutos (mm), dureza de fruto (kgf/cm<sup>2</sup>), sólidos solubles (°Brix), rendimiento (tn/ha). Los resultados muestran que la línea Upse 78 alcanzó la floración a los 43 días y logró siete frutos por racimo, los mismos que en promedio obtuvieron 5,54 °Brix, con pesos de 139,64 gramos por fruto, dureza de fruto de 5,29 kgf/cm<sup>2</sup>, llegando a producir 86,59 tn/ha, mientras la línea Upse 19 floreció a los 51 días y obtuvo cinco frutos por racimo, los cuales consiguieron 5,21 °Brix, cuyos pesos fueron de 129,78 gramos cada uno, dureza de fruto de 5,37 kgf/cm<sup>2</sup>, y una producción de 56,46 tn/ha.

Secretaría Nacional de Planificación y Desarrollo (SENPLADES), Ecuador



## MV 15

## DETECCIÓN DE QTL DE INTERÉS AGRONÓMICO MEDIANTE MARCADORES INDEL DESARROLLADOS EN BASE A ENFOQUES ÓMICOS EN TOMATE (*Solanum lycopersicum*)

Cacchiarelli P.<sup>1</sup>, E. Tapia<sup>2</sup>, G.R. Pratta<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET/UNR), Argentina; <sup>2</sup>Centro Internacional Franco Argentino de Ciencias de la Información y Sistemas (CIFASIS-CONICET/UNR), Argentina. cacchiarelli@iicar-conicet.gov.ar

Por análisis transcriptómico de la madurez del fruto, se identificó expresión diferencial para 4 sHSP del cromosoma 6 entre cv. Caimanta (C, tomate cultivado) y LA0722 (P, *S. pimpinellifolium*). En base al genoma completo de ambos genotipos, progenitores de numerosas poblaciones de mejoramiento, se desarrollaron marcadores InDel específicos para la región de aproximadamente 17,9 kb en que mapean las sHSP. Estos InDel permitieron diferenciar molecularmente entre C, P y dos líneas recombinantes (RIL1 y RIL18) obtenidas de su cruzamiento. El objetivo fue caracterizar 18 familias  $F_4$  derivadas del híbrido RIL18 x RIL1 con 3 InDel, a fin de detectar QTLs para caracteres de calidad de fruto (peso, diámetro, altura, forma, pH y vida poscosecha) que mostraron variancia genética significativa. Doce plantas de cada familia  $F_4$  se sembraron en invernadero en bloques completamente aleatorizados. Para la detección de QTL, se verificó la distribución normal y se aplicó un ANOVA a dos criterios de clasificación, con Familia y Marcador como fuentes de variación. Se encontraron diferencias significativas entre Familias para todos los caracteres, pero Marcador solo fue significativo para peso, altura y pH con los 3 InDel analizados. Las interacciones Familia x Marcador fueron no significativas en todos los casos. En base a enfoques ómicos, se detectaron QTL robustos para peso, altura y pH del fruto. Adicionalmente, la identificación de polimorfismos estructurales en la secuencia nucleotídica de una región del cromosoma 6 permitió identificar una relación funcional entre la expresión diferencial de cuatro sHSP y la variancia genética significativa para caracteres de calidad.

## MV 16

## ANÁLISIS DE HAPLOTIPOS PARA INTROGRESIONES DE *Solanum pimpinellifolium* LA0722 QUE CONFIEREN LARGA VIDA POSCOSECHA AL TOMATE CULTIVADO

Di Giacomo M.<sup>1</sup>, V. Cambiaso<sup>1,2</sup>, G.R. Rodríguez<sup>1,2</sup>, J.H. Pereira Da Costa<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina. melisa\_dg22@hotmail.com

El tomate (*Solanum lycopersicum*) es un sistema modelo para estudios genéticos de la maduración de frutos. El objetivo fue identificar regiones genómicas que confieren larga vida poscosecha (VP) aportadas por introgresiones silvestres de *S. pimpinellifolium* LA0722 en el tomate cultivado. Se caracterizó fenotípica y molecularmente una colección de 22 líneas casi isogénicas (NILs) desarrolladas mediante retrocruzadas asistidas por marcadores, utilizando la accesión LA0722 como genotipo donante y *S. lycopersicum* cv. Caimanta como recurrente. Se cosecharon 10 frutos de 10 plantas al estado pintón y se midió la VP considerando los días desde la cosecha hasta el primer signo de deterioro y ablandamiento. La caracterización molecular se realizó a partir de 89 marcadores moleculares de tipo SSR e InDel, que se utilizaron para un análisis de coordenadas principales. Se observó que las NILs de alta vida poscosecha agruparon mayoritariamente con marcadores localizados en los cromosomas 4, 5 y 11. Se compararon los haplotipos presentes en estos tres cromosomas mediante análisis no paramétrico *Kruskal Wallis*. Se observó una asociación a VP ( $p < 0,05$ ) para introgresiones silvestres en los tres cromosomas con un efecto positivo sobre este carácter. Se destaca una región de 7,17 Mpb en la parte superior del cromosoma 4 que incrementa la VP en un 70%. Se concluye que las introgresiones provenientes de LA0722 en los cromosomas 4, 5 y 11 prolongan la VP de los frutos en el contexto genético del tomate cultivado.

PID UNR 80020180100119UR; SCTeI Sta. Fe IO2018-00035 Res159/19

## Cultivos Industriales / Industrial Crops

### MV 17

#### PRIORITIZATION OF CANDIDATE GENES IN QTL REGIONS ASSOCIATED WITH BIOENERGY-RELATED TRAITS IN SORGHUM (*Sorghum bicolor*) USING A MACHINE LEARNING ALGORITHM

Federico M.L.<sup>1,2</sup>, M. Carrere Gomez<sup>2,3</sup>, S. Chakrabarty<sup>4</sup>, L. Erazzú<sup>5</sup>, R. Snowdon<sup>4</sup>. <sup>1</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Lab. Biotecnología, EEA Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina; <sup>3</sup> Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Argentina; <sup>4</sup>Plant Breeding Dept., Justus Liebig University, Giessen, Germany; <sup>5</sup>EEA-Famailá, INTA, Tucumán, Argentina. federico.marialaura@inta.gob.ar

Gene prioritization pipelines are designed to rank positional candidate genes (CG) within quantitative trait loci (QTL) and reduce the list of CG that is selected for further in-depth functional analysis. We have designed an integrated approach to prioritize CG in sorghum (*Sorghum bicolor*) combining the use of high-resolution QTL mapping, a machine learning algorithm, sequence analysis of the parental genomes and CG expression profiling. First, we re-mapped QTL associated with 20 different bioenergy-related traits in a recombinant inbred line (RIL) population from a cross between grain (M71) and sweet sorghum (SS79), genotyped using an Affymetrix 90K sorghum single nucleotide polymorphism (SNP) array. Thirty-eight QTL for 16 traits were identified using composite interval mapping; reference genome coordinates were determined for each QTL confidence interval and lists of positional CG generated. Positional CG lists were ranked using a machine learning algorithm, QTG-Finder2. Genomes of the RIL parental lines were re-sequenced in an Illumina NovaSeq 6000 (S4 flow cell, 300 cycles, PE150). Sequencing reads were aligned to the sorghum reference genome, BTx623, and SNPs were called for the parental genotypes. SNP effects on parental allele function were assessed using SNPeff. We also evaluated the tissue-specificity of each of the top 20% CG ranked by QTG-Finder2. Lastly, we generated a prioritized list of positional CG for each of the 38 QTL based on QTG-Finder2 rank, SNP presence/effect between parental alleles and expression profile. Taken together, these results bring us a step closer to finding the causal genes behind these set of bioenergy-associated traits.

### MV 18

#### SELECCIÓN DE LÍNEAS R DE GIRASOL POR SU COMPORTAMIENTO A *Diaporthe helianthi* EN CAPÍTULO

Castañó F.D.<sup>1,2</sup>, M.A. Dinon<sup>1,2</sup>, S.G. Delgado<sup>1,2</sup>, M.R.A. Montoya<sup>2,3</sup>, C.B. Troglia<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Argentina; <sup>2</sup>Unidad Integrada Balcarce (UIB), Argentina; <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. castanio.fernando@inta.gob.ar

El objetivo fue evaluar y seleccionar líneas restauradoras de la fertilidad (R) de girasol, del plan de mejoramiento de la FCA-UNMdP, frente a inoculaciones asistidas con *Diaporthe helianthi* (Dh) en capítulos. Ocho líneas R y dos cultivares (testigos) fueron evaluados en el campo de la UIB durante 2020 y 2021 siguiendo un diseño en bloques, completos, aleatorizados con tres repeticiones. Un disco de 6 mm de diámetro con micelio fue colocado sobre un raspado superficial (1cm<sup>2</sup>) en el dorso de capítulos verde-amarillentos en 4 plantas/parcela. Cada año se empleó un aislamiento distinto. Los capítulos se cubrieron con bolsas Kraft y hubo riego por aspersión. A los 15 días se fotografió el dorso de capítulos cuyos síntomas superaron 1cm<sup>2</sup>. Se obtuvo el área relativa (%) del capítulo con síntomas mediante el software Image-J. Los datos se transformaron al arco-seno  $\sqrt{\%}$ . Los efectos años, genotipos y año-genotipo fueron significativos ( $p < 0,01$ ). La severidad de síntomas en 2020 (15,3%) fue mayor que en 2021 (1,7%), probablemente por diferencias de patogenicidad de Dh y/o las condiciones meteorológicas. La línea R14, con el valor máximo en 2020 (58,1%) y 2021 (3,1%), mostró la mayor alteración de respuesta a través de los años ( $b=2,417$ ). La R16, con el valor promedio 2020/21 mínimo (3,2%), fue poco sensible a dicho cambio ( $b=0,608$ ). Es decir, sus síntomas crecieron menos que proporcionalmente al pasar de un ambiente menos a otro más favorable para la enfermedad. Estos resultados señalan a R16 como la fuente de resistencia a Dh más promisorio a usar en mejoramiento.

UNMdP AGR 609/20; INTA Balcarce

## MV 19

## ESTIMACIÓN DEL NÚMERO DE GENES PARA RESISTENCIA A CANCRO DE TALLO DE SOJA (*Diaporthe phaseolorum* var. *caulivora*) EN POBLACIONES SEGREGANTES

Cuba Amarilla M.M.<sup>1</sup>, A.M. Peruzzo<sup>2</sup>, G.R. Pratta<sup>2</sup>, R.N. Pioli<sup>2</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, IICAR (CONICET-UNR), Argentina. cubaamario@gmail.com

Mediante un análisis mendeliano fue identificado el primer gen de resistencia (R) para cancro de tallo de soja causado por *Diaporthe phaseolorum* var. *caulivora* (CTS-*Dpc*), denominado Rdc1, en una población F<sub>2:3</sub> obtenida a partir del cruzamiento entre un padre resistente (R-P13) y uno susceptible (S-P4). En otro cruzamiento de R-P13 con el padre S-P12, este patrón de herencia mendeliana no fue claro. El objetivo de este trabajo fue estimar por métodos de Genética Cuantitativa el número de genes R (N) presentes en estas dos poblaciones, incluyendo como testigo a un tercer cruzamiento (P9xP16) cuyos padres no portan Rdc1 pero son R a *Diaporthe phaseolorum* var. *meridionalis*. La inoculación de las tres poblaciones en generaciones avanzadas de autofecundación con el aislamiento *Dpc16* se realizó cuando las plantas presentaban las dos primeras hojas trifoliadas totalmente expandidas. Los parámetros Incidencia (I) y Severidad (Sv) se evaluaron a partir de los siete días post-inoculación. N se estimó aplicando la fórmula  $N = a^2 / 2 \cdot VA$ , siendo a el valor genotípico del homocigota y VA, la variancia aditiva. En R-P13xS-P4, N para Sv fue 1 y no pudo ser estimado para I porque VA fue no significativa. En R-P13xS-P12, N fue 0 y 4 para I y Sv, respectivamente, mientras que en P9xP16, N fue 0 para ambos parámetros. La aplicación de una metodología de Genética Cuantitativa permitió: a- validar resultados obtenidos previamente por Genética Mendeliana en R-P13xS-P4, b- determinar que R a CTS-*Dpc* estaría regulada por Rdc1 y otros genes, c- para Sv, estimar con robustez N en dos poblaciones segregantes.

## MV 20

## RELACIONES ENTRE GERMINACIÓN Y ESTADO JUVENIL EN CANOLA Y CEBADA PARA TOLERANCIA A LA SALINIDAD, Y VARIABILIDAD DE LA PROLINA

Di Paolo M.S., H. Fabricius, J. Alberti, M. Sainz, L. Gatti, G. Eyherabide<sup>1</sup>, J. Luquez. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Argentina. mechadipaolo@gmail.com

Es fundamental expandir las fronteras agrícolas debido a que el cambio climático traerá aparejado suelos más salinos, entre otros cambios. En Argentina, la superficie sembrada con canola y especies relacionadas para la obtención de biodiésel de segunda generación, y la de cebada se están incrementando. Se realizaron ensayos en condiciones controladas de salinidad donde se midieron variables relacionadas a la germinación y otras en plantas jóvenes, y se extrajo prolina de hojas y raíces de cinco cultivares de canola y cebada. El objetivo fue observar relaciones entre los estados para la tolerancia a la salinidad (TS), variabilidad entre los cultivares para la TS a través de los caracteres determinados, y el contenido de prolina, y el rol de ésta en la tolerancia. Se detectó variabilidad para contenido de prolina entre cultivares de canola y de cebada. Ésta acumuló más cantidad que canola (0,26 mg/g: Traveller y Scarlett vs. 1,17µg/g: Hyola 830), y ambas mayormente en parte aérea. El cultivar Solar Cl (canola) (1,13µg/g prolina: aéreo y 0,11µg/g: raíz) germinó hasta en 160mM NaCl, presentó los pesos fresco y seco total más altos en germinación y plantas jóvenes, mayor peso fresco de raíz, y floreció en salinidad. Los cultivares de cebada Explorer y Scarlett mostraron TS en germinación y junto al cultivar MP1012 en plantas jóvenes. La TS es de origen genético en algunos cultivares de cebada y canola y la acumulación de prolina en parte aérea estaría involucrada, en tanto que la variabilidad existente permitiría la selección de genotipos tolerantes.

Universidad Nacional de Mar del Plata, AGR 560/18

MV 21

## CARACTERIZACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS PARA MEJORAMIENTO DE MANÍ (*Arachis hypogaea* L.)

Marcellino N.<sup>1</sup>, E.G. Peiretti<sup>1</sup>, C. E. Martinez<sup>1</sup>, C.J. Mójica<sup>1,2</sup>, M.A. Ibañez <sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB), UNRC-CONICET, Argentina. nmarcellino@ayv.unrc.edu.ar

La detección e incorporación de genes a partir de germoplasma con alta variabilidad, constituye una herramienta esencial a la hora del mejoramiento de cultivos. Sin embargo, gran parte de las accesiones disponibles en los bancos de germoplasma permanece solo parcialmente caracterizada, y su utilización es muy limitada. Los objetivos del estudio fueron caracterizar fenotípicamente la colección de maní del Banco de Germoplasma de la FAV-UNRC a partir de múltiples caracteres o descriptores y evaluar el consenso entre los ordenamientos resultantes. Setenta y nueve accesiones de maní se evaluaron para 17 caracteres cuantitativos y ocho cualitativos, durante el ciclo agrícola 2018/19 en Río Cuarto, Argentina. La caracterización se realizó utilizando los descriptores propuestos por el IBPGR-ICRISAT. Los caracteres cuantitativos se examinaron mediante el análisis de componentes principales (ACP), los caracteres cualitativos por medio del análisis de coordenadas principales (ACoorP) y el consenso entre ambos ordenamientos con el análisis de procrustes generalizado (APG). En el ACP las tres primeras componentes explicaron 70% de la variabilidad. Los caracteres que mostraron mayor variación en los CP fueron los descriptores morfológicos de hoja y planta y los descriptores de madurez, fruto y semilla. En el ACoorP las tres primeras coordenadas describieron 67% de la variabilidad, separando a los genotipos en cuatro grupos. El APG indicó un consenso del 74,1% entre los ordenamientos, indicando congruencia entre las configuraciones. El presente estudio confirma la existencia de una amplia variabilidad en la colección de la FAV y destaca su potencialidad como recurso para la mejora del maní.

Secretaría de Ciencia y Técnica, Universidad Nacional de Río Cuarto