

**MV**

**MEJORAMIENTO  
VEGETAL**

**PLANT  
BREEDING**

## MV 1

**EVALUACIÓN DE LA CAPACIDAD DE REGENERACIÓN DIRECTA *IN VITRO* DE MATERIALES DE ALGODÓN *Gossypium hirsutum* L.**

Ledesma R.J., M. Tcach, A. González. UNCAUS-INTA, Chaco, Argentina. E-mail: rociojulietaledesma@gmail.com

Décadas de domesticación intensiva sobre el algodón *Gossypium hirsutum* L., lograron grandes avances productivos, aunque acarrearón una disminución en la variabilidad genética del mismo. El uso de técnicas biotecnológicas como la transformación genética y la edición génica permiten aumentar la diversidad, pero el éxito del proceso depende de la capacidad de regeneración *in vitro* y regeneración de plantas, que, en el caso de algodón, queda limitado a unos pocos materiales de la variedad Coker. El objetivo del trabajo fue evaluar la respuesta a la regeneración directa *in vitro* de tejidos meristemáticos de genotipos de algodón pertenecientes al programa de mejoramiento genético de INTA. Para ello se evaluaron las variedades Guazuncho 4, Porá 3, Guaraní INTA (BG-RR), la línea SP 1331 (tolerante IMI) y el genotipo Coker 312 como testigo. Se usaron ápices embrionarios como explantes y se ensayaron bajo tres protocolos diferentes (Hemphill, Pathi y Tuteja, y Morre), que utilizan distintas concentraciones en el medio de cultivo de reguladores de crecimiento (BAP, IBA y KIN), como característica diferencial en el medio de inducción. Luego de los ensayos de regeneración directa, se obtuvieron plantas enteras, de fenotipo normal para todos los genotipos evaluados, aunque el mayor número de explantes regenerados con raíz se obtuvo para la variedad guaraní INTA (BG-RR), bajo el protocolo de Hemphill. Se obtuvo así, una respuesta dependiente del genotipo según el protocolo utilizado y se observaron múltiples brotes usando el protocolo de Pathi y Tuteja; los materiales de los cuales se obtuvo mayor número de múltiples brotes fueron la variedad Guaraní INTA (BG-RR) y la línea SP 1331 (tolerante IMI).

## MV 2

**EFFECTOS DE LOS RAYOS X EN DOS VARIEDADES DE *Pisum sativum* L.**

García A.N., M.A. Espósito, I. Gatti, V.J. Etchart, F. Lencina, A. Landau. Instituto de Genética, Buenos Aires, Argentina. E-mail: garcia.araceli@inta.gob.ar

La arveja (*Pisum sativum* L.) es una legumbre de invierno; es cultivada principalmente en la Región Pampeana, siendo Argentina el principal productor y exportador de América del Sur. La técnica de mutaciones inducidas permite generar variabilidad requerida en el proceso de mejoramiento genético. Es fundamental establecer la sensibilidad del genotipo y así determinar un rango de dosis. Se evaluaron los efectos de los rayos X sobre un genotipo de arveja de cotiledón verde (Av) y uno de cotiledón amarillo (Aa). Se irradiaron semillas de cada genotipo con 5 dosis. Las dosis fueron 0 Gy, 100 Gy, 150 Gy, 200 Gy, 250 Gy y 300 Gy para Aa y 0 Gy, 200 Gy, 250 Gy, 300 Gy, 350 Gy y 400 Gy para Av. Se usó semilla sin irradiar como control. Se sembraron 50 semillas por dosis con cuatro repeticiones. Se registró el porcentaje de germinación de la semilla irradiada (M1) en cámara húmeda. En invernáculo se sembraron en maceta. Se registró emergencia, altura de la planta, número de nudos/planta, número de vainas/planta, número de semillas/planta, presencia de deficiencias clorofílicas (dcl) y variaciones morfológicas (vm) y supervivencia. El diseño experimental fue en bloques al azar con dos repeticiones. La evaluación se realizó sobre 288 plantas por genotipo. Este estudio demuestra el efecto de los rayos X sobre la altura de la planta, el número de semillas/planta, la supervivencia y presencia de dcl y vm. El resto de las variables no difirieron significativamente (Tukey,  $p < 0.05$ ). Se estableció para ambos genotipos que el rango de dosis de rayos X de 200-250 Gy genera variabilidad sin comprometer el desarrollo de la planta.

**MV 3****GENERACIÓN DE POBLACIONES MUTAGENIZADAS DE MANÍ (*Arachis hypogaea* L.) MEDIANTE RAYOS X**

Etchart V.J., J. Baldessari, I.A. Pérez, J.A. Paredes, A.N. García, F. Lencina, A. Landau. Instituto de Genética, CICVyA, INTA, Buenos Aires, Argentina. E-mail: etchart.valeria@inta.gob.ar

El maní (*Arachis hypogaea* L.) es una leguminosa nativa de Sudamérica. Sus semillas contienen aceite comestible de alta calidad, proteína, carbohidratos, vitaminas, minerales, y fibra. Argentina es el séptimo productor y principal exportador mundial de maní de calidad y aceite. La producción de maní es una economía regional relevante; alrededor del 90% se produce e industrializa en Córdoba, el resto en La Pampa, San Luis, Salta, Jujuy y Buenos Aires. Los programas de mejoramiento desarrollan cultivares según necesidades del productor, industria y consumidor. Es imprescindible contar con variabilidad genética e identificar genotipos que porten alelos deseables, o generarlos si no se encuentran en la naturaleza. La inducción de mutaciones permite obtener nueva variabilidad y amplía posibilidades de identificar variantes útiles. Los objetivos de este trabajo fueron evaluar el efecto de rayos X en dos genotipos comerciales de maní (Granoleico y ASEM 400), seleccionar dosis a utilizar y generar poblaciones  $M_2$  con variabilidad genética incrementada. Se expusieron semillas ( $M_0$ ) de ambos genotipos a cinco dosis de rayos X en un rango entre 100 y 600Gy. Las semillas tratadas ( $M_1$ ) se sembraron en macetas en invernáculo, en diseño en bloques al azar con tres repeticiones, incluyendo un testigo. Se evaluó porcentaje de germinación, emergencia y supervivencia, altura de planta, frecuencia de deficiencias clorofílicas y anomalías morfológicas. Se seleccionaron dosis de 350/450Gy para Granoleico y 250/300Gy para ASEM 400, y se desarrollaron poblaciones  $M_2$  que se evaluarán en la próxima campaña de cultivo.

**MV 4****DIVERGENCIA GENÉTICA VS. HOMOLOGÍA CROMOSÓMICA COMO ESTIMADORES DE VIABILIDAD GAMÉTICA EN HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS  $F_1$  DE *Arachis* L.**

García A.V.<sup>1</sup>, E.M. Moreno<sup>2</sup>, F. De Blas<sup>1</sup>, J.G. Seijo<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Botánica del Nordeste, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: jgseijo@yahoo.com

La viabilidad gamética o del polen es uno de los mejores indicadores de la compatibilidad genómica en híbridos interespecíficos de *Arachis* L. Recientemente, se ha postulado que la estimación de la distancia genética entre las especies parentales podría ser un buen estimador para mejorar la predicción de dicho parámetro. Para testear esta hipótesis, se evaluó la distancia genética interespecífica en relación a la variación en el comportamiento cromosómico y la viabilidad de polen en diferentes combinaciones híbridas. Para ello se estimaron las distancias genéticas de seis especies representantes de los genomas A, B y K de la sección *Arachis* utilizando polimorfismos de nucleótido simple y se analizó la frecuencia de bivalentes en diacinesis y la viabilidad de polen en 13 combinaciones híbridas  $F_1$  intra e intergenómicas. La baja (y negativa) relación observada entre la distancia genética y la frecuencia de bivalentes, así como con la viabilidad de polen, refleja la baja influencia de las diferencias nucleotídicas simples sobre la homología global de los cromosomas, así como también sobre la viabilidad gamética. Por otra parte, la alta (y positiva) correlación entre la frecuencia de bivalentes y la viabilidad de polen indica que la segregación regular dependiente de la homología cromosómica es un factor de mayor peso en la sobrevida gamética. Por lo tanto, la distancia genética no sería un buen estimador para la selección de las mejores combinaciones de especies parentales para obtener híbridos  $F_1$  fértiles de *Arachis*, tal como se propone desde los análisis filogenéticos para la selección.

## MV 5

## APILAMIENTO DE GENES DE RESISTENCIA A TRES ENFERMEDADES DE SOJA MEDIANTE SELECCIÓN ASISTIDA POR MARCADORES MOLECULARES

Rocha C.M.<sup>1</sup>, G. García<sup>1</sup>, E.M. Pardo<sup>1</sup>, M.A. Chiesa<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Instituto de tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones en Ciencia Agrarias de Rosario (IICAR), Santa Fe, Argentina. E-mail: carlirocha32@gmail.com

Las enfermedades Síndrome de la Muerte Súbita (SMS), Cancro del Tallo de la Soja (CTS) y Mancha Ojo de Rana (MOR) afectan significativamente el rendimiento del cultivo de la soja, *Glycine max* (L) Merr. La resistencia genética es el modo más eficiente, seguro, sustentable y económico de control. No existen cultivares comerciales con resistencia a las tres enfermedades simultáneamente. Los marcadores moleculares (MM) microsatélites (SSR) ligados a genes R de interés se pueden utilizar como herramienta para identificar genotipos portadores de dichos genes. A su vez, mediante la selección asistida por MM (SAM), se pueden introgresar estos genes en un único genotipo elite (apilamiento). El objetivo de este trabajo fue apilar genes R/QTLs a través de SAM con MM-SSR ligados a QTLs SMS, *Rdm4* y *Rsc3* de resistencia a SMS, CTS y MOR respectivamente. Para ello se llevó a cabo un genotipificado en el banco de germoplasma de soja de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) y se seleccionaron parentales. Luego se realizaron ciclos de cruzamientos y retrocruzamientos hasta obtener líneas portadoras de QTLs/genos R. Se obtuvieron nueve líneas con distintas combinaciones de QTLs/genos R, de las cuales dos poseen los MM ligados a los QTLs/genos R para las tres enfermedades en un fondo genético de interés. Los resultados obtenidos permitirán avanzar de forma eficiente, rápida y sustentable en el desarrollo de genotipos con características agronómicas mejoradas para tres enfermedades con impacto significativo en el rendimiento de soja en Argentina.

## MV 6

## CONDICIONES DE BOMBARDEO DE PARTÍCULAS CON PROTEÍNA VERDE FLUORESCENTE PARA UNA EFICAZ TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE CEBADA

Gomez Ibarra A.R.<sup>1</sup>, E.D. Souza Canada<sup>1</sup>, G.R. Pratta<sup>1,2</sup>, M.V. Busi<sup>3</sup>, H. Permingeat<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup>IICAR-CONICET, Zavalla, Santa Fe, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, UNR-CEFOBI, Rosario, Santa Fe, Argentina. E-mail: gomezibarra@iicar-conicet.gob.ar

La transgénesis es una herramienta clave en el mejoramiento genético de los cultivos y depende de un conjunto de variables específicas para su éxito. En la biolística, éstas se pueden agrupar como parámetros biológicos y físicos, asociados al explanto, al medio del cultivo *in vitro*, al tipo, tamaño y a la densidad de las partículas de bombardeo, junto con la fuerza propulsora y la distancia al objetivo que determinan la intensidad del impacto de la partícula. Con el objetivo de mejorar la efectividad de esta técnica, se analizó la expresión transiente de la proteína verde fluorescente (GFP) sobre la superficie de escutelos maduros (EM) e inmaduros (EI) del genotipo de cebada Golden Promise. Se bombardearon tres placas conteniendo 20 embriones cada una, sujetos a tratamiento osmótico pre- (4-5 h) y post-bombardeo (16 h) a distintas alturas (3, 6 y 9 cm) y presiones de bombardeo (900 y 1200 psi) con partículas de tungsteno (1,1 µm) recubiertas de un plásmido con el marcador de GFP. En los explantos se constató la expresión génica en forma de puntos fluorescentes mediante microscopía de epifluorescencia. Los EI bombardeados a 900 psi y 6 cm de distancia mostraron el mayor número de puntos fluorescentes en sus células. El análisis de chi cuadrado no detectó diferencias significativas entre presiones, pero si entre EM y EI y distancias para el porcentaje de transformación. En el caso de los EM se evidenciaron considerables valores nulos de expresión en ambas presiones a 9 cm. Estos resultados constituyen un avance importante en la construcción de un protocolo de transformación genética de cebada.

## MV 7

## IDENTIFICACIÓN DE REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A LA RESISTENCIA A LA ROYA ESTRIADA EN UNA POBLACIÓN DE MAPEO POR ASOCIACIÓN DE TRIGO PAN

Polacco A.N.<sup>1</sup>, M.F. Franco<sup>1,2</sup>, P.E. Campos<sup>3</sup>, L.S. Vanzetti<sup>2,4</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Estación Experimental Agropecuaria INTA Bordenave, Bordenave, Argentina; <sup>4</sup>Estación Experimental Agropecuaria INTA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Argentina. E-mail: ainaranoepolacco@gmail.com

La roya estriada causada por *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) es una de las enfermedades más devastadoras del cultivo de trigo que ocasiona reducciones significativas tanto en rendimiento como en calidad. En los últimos años, nuevas razas más virulentas superaron muchos de los genes de resistencia conocidos en el germoplasma de Argentina. Con el fin de identificar nuevas regiones genómicas asociadas a la resistencia a *Pst*, se realizó un estudio de mapeo por asociación (GWAS) en un panel de 245 genotipos de trigos primaverales. El panel fue caracterizado por la severidad del ataque de *Pst* (resistencia de planta adulta -APR-) en ensayos a campo durante dos años y su resistencia o susceptibilidad en plántula en condiciones de invernáculo frente a dos razas prevalentes en Argentina. La población fue genotipificada con 90K SNPs (Illumina), resultando en un set de 22.226 marcadores SNP informativos a lo largo de todo el genoma. Los datos fenotípicos reflejaron que el panel posee suficiente variabilidad genética para la búsqueda de fuentes de resistencia a *Pst*. Se observaron altas correlaciones en los datos fenotípicos entre los años evaluados ( $r=0,82$ ) y una alta heredabilidad para la severidad de la enfermedad ( $H^2=0,89$ ). Mediante GWAS, se identificaron 12 regiones genómicas asociadas a la resistencia a *Pst* ( $LOD > 5$ ): cuatro asociadas a la APR y ocho asociadas a la resistencia de plántula. El porcentaje de variación fenotípica explicado varió entre 2% y 32,6%. Estos resultados constituyen un avance promisorio en la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia a la enfermedad.

## MV 8

## REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS CON RESISTENCIA A LA ACUMULACIÓN DE DEOXINIVALENOL POR *Fusarium graminearum* Schwabe EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL DE TRIGO PAN

Franco M.F.<sup>1,2</sup>, I. Malbrán<sup>2,3</sup>, M.P. Alonso<sup>2</sup>, J.S. Panelo<sup>4</sup>, G.A. Lori<sup>2,5</sup>, A.C. Pontaroli<sup>2,6</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Balcarce, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Department of Agronomy, Iowa State University, Ames, Iowa, EEUU; <sup>5</sup>Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires (CIC), La Plata, Argentina; <sup>6</sup>Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Balcarce, Argentina. E-mail: franco.fiorella@inta.gob.ar

La Fusariosis de la espiga de trigo, causada por *Fusarium graminearum* Schwabe, es una enfermedad destructiva que ocasiona disminución del rendimiento y de la calidad, y también provoca severas contaminaciones por micotoxinas como el deoxinivalenol (DON) en los granos infectados. La obtención de variedades con mayor resistencia juega un rol clave en el manejo integrado de la enfermedad y la prevención de la contaminación de los granos. A fin de identificar regiones genómicas asociadas con la resistencia a la acumulación de DON, se realizó un mapeo de QTL en una población biparental de 80 RILs derivadas del cruzamiento Baguette 10/Klein Chajá. La enfermedad fue inducida en la población mediante inoculación controlada en ensayos de campo durante 2016 y 2017. El contenido de DON fue cuantificado a partir de grano molido mediante un ensayo de inmunoabsorción ligado a enzimas (ELISA). Las RILs fueron genotipificadas con un chip de 35K SNP. Se construyó un mapa de ligamiento con 857 marcadores y se realizó un mapeo por intervalo compuesto. Los datos fenotípicos reflejaron que la población posee suficiente variabilidad para la búsqueda de fuentes de resistencia. La heredabilidad del carácter fue 0,62. Se detectaron dos QTL asociados con la resistencia a la acumulación de DON en los cromosomas 4A y 5A, que explicaron en conjunto 29% de la variación fenotípica. No se detectó interacción QTL por ambiente ( $p < 0,01$ ) ni entre QTL ( $p < 0,01$ ). Estos resultados constituyen un avance promisorio para el mejoramiento por resistencia a la acumulación de DON por *F. graminearum*.

## MV 9

## GENES DE INTERÉS AGRONÓMICO BAJO PRESIÓN DE SELECCIÓN EN TRIGOS DE ARGENTINA

Garis S.B.<sup>1</sup>, D. Gomez<sup>1</sup>, G. Donaire<sup>1</sup>, L.S. Vanzetti<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>EEA INTA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina. E-mail: solbgaris@gmail.com

El trigo pan (*Triticum aestivum* L.) es el cereal invernal más importante de Argentina a nivel comercial y nutricional. Cambios en la frecuencia alélica (FA) de genes de importancia agronómica evidencian presión de selección al mejorar la adaptación y el rendimiento potencial en ambientes locales. En este trabajo se evaluó mediante marcadores moleculares la frecuencia alélica de tres genes de importancia agronómica, *GNI-A1*, *Ppd-1* y *Vrn-1*, en una colección de 190 variedades de diferentes criaderos comerciales entre 1930 y 2021. Para el gen *GNI-A1*, relacionado con fertilidad de espiga, se observó que a través de los años aumentó la FA asociada a la alta fertilidad de espiga (105Y = 35 al 59%). En cuanto a la FA para los genes relacionados con la vernalización, se observó un incremento en las combinaciones alélicas que promueven genotipos con moderados y altos requerimientos de frío o “invernales” para *Vrn-1*, respecto de genotipos “primaverales” (0 al 25% vs. 100 al 75%, respectivamente). Por otro lado, se observaron aumentos en las FA para bajos requerimientos fotoperiódicos o “insensibles” a *Ppd-1*, respecto de las combinaciones de altos requerimientos fotoperiódicos o “sensibles” (63 al 88% vs. 38 al 12% respectivamente). Estos datos sugieren una presión de selección en genes relacionados con algunos componentes de rendimiento como fertilidad de espiga (*GNI-A1*) y genes relacionados con la definición del ciclo o adaptación del cultivo (*Vrn-1* y *Ppd-1*), que modifica los ideotipos en trigos de Argentina.

## MV 10

CARACTERIZACIÓN DEL GEN  $\omega$ -6 LÍPIDO DESATURASA (*FAD2*) EN TRIGO CANDEAL Y ESTUDIO DE SU EXPRESIÓN FRENTE A BAJAS TEMPERATURAS

Cuppari S.Y.<sup>1</sup>, A.D. Carrera<sup>1,2</sup>, M.L. Díaz<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Dpto. Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina; <sup>2</sup>Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Argentina; <sup>3</sup>Dpto. Biología Bioquímica y Farmacia, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Argentina. E-mail: selva.cuppari@uns.edu.ar

El frío provoca daños en las membranas celulares de las plantas afectando su integridad y función. Las desaturasas introducen dobles enlaces en los ácidos grasos de las membranas provocando variaciones en su fluidez atenuando los efectos por bajas temperaturas. La enzima *FAD2* ( $\omega$ -6 lípido desaturasa) participa en esta respuesta convirtiendo el ácido oleico (C18:1) en linoleico (C18:2). *Triticum turgidum* ssp. *durum* L. o trigo candeal, es un trigo alotetraploide cultivado principalmente en el sur de la Prov. de Bs. As, y se encuentra expuesto a heladas durante su cultivo. El objetivo fue caracterizar el locus *FAD2* y analizar su expresión, mediante qRT-PCR, a 4<sup>o</sup> C durante 24, 72 y 144 h en tres genotipos de trigo candeal, dos primaverales (P) y uno invernal. Mediante mapeo sobre el genoma de referencia del cv. Svevo, se identificaron cuatro copias del gen localizadas en los cromosomas 6A y 6B, dos de las cuales son pseudogenes y una posee un retrotransposon. *FAD2* presenta una longitud de 1.200 pb y no contiene intrones. Los % de identidad entre homeólogos sugieren un evento de inversión en el genoma B, en la región donde mapean las copias. En su promotor se identificaron sitios de unión a factores de transcripción relacionados con estrés abiótico, como AP2/ERF, bHLH y MyB. La expresión de *FAD2* se vio incrementada significativamente a las 24 h en los P, y a las 144 h en los tres genotipos. Se concluye que: a) en la evolución del locus *FAD2* de trigo ocurrieron duplicaciones y rearrreglos, b) el frío induce la expresión de *FAD2* en trigos primaverales e invernales, aunque con diferencias en la respuesta.

## MV 11

## DETECCIÓN DE REGIONES GENÓMICAS ASOCIADAS A RENDIMIENTO EN CONDICIONES DE ESTRÉS HÍDRICO MEDIANTE MAPEO POR ASOCIACIÓN EN *Triticum aestivum* L.

Schumacher G.<sup>1,2</sup>, G. González<sup>1</sup>, A. Carrera<sup>3,4</sup>, F. Giménez<sup>1</sup>, A. González<sup>1</sup>, M. Balmaceda<sup>5,6</sup>, M. Ruiz<sup>7</sup>, S. Páez<sup>6</sup>, D. Gómez<sup>8</sup>, L.S. Vanzetti<sup>8,2</sup>. <sup>1</sup>EEA INTA Bordenave, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Concejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; <sup>3</sup>Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Centro de Recursos Naturales de la Zona Semiárida (CERZOS-CONICET), Buenos Aires, Argentina; <sup>5</sup>UNSJ-CONICET, San Juan, Argentina; <sup>6</sup>EEA INTA San Juan, Argentina; <sup>7</sup>Ing. Agronómica, Unidad Integrada INTA-UNSJ, San Juan, Argentina; <sup>8</sup>EEA INTA Marcos Juárez, Córdoba, Argentina. E-mail: schumacher.gustavo@inta.gob.ar

Elestrés hídrico es uno de los principales determinantes de las pérdidas de rendimiento en los cultivos. Los estudios de asociación de genoma completo (GWAS) permiten identificar relaciones marcador-carácter y conocer la arquitectura de rasgos complejos. En este trabajo se realizó un GWAS utilizando un panel de 287 trigos primaverales provenientes de CIMMYT (WAMI), genotificados con 90K SNPs. El panel fue evaluado para rendimiento en ensayos a campo, con dos tratamientos (TRAT), control (riego) y estrés (déficit hídrico), en la localidad de Bordenave, Bs. As. (BVE) y solamente condición de estrés en la localidad de Pocito, San Juan (PO). Los experimentos se realizaron durante 2021 bajo un diseño experimental aumentado sin repeticiones. El rendimiento promedio de BVE-control fue de 5,306,51 ± 705,04 kg/ha, BVE-estrés fue de 2.777,78 ± 618,47 kg/ha y PO-estrés fue de 1.756 ± 446,03 kg/ha, alcanzándose un nivel de estrés alto en BVE y muy alto en PO. Mediante GWAS se detectaron cinco SNPs asociados con rendimiento (FDR < 0,05) en los cromosomas 1B, 2A, 2D, 3A y 5D. En todos los casos se observó un efecto significativo del SNP ( $p < 0,05$ ) sobre el promedio de rendimiento, mostrando un efecto entre un 1,9 y 26,8% según el marcador identificado. También se observó un efecto altamente significativo de la interacción SNP x TRAT ( $p < 0,001$ ) en todos los casos, sugiriendo un efecto diferencial de estas regiones en condiciones de estrés hídrico. Como conclusión se resalta que en la población WAMI existen regiones genómicas detectables que modifican el rendimiento bajo condiciones hídricas contrastantes.

## MV 12

## OPTIMIZACIÓN DE LA CANTIDAD DE AÑOS, LOCALIDADES Y REPETICIONES PARA LA EVALUACIÓN DE LA CALIDAD DE CULTIVARES COMERCIALES DE TRIGO PAN EN ARGENTINA

Mójica C.J.<sup>1,2</sup>, P.E. Abbate<sup>3</sup>, E.A. Rossi<sup>2</sup>, N.C. Bonamico<sup>2</sup>, M.G. Balzarini<sup>4,5</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Escuela para Graduados, Universidad Nacional de Córdoba, (FONCYT-UNC), Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Argentina; <sup>3</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA Balcarce), Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Estadística y Biometría, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; <sup>5</sup>UFyMA, INTA-CONICET, Argentina. E-mail: jmojica@ayv.unrc.edu.ar

La selección de cultivares superiores requiere optimizar la generación de la base de datos sobre la cual se realizará el análisis comparativo de cultivares. El objetivo del presente trabajo fue determinar la cantidad mínima de años, localidades y repeticiones necesarias para la evaluación de la calidad en la Red de evaluación de cultivares comerciales de trigo pan de Argentina (RET-INASE). Durante el periodo 2014-2019, se evaluaron 131 cultivares comerciales de trigo pan, en 10 localidades de la región triguera argentina. Las variables analizadas fueron peso hectolítrico (PH), concentración de proteína del grano (PROT), concentración de gluten húmedo (GH), W alveográfico (W), volumen de pan (VOL), estabilidad farinográfica (EF), rendimiento de harina (RH) y contenido de cenizas (CEN). Se calcularon componentes de varianza que fueron usadas para determinar el mínimo número de años de evaluación para obtener una estimación precisa de la calidad, a través de curvas de operación ( $\beta > 0,9$ ). También se estimó el número de localidades y repeticiones dentro de los ensayos requeridos para obtener un valor de repetibilidad de 0,75. Los resultados indican que para GH, PROT y CEN se requieren al menos tres años de evaluación en una sola localidad, cuatro para W y más de cinco para PH, VOL, EF y RH. Tres localidades en un año son necesarias para GH, W, CEN, VOL y RH, y cuatro o más para PH, PROT y EF. Dos repeticiones por ensayo son suficientes, excepto para PROT y VOL que precisan tres y CEN cuatro repeticiones. Estos resultados permiten optimizar la evaluación de la calidad de trigo pan en Argentina.

## MV 13

## USO DE UN ÍNDICE DE SELECCIÓN EN GIRASOL POR SU NIVEL DE RESISTENCIA PARCIAL A LA PODREDUMBRE BLANCA DE LOS CAPÍTULOS

Rosas M.L.<sup>1,3</sup>, M.A. Dinon<sup>1,3</sup>, S.G. Delgado<sup>1,3</sup>, F.D. Castaño<sup>1,3</sup>, C.B. Troglia<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias-UNMdP, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Estacion Experimental Agropecuaria Balcarce-INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Unidad Integrada Balcarce (EEA Balcarce, INTA- FCA-UNMdP), Buenos Aires, Argentina. E-mail: maria\_lionela@hotmail.com

En girasol, el uso de un índice de selección (IdS) mejoraría los componentes resistencia parcial a *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary en simultáneo. El objetivo fue detectar la ponderación del IdS con la mayor respuesta a la resistencia combinada en capítulos. En Balcarce se evaluaron 13 líneas (cinco hembras-A y ocho machos-R) y 28 F<sub>1</sub> de un factorial 4-A x 7-R. Se realizó un DBCA con dos repeticiones. Se incluyó además un híbrido comercial (T). Los capítulos se asperjaron con una suspensión acuosa con 3.500 ascosporas del hongo, según un protocolo francés. En los capítulos enfermos, se obtuvo: 1) PIR, días entre inoculación-primer síntoma, relativo a T, 2) CLR, coeficiente de regresión lineal simple (b) del avance de la severidad entre primer síntoma-severidad máxima, relativo a T. Se estimó una media por parcela (PIRmp, CLRmp) y el IdS usando como sumandos a PIRmp y CLRmp, previamente ponderados según: 75-25%, 50-50% y 25-75%. Se obtuvieron nueve IdS a partir de la combinación de estas transformaciones: 1/PIRmp, 1/CLRmp y [-CLRmp]. Con el ANAVA se detectaron efectos ( $\alpha=0,01$ ) de líneas y F<sub>1</sub> para PIR, CLR y los nueve IdS. Para cada IdS se calculó la regresión lineal ( $b_{F_1-pm}$ ) del IdS de la F<sub>1</sub> sobre el IdS promedio parental. Todos los  $b_{F_1-pm}$  difirieron de cero ( $\alpha=0,05$ ), salvo el de la ponderación (25xPIR)+(75x1/CLR). El  $b_{F_1-pm}$  máximo (1,31) fue para el IdS7 [(75x1/PIR)+(25xCLR)] que indicó la respuesta máxima de las F<sub>1</sub> respecto de sus padres. Ensayos adicionales permitirán cuantificar la IGA y otras ponderaciones del IdS. El uso del IdS7 provocaría el mayor progreso de la resistencia simultánea (PIR+CLR) por ciclo de selección.

## MV 14

## ENTRENAMIENTO DE UN ALGORITMO DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO PARA LA PRIORIZACIÓN DE GENES CANDIDATOS EN MAÍZ (*Zea mays* L.)

Prodan E.N.<sup>1,2</sup>, A. Baricalla<sup>1,3,4</sup>, M.L. Federico<sup>2,4</sup>. <sup>1</sup>UNNOBA, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Lab. de Biotecnología, EEA-Pergamino, INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>CITNOBA, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: prodanevelyn@gmail.com

El mapeo de *loci* de caracteres cuantitativos (QTL) es uno de los métodos más utilizados para estudiar las bases genéticas detrás de fenotipos de interés agronómico. Cada QTL puede contener cientos de genes candidatos (GC) posicionales dificultando la identificación de genes causales mediante estudios funcionales. Afortunadamente, el avance de la inteligencia artificial permite implementar algoritmos de aprendizaje automático para priorizar los GC asociados a QTL. El presente trabajo tuvo como objetivo entrenar un algoritmo de aprendizaje automático, *QTG-Finder*, para la priorización de GC en maíz y evaluar su eficacia en QTL cuyos genes causales han sido determinados empíricamente. Para entrenar el algoritmo se compiló información de 39.756 genes utilizando la versión Zm-B73-REFERENCE-NAM-5.0 como genoma de referencia. Las características compiladas incluyeron la anotación funcional de los genes, presencia y efectos de polimorfismos, existencia de genes parálogos y causalidad. Se utilizaron dos sets de entrenamiento diferentes. El primer set incorporó información funcional de 111 genes de maíz con probado efecto en el fenotipo. El segundo set incorporó además información funcional proveniente de otras cuatro especies vegetales vía ortología, elevando el número de genes causales a 252. Si bien ambos modelos predictivos presentaron curvas de AUC-ROC promedio similares, el segundo modelo fue más eficaz durante el proceso de validación. Este modelo priorizó el gen causal conocido dentro del top 20% de GC en cinco de 10 QTL validados, mientras que el primero lo hizo en solo tres de 10 QTL.

## MV 15

## INTERACCIÓN GENOTIPO × AMBIENTE EN LÍNEAS DE MAÍZ EVALUADAS FRENTE A BACTERIOSIS EN LA REGIÓN SUR DE CÓRDOBA, ARGENTINA

Ruiz M.<sup>1,2</sup>, E.A. Rossi<sup>1,2</sup>, N.C. Bonamico<sup>1,2</sup>, M.G. Balzarini<sup>3,4</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina;

<sup>2</sup>INIAB (CONICET-UNRC), Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Universidad

Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; <sup>4</sup>UFYMA (INTA-

CONICET), Córdoba, Argentina. E-mail: mruiz@ayv.unrc.edu.ar

La bacteriosis es una enfermedad emergente en el cultivo de maíz en Argentina. La expresión fenotípica de un genotipo está constituida por componentes genotípicos (G), ambientales (E) y de interacción GE. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la interacción GE en una población diversa de líneas endocriadas de maíz para identificar genotipos resistentes a *Xanthomonas vasicola* pv. *vasculorum*. Se establecieron cinco ensayos en el sur de Córdoba, Argentina, usando 200 genotipos de maíz provenientes del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo en bloques parcialmente repetidos. La severidad de enfermedad (SEV) se expresó como el promedio del valor asignado a cada planta en la parcela utilizando una escala de síntomas de cinco grados. La SEV se analizó mediante el modelo de regresión por sitio y los efectos de genotipo e interacción GE se visualizaron con un gráfico GGE biplot. El 5% de las líneas presentaron ataques bacterianos con SEV que no superó el 20% del máximo de la escala. Desde el GGE biplot se identificaron tres líneas resistentes a través de ambientes, las cuales podrían ser usadas en programas locales de mejoramiento genético de maíz para incrementar la resistencia a bacteriosis.

## MV 16

## IMPACTO DE LA SELECCIÓN DE MARCADORES EN LA PRECISIÓN DE LA PREDICCIÓN GENÓMICA PARA LA RESISTENCIA A LA ENFERMEDAD MAL DE RÍO CUARTO EN MAÍZ

Rossi E.A.<sup>1,2</sup>, M. Ruiz<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), Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Fac. Agronomía y Veterinaria,

Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina;

<sup>3</sup>Estadística y Biometría, Fac. Cs. Agropecuarias, Universidad

Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina; <sup>4</sup>Unidad de

Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET-

INTA), Córdoba, Argentina. E-mail: erossi@ayv.unrc.edu.ar

La resistencia a la enfermedad viral Mal de Río Cuarto (MRC) en maíz es un carácter de herencia cuantitativa. Otros caracteres de herencia compleja han mostrado una respuesta positiva en la precisión de la predicción genómica cuando se realiza previamente selección de marcadores. El objetivo del presente trabajo fue evaluar el impacto de la selección de marcadores en la precisión de la predicción genómica para la resistencia a MRC. Se realizó un estudio de mapeo por asociación (GWAS) para identificar SNPs asociados a regiones genómicas de resistencia a MRC en un panel diverso de 160 líneas de maíz. Los datos fenotípicos provinieron de cinco ambientes del área donde la enfermedad MRC es endémica. En cada ambiente se evaluaron todas las líneas con un diseño parcialmente repetido y se estimó el índice de severidad de la enfermedad (ISE). Luego se construyeron modelos de predicción genómica mediante la metodología GBLUP bajo diferentes escenarios respecto a la cantidad de marcadores incluidos en el modelo (78.376 SNPs, 10.000 o 100 SNPs seleccionados al azar y 37 SNPs seleccionados por GWAS). La precisión de la predicción genómica se estimó mediante un esquema de validación cruzada con 100 repeticiones, 80% de genotipos para la población de entrenamiento y 20% para la población de testeo. La precisión de la predicción fue de 0,28, 0,30 y 0,18 en los modelos con todos los SNPs, 10.000 y 100 SNPs, respectivamente. Mientras que en el modelo con los 37 SNPs seleccionados por GWAS, la precisión de la predicción fue de 0,75. Los resultados muestran que la selección de marcadores por GWAS, incrementó la precisión de la predicción genómica para identificar los genotipos con mayor mérito genético respecto al ISE de MRC.

**MV 17****RESPUESTAS A ÍNDICES DE SELECCIÓN PARA RENDIMIENTO EN GRANO DE MAÍZ EMPLEANDO CARACTERES SECUNDARIOS ASOCIADOS A LA EFICIENCIA EN LA CAPTURA DE LUZ**

Troia P., L.G. Molins, M.L. Farace, E. Mroginski, R.T. Boca, G.H. Eyherabide. UNNOBA, Buenos Aires. Argentina. E-mail: ptroia@comunidad.unnoba.edu.ar

En la selección basada en índices pueden emplearse variables secundarias que podrían incrementar la respuesta. En este trabajo se compararon las respuestas esperables para rendimiento de grano (REND) en maíz utilizando rasgos productivos y asociados a la eficiencia en la captura de luz a un índice de Smith-Hazel, con la respuesta directa a la selección por REND. Se utilizaron datos morfo-fisiológicos de una colección de RILs (líneas recombinantes endocriadas) del cruzamiento entre dos líneas de maíz contrastantes para caracteres productivos y asociados a la captura de luz. Se estudió el patrón de correlaciones entre REND y estos caracteres como guía en la elección de tales caracteres. En el análisis de sendero, el número de granos por planta (NGP) fue el carácter que presentó el mayor efecto directo con REND. Los mayores efectos indirectos correspondieron a biomasa aérea (BIO), índice de cosecha (IC), radiación fotosintética activa incidente (PAR), longitud de entrenudos (LEN), longitud de hoja (LH), altura de planta (AP) e índice de área foliar (IAF). Los índices con los caracteres secundarios PAR y con LEN, aventajaron en un 103% y 61%, respectivamente, a la respuesta directa por REND. La mayor y menor coincidencia en los genotipos seleccionados tomando como referencia a la selección directa para REND ocurrió con los índices con LEN y PAR, respectivamente. Los resultados revelan la ventaja de mejorar la respuesta a la selección para REND empleando un índice clásico que incorpora ciertos caracteres secundarios asociados a la captura de luz.

**MV 18****BASES MOLECULARES DE LA TOLERANCIA A BAJAS TEMPERATURAS DURANTE LA GERMINACIÓN EN UN POBLACIÓN F<sub>2:4</sub> DE MAÍZ**

Mroginski E.<sup>1,2</sup>, G.H. Eyherabide<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Mejoramiento de Maíz, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - EEA Pergamino, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Escuela de Ciencias Agrarias Naturales y Ambientales, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina. E-mail: mroginski.erika@inta.gov.ar

Con el fin de caracterizar la naturaleza genética de la tolerancia al frío durante la germinación del maíz en germoplasma argentino, se realizó un análisis de QTLs empleando una población segregante F<sub>2:4</sub>. La misma fue desarrollada a partir del cruzamiento de las líneas endocriadas LP3830 y LP179 (tolerante y resistente al frío, respectivamente) y genotificada con 133 marcadores microsatélites dispersos en todos los cromosomas. Las familias F<sub>2:4</sub> fueron sometidas a un tratamiento de incubación en frío, que consistió en la siembra a 8° C en oscuridad, aumentando la temperatura cada 7 días a 9° C, 10° C, 13° C y finalmente 14° C. Se evaluó: porcentaje de germinación a los 21 días (G21d), tiempo medio de germinación (IG), peso seco de la parte aérea y de las raíces (PSPA, PSR), longitud de la parte aérea (LPA), de la radícula (Lrad) y del sistema radicular por plántula (LR) al finalizar el experimento. El Mapeo de QTL por Intervalos Múltiples permitió identificar 7, 5, 6, 9, 6, 3 y 5 QTLs para G21d, IG, PSPA, PSR, LPA, Lrad y LR, respectivamente. El porcentaje de varianza fenotípica explicado por los QTLs individuales varió entre 1,1 y 29,2%. Se detectaron nueve interacciones entre QTLs que contribuyeron a explicar la variabilidad observada con un 0,5 y 4,9%. Algunas de las regiones detectadas coinciden con las reportadas en trabajos previos. Se destaca una región localizada en el cromosoma 10, cerca del marcador bnlg1451, no citada por la literatura. Estos datos aportan información valiosa sobre las regiones cromosómicas asociadas con la tolerancia a bajas temperaturas durante la germinación del maíz en germoplasma argentino.

## MV 19

## DETERMINACIÓN DE CARACTERÍSTICAS AGRONÓMICAS Y QUÍMICAS DE HÍBRIDOS DE MAÍZ (*Zea mays ssp. mays* L.) CON VALOR MEJORADO

Corcuera V.R.<sup>1,2,3</sup>, S. Giménez<sup>2</sup>, M.D. García<sup>3,4</sup>. <sup>1</sup>Comisión de Investigaciones Científicas, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>IIPAAS FCA-UNLZ, Llavallol, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral, Esperanza, Santa Fe, Argentina. E-mail: vrcorcuera@gmail.com

El concepto de valor mejorado refiere a commodities con calidad diferencial del grano debida a características genéticas. Durante la campaña 2021/22 en Llavallol (Prov. de Bs. As.) se ensayaron treinta híbridos experimentales de maíz con alelos nulos de *o2*, *wx* y *ae*. El objetivo fue evaluar sus características agronómicas mediante descriptores recomendados por la UPOV. Aplicando el algoritmo UPGMA se realizó un análisis de conglomerados y con las distancias Euclídeas se determinó el grado de disimilitud entre genotipos. Se utilizó infrarrojo cercano para calcular % de proteína, almidón, aceite y densidad del grano entero. El % de lisina se estimó mediante espectrofotometría y el perfil de ácidos grasos de trece híbridos fue analizado mediante cromatografía gaseosa. Veinte híbridos resultaron precoces a floración femenina. La altura de planta fluctuó entre 170,3-203,2 cm; el número de hojas varió entre 11-14 y el diámetro de tallo entre 1,0-2,3 cm. Los híbridos tuvieron muy buena exersión de la panoja, ramificaciones primarias de porte erecto y anteras amarillas. El análisis de conglomerados evidenció que el tipo de grano, índice de prolificidad y tiempo térmico a R1 son los principales determinantes de la asociación. Catorce híbridos presentaron >6,0% aceite, pero tres se destacaron por tener un %  $\geq 7,0$ . Seis híbridos sintetizaron >12,0% proteína y el contenido medio de almidón fue 69,5 $\pm$ 0,9%. Nueve híbridos fueron de alta calidad proteica por tener >2,7% lisina. Los aceites extraídos de los híbridos ensayados presentaron una relación entre ácidos grasos poliinsaturados y saturados mayor a 1 lo cual permite aseverar que su consumo resultaría beneficioso.

## MV 20

## HETEROSIS PARA PRODUCCIÓN DE FORRAJE EN UN HÍBRIDO PERENNE, F<sub>1</sub> *Zea perennis* (Hitchc.) Reeves & Mangelsd. X *Zea mays* L., DE MULTIPLICACIÓN AGÁMICA

Rimieri P.<sup>1</sup>, C.I. Defacio<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Ex Investigador INTA, Asesor Científico; <sup>2</sup>Ex INTA, Técnico agrónomo, Pergamino, Bs. As, Argentina. E-mail: primieri730@gmail.com

La F<sub>1</sub> de híbridos *Zea perennis* (*Zp*) n=20 x *Z. mays* (*Zm*) n=10 está descripta como perenne, de gran vigor, prolífica, con muchos tallos similares a *Zp*, más vigorosos y altos, con rizomas definidos y esterilidad por el comportamiento meiótico (5 mono-, 5 bi- y 5 trivalentes). La heterosis para producción de forraje, junto a la esterilidad, delimitaron a la F<sub>1</sub> para multiplicación agámica. En este trabajo se describe un nuevo híbrido F<sub>1</sub>, genotipo *Zpxm114*, obtenido en 2014 en Pergamino, con germoplasma de *Zp* como ♀ y *Zm* macollador como ♂, evaluado como planta forrajera en Yacanto-San Javier (Córdoba) y Quines (San Luis), para determinar vigor, producción, adaptación, persistencia y manejo agronómico, en suelos con limitantes para *Zm* o uso agrícola. Macollos de *Zpxm114* fueron implantados en 2018 y 2019 y evaluados en 2019/2021 (cuatro épocas de implantación, tres evaluaciones por año según fenología). Todas las plantas (cuatro épocas en nueve evaluaciones), se adaptaron y produjeron forraje y nuevos macollos (sin heladas severas) y requirieron régimen pluviométrico  $\geq 550$  mm o riego suplementario. La heterosis de *Zpxm114* se observó en la producción de forraje en encañazón y floración, aun en condiciones limitantes. Produjo 4.450  $\pm$  1.340 kgMSha<sup>-1</sup> (promedio general) y 7.700 kg como rendimiento potencial. Acumuló azúcares (CHNE) en tallos estériles y fue fenológicamente de días cortos. El vigor híbrido se expresó también en el número de macollos y altura, con 22 macollos promedio, matas (rizomas definidos) de hasta 50 macollos y 2,25 m de altura, según suelos y agua disponible, con adaptación y persistencia.

## MV 21

## RESECUENCIACIÓN DE GENOMAS DE SORGO (*Sorghum bicolor* L.): POLIMORFISMOS Y SU IMPACTO FUNCIONAL EN LA ACUMULACIÓN DE AZÚCARES Y PRODUCCIÓN DE BIOMASA

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

Cientos de mapeos de loci de caracteres cuantitativos (QTL) han sido realizados en sorgo (*Sorghum bicolor* L.) con muy pocos genes causales identificados y validados. Este trabajo parte de un mapeo de QTL de alta resolución en una población de líneas recombinantes endocriadas (RILs) obtenidas cruzando un sorgo granífero (M71) con uno dulce (SS79), en el que se identificaron 38 QTLs asociados a la acumulación de azúcar y producción de biomasa y un total de 3.174 genes candidatos (GC) posicionales. A fin de identificar polimorfismos entre los genomas parentales de la población, se realizó una resecuenciación en un Illumina Novaseq 6000 (celda de flujo S4, 300 ciclos, PE150). Usando BTx623 v3.1 como genoma de referencia se identificaron SNPs e InDels utilizando SNIppy3.1, detectándose un total de 109.579 polimorfismos entre M71 y SS79 en los 38 QTLs. El impacto funcional de los polimorfismos sobre la función de los alelos parentales en los GC posicionales se evaluó utilizando SNPeff (151 GC con impacto alto, 754 moderado, 2.418 modificante y 701 bajo). De especial interés resultan aquellos alelos portadores de polimorfismos con impacto funcional alto que puedan explicar parte del contraste fenotípico observado entre los parentales. Por ejemplo, el gen *ma1* en M71 presenta una delección en el exón 1 que modifica el marco de lectura y trunca la proteína codificada. Este reconocido inhibidor de la floración colocaliza con un QTL de altura y producción de biomasa. Un análisis detallado de polimorfismos/ impactos nos permitió priorizar una lista de GC para futuras evaluaciones funcionales.

## MV 22

## ACUMULACIÓN DE PROLINA EN GENOTIPOS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp.) EN RESPUESTA A CONDICIONES DE ESTRÉS HÍDRICO

Mójica C.J.<sup>1,2</sup>, E.G. Peiretti<sup>1</sup>, N. Marcellino<sup>1,2</sup>, A.L. Furlan<sup>2,3</sup>, M.A. Ibañez<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto, Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: jmojica@ayv.unrc.edu.ar

La prolina es un aminoácido que se acumula en muchas especies vegetales y actúa como osmoprotector frente a condiciones de estrés biótico o abiótico. Este estudio tuvo por objeto caracterizar la acumulación de prolina en amaranto en respuesta al déficit hídrico. En un diseño simple al azar se evaluaron ocho genotipos de amaranto granífero desarrollados en la FAV-UNRC (tres cultivares y cinco líneas avanzadas), junto a un cultivar de sorgo y una maleza (*Amaranthus palmeri* S. Wats.), en carácter de testigos tolerantes a sequía, y a un híbrido de maíz, como testigo poco tolerante. El contenido de prolina se determinó tanto en hojas como en raíz, durante el período crítico de cada cultivo y bajo dos condiciones hídricas: capacidad de campo y estrés hídrico. El análisis mediante modelos lineales mixtos mostró interacción genotipo\*condición hídrica\*órganosignificativa ( $p < 0,05$ ). Las medias ajustadas se analizaron mediante el biplot GGE. La mayor acumulación promedio de prolina se detectó en hojas de sorgo y de *A. palmeri*, seguidos por los tres cultivares y dos líneas avanzadas de amaranto. A nivel de raíces, la mayor cantidad de prolina se cuantificó en maíz, *A. palmeri* y una línea de amaranto. La variabilidad observada en la acumulación de prolina constituye, potencialmente, una valiosa herramienta para identificar genotipos tolerantes a sequía en un plan de mejoramiento genético de amaranto. Los genotipos que se destacaron en este estudio serán luego evaluados a campo en distintos ambientes para ajustar el análisis de la relación entre la acumulación de prolina y el comportamiento agronómico.

## MV 23

**COMPORTAMIENTO DE GENOTIPOS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp. L.) EN RESPUESTA AL ESTRÉS HÍDRICO**

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

El déficit hídrico reduce la producción de los cultivos, por lo tanto, la obtención de variedades tolerantes a sequía constituye una estrategia orientada a minimizar su impacto. Nuestro objetivo fue evaluar el comportamiento de diferentes genotipos de amaranto sometidos a estrés hídrico. Dos experimentos se realizaron bajo condiciones hídricas controladas durante el ciclo 2020/21, en DCA con arreglo factorial y seis repeticiones. Los factores fueron genotipo de amaranto (ocho genotipos de la FAV-UNRC) y condición hídrica (con y sin estrés en el período de floración). Se ajustó un modelo lineal mixto (MLM) con efectos fijos y variancias heterogéneas, se realizó la comparación de medias con la prueba DGC ( $\alpha=0,05$ ) y el análisis de componentes principales (ACP). Las variables evaluadas fueron: altura de planta (AP), longitud de panoja (LP), diámetro de tallo (DT), peso seco de hoja (PH), de tallo (PT) y de panoja (PP), producción de grano (PG), peso de mil semillas (PMS), índice de fertilidad (IF) e índice de cosecha (IC). El MLM mostró interacción no significativa ( $p>0,05$ ) entre genotipo y condición hídrica, diferencias significativas ( $p\leq 0,05$ ) entre genotipos y entre condiciones hídricas. Las medias de AP, LP, IC, PT, PP y PG fueron significativamente afectadas en la condición de estrés, siendo PG la más influenciada. Dos líneas presentaron un desempeño agronómico consistente superior en la PG. El ACP permitió separar las dos condiciones hídricas y los genotipos en grupos contrastantes. Estos resultados permiten discriminar el comportamiento de los genotipos de amaranto ante condición de déficit hídrico.

## MV 24

**EFFECTO DEL ESTRÉS HÍDRICO SOBRE VARIABLES AGRONÓMICAS Y BIOQUÍMICAS DE AMARANTO (*Amaranthus* spp.)**

Ibañez M.A.<sup>1,2</sup>, C.J. Mójica<sup>1,2</sup>, N. Marcellino<sup>1,2</sup>, A.L. Furlan<sup>1,3</sup>, E.G. Peiretti<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina. E-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

El déficit hídrico es un fenómeno que puede afectar la fisiología, el desarrollo y la producción de los cultivos. El objetivo del trabajo fue evaluar el comportamiento de variables agronómicas y bioquímicas en genotipos de amaranto granífero (*Amaranthus* spp.) frente al estrés hídrico y determinar el grado de consenso entre los ordenamientos de genotipos de cada grupo de variables. Dos experiencias se realizaron durante el año 2020 bajo condiciones controladas en invernáculo. Las plantas fueron dispuestas en macetas según un diseño simple al azar. Se evaluaron ocho genotipos de amaranto desarrollados en la FAV-UNRC. Un total de cinco plantas por genotipo fueron sometidas a estrés hídrico al inicio del período crítico del cultivo, mientras que otras cinco se mantuvieron sin déficit durante todo su ciclo en carácter de testigos. Las variables agronómicas analizadas fueron: altura de planta (AP), longitud de panoja (LP), diámetro de tallo (DP), peso seco de panoja (PP), peso de grano (PG), índice de fertilidad (IF), peso de mil semillas (PMS). Las variables bioquímicas fueron: contenido de prolina en hoja y en raíz, al finalizar el período de estrés. Se realizó un análisis de componentes principales (ACP) y de procrustes generalizado (APG) de los resultados obtenidos. Entre las variables contenido de prolina y AP, PP, PG, PMS e IF se observó correlación negativa. El efecto del estrés hídrico sobre la producción de grano fue menor en tres de los genotipos. El APG mostró un 77% de consenso entre variables agronómicas y bioquímicas, indicando que los grupos de variables resultaron igualmente útiles en la diferenciación de genotipos.

## MV 25

## COMBINACIONES DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS: APTITUD DE DIFERENTES PROGENITORES

Plevich A.<sup>1</sup>, L. Aguirre<sup>1,2</sup>, M. Rovere<sup>2</sup>, A. Lanzetti<sup>1</sup>, M. Grossi Vanacore<sup>1</sup>, H. di Santo<sup>1,2</sup>, E. Castillo<sup>1,2</sup>, E. Kaufman<sup>1</sup>, A. Ferreira<sup>1,2</sup>, V. Ferreira<sup>1</sup>, E. Grassi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, CONICET-UNRC, Córdoba, Argentina. E-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

Triticales (*X**Triticosecale* Wittmack) y tricepiros (*X**Triticosecale* Wittmack x *X**Agrotriticum* Ciferri & Giacom) son especies forrajeras de amplia adaptación que aportan forraje fresco o diferido y grano de buena calidad. El objetivo fue evaluar combinaciones de diferentes líneas de triticale y tricepiro y el aporte de cada progenitor en la cruce. Ochenta y nueve líneas F<sub>8</sub> provenientes de 21 cruzamientos realizados en la UN Río Cuarto fueron sembradas el 13/05/21 con diseño aumentado. Se evaluaron seis caracteres morfofisiológicos y de producción (unidad experimental=1 m<sup>2</sup>) mediante análisis de covariancia y prueba de diferencias de medias de Duncan ( $p<0,05$ ), utilizando el número de plantas/m como covariable. Se encontraron diferencias significativas entre cruces para vigor inicial ( $2,83\pm 0,51$ ; RV:1-4), aspecto forrajero ( $3,64\pm 0,40$ ; RV:1-5), días a floración ( $131,35\pm 4,97$  días) y altura a fin de ciclo ( $100,57\pm 11,10$  cm), mientras que las diferencias fueron no significativas para el rendimiento en grano ( $377,55\pm 136,02$  g/m<sup>2</sup>), a causa de una alta variabilidad en las líneas selectas dentro de cada cruzamiento. Los genotipos presentaron aptitudes diferenciales como progenitor femenino, destacándose GenúHA (+46,82 g) y Tizné (+36,40 g) por su aporte al rendimiento en grano. Por otro lado, para el mismo carácter, los genotipos C95/28 (+69,90 g), C92/130 (+18,32 g) y Cayú (+14,13 g) fueron las de mayor aptitud como progenitor masculino. Se pudieron identificar genotipos de buen comportamiento y aporte diferencial para distintos caracteres que se utilizarán en nuevas combinaciones híbridas.

## MV 26

## CARACTERIZACIÓN DE DISTINTAS POBLACIONES NATURALIZADAS DE TRÉBOL BLANCO (*Trifolium repens* L.) EN MEZCLA CON FESTUCA (*Festuca arundinacea* Shreb.)

Martínez E., L. Cascardo, F. Torres, R.A. Defacio, J. Lavandera. EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: martinez.emilce@inta.gob.ar

En los programas de mejoramiento de especies forrajeras es importante adoptar como criterio de selección la evaluación de la competencia en mezclas de especies como trébol blanco y festuca alta. El trébol presenta características morfológicas relacionadas al desarrollo del área foliar y asociadas con la capacidad de competir con festuca. El objetivo de este trabajo fue caracterizar morfológicamente distintas poblaciones de trébol blanco en mezcla con festuca. El trabajo se llevó a cabo en INTA Pergamino. Se evaluaron seis poblaciones naturalizadas de trébol blanco, conservadas en el Banco Activo de Germoplasma, y el cultivar comercial "El Lucero", cada uno de ellos en mezcla con festuca ecotipo continental cultivar "Luján INTA". El diseño experimental fue de BCA (n=3). En cada parcela se dispusieron a tresbolillo 12 plantas de trébol y 25 plantas de festuca. La distancia entre plantas de una misma especie fue de 20 cm y entre plantas de diferentes especies fue de 14 cm. Se midieron la altura de la planta (AL), longitud y ancho de la hoja trifoliada (LH y AH) para la especie trébol. Se realizó un ANOVA y la comparación de medias con DMS ( $p<0,05$ ). En el análisis de varianza fue posible detectar diferencias significativas entre las poblaciones de trébol para las variables AH y LH, pero no para la variable AL. Se identificaron poblaciones de trébol con potencial para ser incluidas en un programa de mejoramiento que tenga como objetivo mejorar la competitividad de esta especie en mezcla con festuca.

## MV 27

## CARACTERES REPRODUCTIVOS EN MEDIOS HERMANOS DE *Festuca arundinacea* Schreb SELECTOS POR APTITUD FORRAJERA

Palermo J.<sup>1</sup>, M.F. Grossi Vanacore<sup>1</sup>, A. Ferreira<sup>1,2</sup>, H. di Santo<sup>1,2</sup>, D.J. Vega<sup>2</sup>, M. Petenatti<sup>1</sup>, M. González Levita<sup>1</sup>, L. Aguirre<sup>1,2</sup>, E. Castillo<sup>1,2</sup>, E. Grassi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC-CONICET, Córdoba, Argentina. E-mail: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

*Festuca arundinacea* Schreb es una forrajera perenne, de importancia en sistemas ganaderos debido a su rendimiento en ambientes restrictivos. En Genética de la UN Río Cuarto se desarrolla un proyecto de mejoramiento de festuca a partir de poblaciones locales naturalizadas. En este marco, en familias de medios hermanos de 21 genotipos selectos previamente por aptitud forrajera se evaluaron caracteres reproductivos -número, largo y ramificaciones de panoja, largo de raquis, número de semilla por panoja y planta, peso de semilla por panoja y planta y peso de mil semillas- bajo dos tratamientos: con cortes simulando pastoreo y sin defoliación. Se realizó ANAVA y prueba de diferencia de medias DGC ( $p < 0,05$ ). La variación de los caracteres reproductivos dentro de las familias de medios hermanos fue superior a la interpoblacional en un rango de 0 a 46%. Hubo diferencias significativas en el número de panojas ( $13,78 \pm 1,83$  bajo corte y  $60,97 \pm 4,05$  sin defoliación), peso de semilla por panoja ( $0,054 \pm 0,038$  g bajo corte y  $0,116 \pm 0,061$  g sin defoliación) y número de semilla por planta ( $643 \pm 219$  bajo corte y  $4406 \pm 607$  sin defoliación). En número de panojas por planta se destacaron los genotipos 12 y 2, con medias de 9 y 8,78 panojas, respectivamente. El peso de semilla por panoja fue superior en los genotipos 1 (0,1 g) y 10 (0,17 g). El mayor número de semilla por planta lo presentaron los genotipos 12 (8022), 2 (7811) y 21 (6524). Los 11 genotipos cuyas progenies presentaron valores superiores fueron seleccionados para conformar nueve policruzas con combinaciones de genotipos para constituir variedades sintéticas.

## MV 28

## HEREDABILIDAD Y GANANCIA GENÉTICA DE POLICRUZAS DE FESTUCA ALTA NATURALIZADA EN EL CENTRO DE ARGENTINA

di Santo H.<sup>1,2</sup>, D.J. Vega<sup>2</sup>, M. González Levita<sup>1</sup>, M.F. Grossi Vanacore<sup>1</sup>, L. Aguirre<sup>1,2</sup>, E. Castillo<sup>1,2</sup>, E. Grassi<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC-CONICET, Córdoba, Argentina. E-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

*Festuca alta* (*Festuca arundinacea* Schreb) es una forrajera perenne alohexaploide ( $2n=6x=42$ ), de crecimiento otoño-inverno-primaveral. Genotipos naturalizados de la zona central de Argentina fueron evaluados en ensayo comparativo de rendimiento durante tres años, seleccionándose 21 genotipos con aptitud para producción de forraje. Con el objetivo de seleccionar genotipos forrajeros y diseñar policruzas se implantó en 2017 un ensayo de medios hermanos donde se midieron caracteres vegetativos por planta en tres cortes durante dos ciclos de crecimiento (2017 y 2018): producción de biomasa seca (BS), altura (AP), diámetro de corona (DC), número de macollos (NM) y hojas (NH). Los caracteres se analizaron mediante ANAVA y test DGC de diferencia de medias. Hubo diferencias significativas entre familias en todos los caracteres. Once genotipos (plantas madre) se seleccionaron y se utilizaron en diferentes combinaciones para diseñar nueve policruzas. Se estimó la heredabilidad en sentido estricto ( $h^2$ ) de cada carácter en el ensayo de medios hermanos y la ganancia genética (GG) de cada policruza. Los valores de  $h^2$  oscilaron entre 0,02 y 0,44. El carácter AP presentó mayores valores de  $h^2$  (0,38 en el 1° corte a 0,44 en el 3°), BS valores intermedios (0,28, 0,40 y 0,18 en el 1°, 2° y 3° corte, respectivamente) y los caracteres DC, NH y NM valores bajos de  $h^2$ . Los mayores valores de ganancia en relación a la media del ensayo de medios hermanos 2018 fueron de los caracteres AP (de 1,23 a 8,98 %) y BS (de 0,27 a 10,65 %). La variabilidad fenotípica, los valores de  $h^2$  y de GG encontrados resultan suficientes para lograr éxito en la selección de festuca alta.

## MV 29

## VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD DE GENOTIPOS DE FESTUCA ALTA LIBRES E INFECTADOS CON ENDÓFITO

Thomas J.I., L. Petigrosso, M.M Echeverría, O. Vignolio, G. Eyherabide, J. Lúquez. Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: thomasjuanignacio@gmail.com

Las predicciones del cambio climático global indican un aumento de la exposición de plantas a condiciones de estrés salino. Festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb., una forrajera fundamental de la Pampa Deprimida argentina, establece una asociación con el hongo endófito silvestre *Epichloë coenophiala* (Morgan-Jones & W. Gams). C.W. Bacon & Schardl (Leuchtmann et al., 2014) ex *Neotyphodium coenophialum* (Hill et al. 1990)). Esta simbiosis otorga tolerancia a estreses bióticos y abióticos a las plantas, pero provoca intoxicación en el ganado. El objetivo del estudio fue determinar la existencia de variabilidad para la tolerancia a la salinidad entre genotipos de festuca infectados y libres de endófito en la germinación de semillas y el crecimiento inicial de plántulas. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones en el tiempo (tandas), con arreglo factorial. Los factores fueron: festuca alta, con cuatro niveles (población naturalizada libre, SE-, o infectada con endófito silvestre, SE+, y el cv. Taita libre o infectado con endófito seguro AR584) y condición salina, con tres niveles (0, 120 y 200 mM NaCl). En cada tanda, se sembraron 50 semillas de cada genotipo en rollos de papel humedecidos con agua y solución salina. Se determinó: energía germinativa (EG) y poder germinativo de las semillas, longitud de radícula y coleoptilo, peso fresco y seco de plántulas. Los genotipos SE- presentaron menor EG que el resto ( $p < 0,05$ ) en 120 y 200 mM. La EG de SE+ aumentó 14% y 48% en 120 y 200 mM, respectivamente. No se detectaron diferencias en el cv. Taita. Futuros experimentos a campo en suelos con salinidad, permitirán corroborar la superioridad de los genotipos SE+ en la germinación.

## MV 30

## COMPORTAMIENTO DE RAIGRÁS ANUAL TETRAPLOIDE (*Lolium multiflorum* Lam.) CON Y SIN ENDÓFITO (*Epichloë occultans*) CRECIENDO EN CONDICIONES DE SEQUÍA

Sanchez R.<sup>1</sup>, L. Da Silva<sup>2</sup>, A. Ré<sup>3</sup>, M. Acuña<sup>1,4</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina; <sup>3</sup>EEA INTA Concepción del Uruguay, Entre Ríos, Argentina; <sup>4</sup>EEA INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. E-mail: acuna.mariela@inta.gov.ar

El raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam.) diploide (2x) consigue cierta tolerancia a estreses abióticos, cuando se encuentra infectado con el hongo endófito *Epichloë occultans*. En la actualidad, el INTA dispone de una población de raigrás anual tetraploide (4x) infectada con este hongo habiendo limitadas evaluaciones en sequía. El objetivo fue evaluar la población tetraploide en condiciones de sequía, para comprobar su comportamiento en presencia del hongo endófito. Se estudió esta población (P10) sin endófito (P10-) y con endófito (P10+) en un DBCA con arreglo factorial (2x3), donde los tratamientos se basaron en tres niveles de sequía, definidos según valores de Period TC (Control 2400), T1 (2180), T2 (2110), captados por Sonda TDR 300. Se destinó una maceta para cada tratamiento y 10 plántulas por maceta. Se midió semanalmente el número de macollos (Mac1-Mac9), altura de planta (Alt2-Alt9), peso seco aéreo PMS1 a los 21 días, PMS2 y peso seco radicular (PMS3) a los 48 días. Se estimó el índice de tolerancia para cada PMS (IT1, IT2 e IT3), calculado como  $X_i/X_c \times 100$ , donde,  $X_i$ = PMS de cada plántula sometida a sequía, y  $X_c$ = media del PMS control. El análisis de componentes principales (ACP) mediante Infostat® logró explicar el 97% de la variabilidad presente. A través de la CP1 se observó que la P10+ sometida al T1 presentó un mejor comportamiento en cuanto a número de macollos (Mac1-Mac6), alturas (Alt5-Alt9), PMS1, PMS2, PMS3, IT1, IT2, e IT3. La P10+ sometida al T2 presentó un mayor número de macollos (Mac1-Mac6), pero este tratamiento fue muy extremo, es decir, las plántulas presentaron elevada mortalidad. La P10 presentó un buen comportamiento frente a una sequía intermedia en presencia del hongo endófito.

## MV 31

## TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN *Lolium multiflorum* Lam. DIPLOIDE Y TETRAPLOIDE

Ceaglio C.A<sup>1</sup>, M.A. Maciel<sup>2</sup>, A. Affinito<sup>1</sup>, I. Varea<sup>1</sup> y A.N. Andrés<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Pergamino, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Biología Subtropical IBS (CONICET-UNaM), Posadas, Misiones, Argentina. E-mail: marialola.maciel@gmail.com

*Lolium multiflorum* Lam. es una forrajera anual valorada en Argentina por su gran aporte al sistema ganadero, tanto en ambientes de alta productividad como en ambientes restrictivos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la tolerancia a la salinidad en etapas vegetativas tempranas de dos grupos de materiales de *L. multiflorum*, uno diploide (2x) y otro tetraploide (4x). En hidroponía, cada grupo conformado por un cultivar comercial y cinco familias de medio-hermanos (FMH), fue expuesto a 0 (C), 100 (S1) y 200 mM (S2) de NaCl (trat) en un DBCA con tres repeticiones (30 plántulas/material/trat). A los 40 días de exposición, se estimó el Índice de Tolerancia a salinidad de cada material basado en el peso seco aéreo (PSA) (IT= PSA plántulas en sal/ PSA promedio en C) y se midió el contenido de iones en hoja (%Na; %K; %K/Na respecto del C). Se realizó ANAVA, prueba a posteriori LSD de comparación de medias y análisis de correlación de Pearson, mediante INFOSTAT. Los ANAVA revelaron diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) entre trat y entre grupos para todas las variables. En S1 y S2, el grupo 2x mostró mayor tolerancia (mayor IT), menor %Na, mayor %K y mayor %K/Na en hoja, que el grupo 4x. El IT mostró una correlación significativa y negativa con %Na y positiva con %K/Na, en ambos grupos. Dentro del grupo 2x, las FMH no se diferenciaron del cultivar en la tolerancia a la salinidad, mientras que dentro del grupo 4x se detectaron FMH con mayor tolerancia que el cultivar comercial. Estos resultados aportan información valiosa al programa de mejoramiento genético de la especie para ambientes marginales.

## MV 32

## LA SOBREENPRESIÓN DEL GEN *NHX1* PROMUEVE EL CRECIMIENTO DE BROTES Y LA CAPACIDAD DE REGENERACIÓN DE *Lotus tenuis* Waldst. & Kit. EN CONDICIONES DE SALINIDAD

Luna F.M.<sup>1</sup>, F.D. Espasandin<sup>1</sup>, A. Affinito<sup>2</sup>, M. Álvarez<sup>1</sup>, A. Díaz Paleo<sup>3</sup>, P. Sansberro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>IBONE-FCA, CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>UNNOBA Pergamino, Bs. As, Argentina; <sup>3</sup>INTA-EEA Pergamino, Bs As, Argentina. E-mail: fran.mart.lun@gmail.com

Una de las estrategias para evitar la toxicidad de las plantas en salinidad es por compartimentalización del Na<sup>+</sup> en vacuolas mediante transportadores NHX, localizados en el tonoplasto. Éstos mantienen la homeostasis, disminuyendo la toxicidad celular y permitiendo el crecimiento de las plantas. Con el fin de evaluar la importancia del gen codificante de *NHX1* en la tolerancia a salinidad, se obtuvieron plantas de *Lotus tenuis* modificadas genéticamente con el vector *p35s:LotNHX1*, mediante el método indirecto de transformación. A los 90 días de cultivo, en el medio de regeneración/selección el 36% de explantes brindaron 3±1 yemas/explante, obteniéndose tres genotipos transformados (eficiencia de transformación 3,75%). Se seleccionó el genotipo N2249 y se comparó el crecimiento de brotes o capacidad de regeneración de folíolos con el salvaje, en medios de cultivo con 100mM NaCl. En el ensayo de crecimiento, a los 45 días, sobrevivió el 50% de brotes del genotipo salvaje, con una tasa de crecimiento relativo TCR= 0,1±0,07 mm/mm.día; en cambio en N2249 sobrevivió 76% de los brotes con TCR= 0,3±0,02 mm/mm.día. En cuanto a la capacidad de regeneración de folíolos se observó en ambos genotipos una regeneración cercana al 50% y que el número de yemas adventicias formadas por explante fue superior en N2249 respecto al salvaje (11±7 y 3,7±2, respectivamente). Los resultados muestran la funcionalidad del gen codificante de *NHX1* para atenuar los efectos deletéreos de la salinidad.

**MV 33****VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD DE SEMILLAS DE MOSTAZA DE ETIOPIA (*Brassica carinata* L.)**

Ortiz N., L. Petigrosso, G. Eyherabide, J. Lúquez. Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: nazarenaortiz97@gmail.com

Debido a la importancia que podría cobrar la mostaza de Etiopía (ME) en Argentina por sus características de producto sustentable, y al posible incremento de superficie de suelos salinos a causa del cambio climático operante, resultan de interés los estudios conducentes a conocer en los genotipos su tolerancia a la salinidad (TS). El objetivo de este trabajo fue conocer la TS a NaCl de semillas de ocho cultivares de ME (seis para producción de semillas [híbridos Nuseed 400, HYB 063, HYB 068, HYB 087, Carinata y la variedad Avanza 641] y dos para cobertura [híbridos Sth100 y Nugreen 60]) en aras de expandir la frontera agrícola. Se probaron tres condiciones salinas: 0 (control), 120 mM y 200 mM NaCl. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con dos repeticiones en el tiempo (tandas), con arreglo factorial. En cada tanda se sembraron 40 semillas de cada cultivar en rollos de papel humedecidos con agua o solución salina. Se determinó: energía germinativa (EG) y poder germinativo (PG) de las semillas, longitud de radícula (LR) e hipocótilo (LH), peso fresco (PF) y seco de plántulas. Los valores de todas las variables se redujeron con el incremento de la condición salina ( $p < 0,05$ ). No hubo diferencias significativas entre 0 y 120 mM para PF, EG y PG, características en las que se destacaron todos los híbridos. Se detectó interacción genotipo por tratamiento para LR y LH, aunque en todas las condiciones salinas se destacaron los híbridos Sth100, Carinata, Nuseed 400 y HYB 068, resultados preliminares que coinciden con los hallados en ensayos con plantas jóvenes.

**MV 34****HEREDABILIDADES Y GANANCIAS GENÉTICAS PARA INCREMENTAR LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN PLÁNTULAS DE *Panicum coloratum* L. var. *makarikariense* Goosens.**

Tomás M.A., L. Cardamone, M. Lifschitz, K. Grunberg. IDICAL (INTA-CONICET), Santa Fe, Argentina. E-mail: tomas.maria@inta.gob.ar

La salinización de los suelos y el desplazamiento de la ganadería a zonas menos productivas impulsan el desarrollo de cultivares forrajeros tolerantes a salinidad. *Panicum coloratum* L. var. *makarikariense* Goosens es una gramínea subtropical perenne introducida, con potencial para aumentar la oferta de forraje en zonas marginales. Los criterios para evaluar la tolerancia a la salinidad y discriminar genotipos promisorios son diversos. La distribución de la variabilidad genética en el germoplasma puede diferir según la unidad de selección elegida. El objetivo fue comparar heredabilidades ( $h^2$ ) y ganancias genéticas según la selección se realice por individuo (SI) o por prueba de progenie (SPP), en variables de peso fresco o seco de plantas en salinidad, o como una medida de tolerancia referida a la condición control. En plántulas de *P. coloratum* crecidas en hidroponía, con y sin el agregado de NaCl (200 mM), se evaluaron la biomasa aérea y radical en fresco (PFA, PFR), en seco (PSA, PSR) y relativa al control (DPFA, DPF, DPFA, DPFR) luego de 35 días, en un DBCA, con 18 familias, dos bloques y cuatro plantas por bloque. Se estimaron  $h^2$  por individuo y por familia y las ganancias genéticas si se aplicara una intensidad de selección de 30%. Los resultados mostraron que las  $h^2$  y las ganancias fueron mayores en la SI que en la SPP para todas las variables. Las  $h^2$  y ganancias fueron mayores cuando las variables se midieron en fresco y mayores para parte aérea que en raíz. Las ganancias relativas al control fueron menores al 10%. El mayor progreso genético en *P. coloratum* se obtuvo al seleccionar plantas individuales, creciendo en salinidad, en base a la biomasa aérea pesada en fresco de plantas.

## MV 35

## MODO REPRODUCTIVO DE HÍBRIDOS QUE ORIGINARON UNA POBLACIÓN SINTÉTICA TETRAPLOIDE SEXUAL DEL GRUPO Plicatula DEL GÉNERO *Paspalum* L.

Díaz L.D., F. Espinoza, P.E. Novo. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (FCA-UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: diazluccasdanield96@gmail.com

El grupo Plicatula del género *Paspalum* cuenta con 30 especies, con citotipos 2x sexuales y tetraploides apomíticos (4xA). Si bien no se han encontrado tetraploides sexuales (4xS) en la naturaleza, en el IBONE existe una planta 4xS de origen experimental de *P. plicatulum*. Esto permitió realizar cruzamientos entre 4xS × 4xA silvestres (*P. chaseanum* P., *P. compressifolium* S., *P. guenoarum* A., *P. lenticulare* K., *P. nicorae* P., *P. oteroi* S., *P. plicatulum* M.), seleccionar híbridos sexuales y generar una población sintética 4xS. Nuestro objetivo fue corroborar si los híbridos que se usaron en el policruzamiento conservan su sexualidad. De los 50 híbridos utilizados, en 23 se corroboró el modo reproductivo por embriología y citometría de flujo en cariopses, analizando la relación del contenido de ADN del embrión y del endospermo (Em/En). Los cariopses originados a partir de un saco embrionario meiótico tendrán una relación Em/En 2C/3C; y los originados a partir de un saco embrionario apospórico serán 2C/5C. Se observaron por microscopio de contraste de interferencia diferencial (DIC), entre 101 y 290 ovarios de cada híbrido y por citometría 30 cariopses en bulks de dos o cinco. De los 23 híbridos analizados por DIC, siete mantuvieron la sexualidad y 16 presentaron sacos mixtos (meióticos + apospóricos). Cuando estos híbridos fueron analizados por citometría, 14 fueron sexuales con una relación Em/En 2C/3C; mientras que los nueve restantes resultaron ser apomíticos facultativos mostrando una relación Em/En 2C/3C + 2C/5C. Estos resultados indican que el modo reproductivo varía con el estado de desarrollo y que posiblemente los sacos embrionarios apospóricos no sean viables.

## MV 36

## ESTUDIOS REPRODUCTIVOS Y FENOTÍPICOS DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DEL GRUPO Plicatula DEL GÉNERO *Paspalum* L.

Villalba A.I., F. Espinoza, P.E. Novo. Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Corrientes, Argentina. E-mail: augusto.i.v@hotmail.com

El cultivar Cambá FCA es una forrajera, 4x apomítica, logrado por selección fenotípica a partir de semillas de *P. atratum* Swallen en la FCA-UNNE. Por otra parte, en el IBONE existe un genotipo autotetraploide sexual de *P. plicatulum* Michx.; lo que permitió cruzarlo con el cultivar, obteniéndose 101 individuos. La F<sub>1</sub> fue caracterizada por marcadores RAPDs indicando que son híbridos. Los objetivos fueron caracterizar fenotípicamente a la F<sub>1</sub> y su modo reproductivo. Los caracteres fenotípicos medidos fueron: longitud de la inflorescencia, del racimo basal y apical; número de racimos; peso de mil semillas; longitud y ancho de la hoja inferior a la hoja bandera. En al menos cinco caracteres se observaron diferencias significativas respecto a los padres, principalmente a la madre. Además, visualmente, la F<sub>1</sub> difiere de la madre por características que tienen valores intermedios entre ambos parentales o se asemejan al padre, lo que confirma su origen híbrido. Para el modo reproductivo se realizó el clarificado de ovarios y citometría de flujo (n=24). En el análisis por clarificado, siete híbridos presentaron sacos embrionarios meióticos (SEM) indicando que son sexuales; 17 presentaron sacos mixtos: SEM+SEA (sacos embrionarios apospóricos) indicando que son apomíticos facultativos. Sin embargo por citometría, 18 híbridos fueron sexuales, con una relación de contenido de ADN embrión: endospermo (Em:En) de 2C:3C y seis fueron apomíticos facultativos con una relación Em:En de 2C:3C + 2C:5C. Esto indica que existe segregación para el modo reproductivo que varía de acuerdo a la etapa del ciclo reproductivo en que se analice.

## MV 37

## SEGREGACIÓN POR EL MODO DE REPRODUCCIÓN EN POBLACIONES DE *Paspalum notatum* Flüggé OBTENIDAS POR DOS MÉTODOS DIFERENTES DE SELECCIÓN

Marcón F., E.J. Martínez, C.A. Acuña. Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE), CONICET, UNNE, Corrientes, Argentina. E-mail: fmarcon91@gmail.com

En *Paspalum notatum* Flüggé, se demostró que la selección fenotípica recurrente (SFR) y la selección recurrente basada en aptitud combinatoria (SRAC) son igual de eficientes en el mejoramiento del germoplasma sexual de la especie. Sin embargo, la eficiencia en la generación de híbridos apomícticos superiores en ambos esquemas de selección no ha sido evaluada. El objetivo fue evaluar la segregación por el modo de reproducción de dos poblaciones 4x de *P. notatum*, una obtenida mediante SFR y la otra por SRAC. Se obtuvieron los ADN genómicos de 288 híbridos en total (144 por cada esquema de selección) y se determinó el modo de reproducción de los mismos, mediante un marcador RAPD-UBC243-377 completamente ligado a la aposporia. A partir de la clasificación reproductiva en cada esquema de selección, se establecieron las proporciones entre individuos sexuales y apomícticos. Un total de 27 híbridos de SFR y 24 de SRAC amplificaron el marcador ligado a la aposporia, por lo que fueron clasificados como apomícticos. La segregación en SFR varió entre 11:1 y 1,4:1 sexuales: apomícticos, con un valor promedio de 4,3:1. La segregación en SRAC varió entre 24:0 y 7:1 sexuales: apomícticos, con un valor promedio de 5:1. No se observaron diferencias significativas entre la proporción de híbridos apomícticos obtenidos por ambos esquemas ( $p=0,8$ ). La segregación por el modo de reproducción en *P. notatum* no está influenciada por el esquema de selección empleado

## MV 38

## COMPORTAMIENTO INVERNAL DE DOS POBLACIONES DEL PROGRAMA DE MEJORAMIENTO GENÉTICO DE *Setaria sphacelata* (Schumach.) Stapf & C.E. Hubb. ex M.B. Moss

McLean G.D.<sup>1</sup>, K. Grunberg<sup>2,3</sup>, C.A. Acuña<sup>4</sup>. <sup>1</sup>EEA Mercedes-INTA, Corrientes, Argentina; <sup>2</sup>IFRGV- CIAP INTA, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>UDEA INTA-CONICET, Córdoba, Argentina; <sup>4</sup>Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina. E-mail: mclean.guillermo@inta.gob.ar

El incremento de la producción de forraje de *Setaria sphacelata* (*Setaria*) (Schumach.) Stapf & C.E. Hubb. ex M.B. Moss durante invierno puede tener un gran impacto en los sistemas ganaderos del nordeste argentino. El objetivo fue comparar el desempeño invernal de una población sin proceso de selección (PBA) y otra población producto de selección fenotípica por caracteres relacionados al desempeño invernal (PBE). En INTA Mercedes (Corrientes), se generaron la PBA (policruzamiento de 227 plantas representantes de 14 poblaciones y cuatro cultivares comerciales) y la PBE (policruzamiento de 40 individuos de las 227 destacados por rendimiento, tolerancia a heladas y crecimiento invernal). Se plantaron 600 individuos de PBA y 600 de PBE clonados en tres bloques en febrero de 2015. Se registró durante invierno: rebrote invernal -escala visual de 1 (poco o nulo crecimiento) a 5 (elevado crecimiento)- y el 15/09 se midió diámetro de mata y altura (cm), materia seca acumulada (MS g planta<sup>-1</sup>). Para el análisis de los datos se utilizó INFOSTAT (2016) con modelo generalizado mixto, distribución Gamma en altura y MS y Normal en rebrote y diámetro, y se realizó comparación de medias con el test LSD (Fisher) al 5%. PBE fue significativamente superior a PBA con medias de 27,0 g planta<sup>-1</sup>, 28,5 cm de altura, 17,4 cm de diámetro y 3,3 del índice de rebrote contra los 20,7 g planta<sup>-1</sup>, 23,9 cm, 16,2 cm y 3,1, respectivamente, de PBA. Estos valores demuestran el incremento del comportamiento invernal de *Setaria* obtenida a través de la selección fenotípica. La variabilidad contenida en el germoplasma disponible de *S. sphacelata* es adecuada para mejorar el crecimiento invernal de la especie.

## MV 39

## EVALUACIÓN DE GENOTIPOS DE CAÑA DE AZÚCAR EN EL NOROESTE DE ARGENTINA

Vega D.J, F. Yañez Cornejo, M.L. Nanni, C. Easdale, R. Lema, G. Serino. Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Salta, Argentina. E-mail: jvega@ayv.unrc.edu.ar

El cultivo de caña de azúcar involucra la producción de azúcar, etanol, papel y electricidad y juega un rol importante en las actividades económicas y sociales del noroeste del país. La Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, desde 1951, lleva adelante un programa de mejora de caña de azúcar con el objetivo de encontrar nuevos genotipos con alto rendimiento y adaptados a los ambientes de las provincias de Salta y Jujuy. Para dicho fin, en el año 2018 se implantaron 24 genotipos en seis ambientes de tres localidades diferentes con un DBCA con tres repeticiones. Cultivares comerciales fueron utilizados como testigos. Los genotipos fueron evaluados en edad planta, soca 1 y soca 2. En septiembre de cada año se realizó la cosecha para registrar las toneladas de caña producidas por hectárea (TCH). Las toneladas de azúcar por hectárea (TAH) se obtuvieron a partir del promedio del porcentaje de azúcar en mayo, julio y septiembre, multiplicado por las TCH. ANAVA, pruebas de diferencia de medias y análisis de interacción genotipo-ambiente (IGA) fueron realizados. El TCH promedio fue de 83,3±16,9, 96,1±21,8 y 85,2±18,4 para edad planta, soca 1 y 2, respectivamente. El promedio de TAH fue de 9,8±2,4, 12,4±3,5 y 10,8±2,6, respectivamente para edad planta, soca 1 y 2. Los genotipos presentaron diferencias significativas entre ellos en TCH y TAH. La presencia de IGA permitió encontrar clones con adaptación específica en cada localidad. El genotipo NA-12-166 logró una amplia adaptación a través de los ambientes ya que superó al resto de genotipos y cultivares evaluados en dos localidades.

## MV 40

## SELECCIÓN GENÓMICA PARA CARACTERÍSTICAS DE INTERÉS EN EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LA CAÑA DE AZÚCAR

Racedo J.<sup>1</sup>, E.A. Rossi<sup>2</sup>, M. Aybar Guchea<sup>3</sup>, A.N. Peña Malavera<sup>1</sup>, C. Bruno<sup>4,5</sup>, M.F. Perera<sup>1</sup>, A.S. Noguera<sup>1</sup>, N. Bonamico<sup>2</sup>, M. Balzarini<sup>4,5</sup>, S. Ostengo<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT CONICET NOA sur, Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba, Argentina; <sup>3</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; <sup>4</sup>Unidad De Fitopatología y Modelización Agrícola, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UFYMA INTA-CONICET), CCT CONICET Córdoba, Argentina; <sup>5</sup>Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. E-mail: joracedo@gmail.com

El mejoramiento genético de la caña de azúcar (*Saccharum L. spp.*) es complejo y lento. La obtención de una nueva variedad requiere entre 10 y 15 años de trabajo intensivo. Esto se debe a la complejidad genética del cultivo y a la fuerte influencia ambiental sobre los caracteres de interés, en su mayoría cuantitativos. Una herramienta útil para aumentar la tasa de ganancia genética consiste en integrar información fenotípica y genómica en procedimientos de Selección Genómica (SG), y predecir el valor de mejora estimado desde datos genómicos para cada genotipo (*Genomic Estimated Breeding Value*, GEBV). Se evaluaron distintos modelos de SG entrenados sobre una población de 182 clones del banco de germoplasma de la Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres. Los individuos fueron fenotipificadas para número de tallos, polarización (pol %), contenido de fibra y azúcar recuperable, durante tres edades de corte, en una localidad del área de influencia del programa. La información molecular se obtuvo por secuenciación de alto caudal DArTseq. Se ajustaron modelos de SG con los métodos Ridge Regression, Bayes A, Bayes B y Bayes C. La eficiencia se evaluó para cada carácter mediante la correlación entre los valores GEBVs estimados por cada modelo y los BLUPs del efecto genotípico. Las correlaciones fueron obtenidas mediante validación cruzada. Si bien se observaron diferencias entre las capacidades predictivas de distintos modelos, la eficiencia de la SG dependió mayormente de la característica en estudio, siendo más alta ( $r=0,40$ ) para el modelo de SG estimado por el método Bayes B para el carácter pol(%). La disponibilidad de un modelo de SG con alta capacidad predictiva permitirá predecir el mérito genético de nuevos materiales y llevar a cabo la selección de individuos en base a datos genotípicos.

## MV 41

## EFICIENCIA DE LA SELECCIÓN GENÓMICA PARA MADURACIÓN TEMPRANA EN UNA POBLACIÓN DE MEJORAMIENTO DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum L. spp.*)

S. Ostengo<sup>1,2</sup>, Racedo J., M.G. Balzarini<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), CCT NOA Sur, Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC), Tucumán, Argentina; <sup>3</sup>Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (UFYMA INTA-CONICET), CCT CONICET Córdoba, Argentina, Estadística y Biometría, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina. E-mail: joracedo@gmail.com

La selección genómica (SG) permite predecir el valor genético de los individuos mediante el uso simultáneo de marcadores moleculares generados a lo largo del genoma. La predicción del valor genético a partir de datos genómicos (GEBV) resulta de aplicar un modelo estadístico entrenado a partir de información molecular y valores fenotípicos para un rasgo de interés. El objetivo de este trabajo fue analizar la eficiencia de la SG en una población de mejora de caña de azúcar (*Saccharum L. spp.*) compuesta por 88 individuos evaluados para maduración temprana, a partir de determinaciones del contenido temprano de sacarosa (%), en cuatro edades de corte, en dos localidades. La población fue genotificada con 1.863 marcadores DArT dominantes. Se ajustaron los modelos de SG Bayes B, Bayesian Ridge Regression y Bayesian LASSO Regression. La eficiencia de la SG se evaluó mediante la correlación entre los valores de GEBVs y los BLUPs del efecto genotípico obtenidos de los datos fenotípicos. Se usó un proceso de validación cruzada, usando porcentajes variables de número de individuos en la población de entrenamiento y de prueba para obtener predicciones de GEBVs, que se repitieron 500 veces. Los resultados muestran que todos los modelos explicaron una alta proporción de la variabilidad del mérito genético, aunque la eficiencia del SG fue baja (entre  $r=0,20$  y  $r=0,25$ ). Esto podría asociarse al escaso tamaño de la población de mejora y a la baja variabilidad genética del carácter maduración temprana en la población analizada. La implementación de los mismos modelos de SG en paneles de mayor tamaño y diversidad de genotipos podría arrojar mejores resultados.

## MV 42

## DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL EN CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum L. spp.*)

Perera M.F.<sup>1</sup>, S. Ostengo<sup>1</sup>, S.N. Ovejero<sup>1</sup>, A.N. Peña Malavera<sup>1</sup>, T. Balsalobre<sup>2</sup>, G. Onorato<sup>3</sup>, A.S. Noguera<sup>1</sup>, H. Hoffman<sup>2,3</sup>, M. Sampaio Carneiro<sup>2,3</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Tecnología Agroindustrial del Noroeste Argentino (ITANOA), Estación Experimental Agroindustrial Obispo Colombres (EEAOC) - Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Las Talitas, Tucumán, Argentina; <sup>2</sup>Departamento de Biotecnología e Produção Vegetal e Animal, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de São Carlos, Araras, São Paulo, Brazil; <sup>3</sup>Programa de Mejoramiento Genético de Caña de Azúcar de RIDESA/UFSCar, Araras, São Paulo, Brazil. E-mail: franciscaperera@yahoo.com.ar

En el mejoramiento genético de caña de azúcar, *Saccharum L. spp.*, es posible obtener genotipos de mayor productividad de azúcar, biomasa y resistentes a enfermedades, a través del manejo adecuado de los bancos de germoplasma. Por ello, a fin de conocer la diversidad genética, la estructura poblacional y analizar la posibilidad de intercambiar materiales, se evaluaron 103 genotipos (variedades comerciales y progenitores) de los programas de mejoramiento de UFSCAR/RIDESA y EEAOC en Brasil y Argentina, utilizando marcadores TRAP anclados en genes del metabolismo de sacarosa y lignina, y marcadores asociados a la resistencia a roya marrón (Bru1) y naranja (G1). La estructura genética se determinó a través de los análisis de similitud genética, de la varianza molecular (AMOVA), de coordenadas principales (ACoP) y un método bayesiano. El análisis de similitud genética, el ACoP y el análisis de estructura revelaron que los genotipos se conglomeran en dos grupos, claramente diferenciados de acuerdo a su origen, mientras que el AMOVA sugirió que existe más variabilidad dentro de los programas que entre ellos. En relación al marcador Bru1, los genotipos brasileños y argentinos mostraron una alta y una baja frecuencia de presencia del gen, respectivamente. Respecto al marcador G1, la mayoría de los genotipos presentaron la presencia del fragmento, en una proporción similar entre ambos programas. Los resultados revelan que el intercambio de materiales entre ambos programas permitiría ampliar la base genética de sus bancos de germoplasma, incorporando nuevos alelos.

## MV 43

## CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA PRELIMINAR DE POBLACIONES DE *Oxalis articulata* Savigny DEL SUDESTE BONAERENSE (ARGENTINA)

Russo N.<sup>1</sup>, M.L. Echeverría<sup>1</sup>, A. Digilio<sup>2</sup>, A. López Méndez<sup>3</sup>.  
<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>EEA Balcarce, INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>CONICET CCT Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: alicialopez@mdp.edu.ar

*Oxalis articulata* Savigny es una especie nativa con potencial ornamental. Con el objetivo de caracterizar poblaciones en atributos que permitan la selección de genotipos para el mercado floricultor se seleccionaron cuatro poblaciones de áreas serranas y costeras del SE bonaerense, denominadas VG, MdP, 5C y VaB. Bajo un DCA se sembraron 21 genotipos por población. Durante cinco meses se registraron los caracteres: altura y silueta de la planta, pubescencia, cantidad de hojas e inflorescencias. Las variables se analizaron mediante ANOVA con medidas repetidas en el tiempo y cuando se detectó interacción, se hizo una comparación de medias por fecha mediante test de Tukey ( $\alpha=0,05$ ). Se detectó interacción significativa entre fecha y población. En todas las fechas, VaB y MdP difirieron significativamente entre sí exhibiendo, respectivamente, los menores y mayores registros medios de altura de planta (5,5 cm vs. 10,9 cm). En la última fecha difirió significativamente VaB del resto con la menor cantidad de hojas (18,4±7 hojas) mientras que MdP se diferenció en cantidad de inflorescencias, presentando los mayores valores (Min=2; Mo=14; Máx=45). Los genotipos presentaron siluetas y grado de pubescencia variable en cada población, con excepción de MdP donde todos los genotipos fueron glabros. La variabilidad morfológica inter- e intra-poblacional detectada podría utilizarse para obtener genotipos de interés comercial. Este proyecto forma parte de uno mayor donde se están evaluando las poblaciones en estos y otros caracteres de valor ornamental.

## MV 44

## VARIABILIDAD GENÉTICA OBSERVADA EN GENOTIPOS DE *Solanum tuberosum* ssp. *andigena* Hawkes EN LA PROVINCIA DE CATAMARCA

Contrera G.E.<sup>1</sup>, H.M. Atencio<sup>2</sup>, E. Cointry<sup>3</sup>, L.A. Picardi<sup>4</sup>. Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca, Catamarca, Argentina; <sup>2</sup>UIB (Unidad Integrada: EEA Balcarce, INTA- FCA-UNMDP), Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>FCA, UNR, Santa Fe, Argentina; <sup>4</sup>FCA-CIUNR-UNR, Zavalla, Santa Fe, Argentina. E-mail: gcontrera@agrarias.unca.edu.ar

La papa presenta un *pool* genético secundario muy grande compuesto por especies silvestres emparentadas. Se distribuyen a lo largo del continente americano y en Argentina se cultiva la papa andina en Jujuy, Salta y Catamarca. Se estudiaron nueve genotipos de papa andina, *Solanum tuberosum* ssp. *andigena* Hawkes, que se encuentran en Catamarca: Bolinca Alargada, Bolinca Redonda, Collareja, Cotagua Morada, Cotagua Rosada, Malgacha, Morada, Ojos de Princesa y Tuni. Estas variedades fueron sembradas en dos ambientes, Las Piedras Blancas y La Calera, en tres años, y evaluadas por caracteres cualitativos y cuantitativos relacionados a rendimiento. Para evaluar diferencias genotípicas entre estas variedades se realizó un análisis de microsatélites (SSR) observando así las amplificaciones de los genotipos. Se cuantificó el número de bandas totales, número de bandas monomórficas y polimórficas y se calculó el Contenido de Información Polimórfica (PIC). El análisis permitió determinar la presencia de 30 bandas, las bandas monomórficas representan el 13,33% y las bandas polimórficas el 86,67%. El valor del PIC fluctuó entre 0,18 y 0,37. La matriz de distancias mostró que las variedades más cercanas son Morada y Cotagua Morada (0,30), seguidas por el segundo grupo, Malgacha y Collareja (0,32); el tercer grupo integrado por Tuni y Bolinca Redonda (0,44); y por último, el cuarto grupo conformado por Cotagua Rosada y Bolinca Alargada (0,43); las variedades más alejadas fueron Tuni y Ojos de Princesa (80,72). Estos resultados evidencian la presencia de variabilidad genética para continuar con un programa de mejora considerando en conjunto caracteres de rendimiento ya evaluados.

## MV 45

## CONTRASTING BEHAVIOR OF TWO ELITE POTATO CULTIVARS TO DROUGHT TOLERANCE IN SOUTHEAST ARGENTINE

Tagliotti M.<sup>1,2</sup>, S. Giuliano<sup>3</sup>, M. Puricelli<sup>1</sup>, M.C. Bedogni<sup>1,3</sup>. <sup>1</sup>EEA Balcarce – INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>CONICET, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias (UNMdP), Balcarce, Buenos Aires, Argentina. E-mail: tagliotti.martin@inta.gob.ar

In arid and semi-arid areas, the water deficit is the main limiting factor for crop production. Potato is a drought-susceptible crop. Adapted drought-tolerant potato cultivars could confer significant yield increments. The goal was to evaluate the drought tolerance of two elite potato (*Solanum tuberosum* ssp. *tuberosum* L.) cultivars. Newen INTA and Spunta potato cultivars were grown under contrasting water regimes. Under drought treatment, the marketable tuber yield was decreased by 53% in Spunta and 22% in Newen INTA. In both cultivars under drought treatment, the marketable tuber number was decreased by 32%. The yield of tuber larger than 90 mm was decreased only in Spunta (62.81%,  $p < 0.05$ ). The tuber dry matter was not modified by the drought treatment ( $p > 0.05$ ). Newen INTA showed more reduction in the above-ground and root biomass under treatment. The root-to-shoot ratio was higher in Newen INTA. The proline content was increased 61% in both cultivars under drought treatment. Drought tolerance indices (GMP and DTI) were higher in Newen INTA. The drought susceptibility index was higher in Spunta. The proline content was negatively correlated with the root dry biomass and marketable tuber number. The root dry biomass was positively correlated with the marketable tuber yield and marketable tuber number. Under field conditions, Newen INTA showed an enhanced drought tolerance to moderate drought. Therefore, Newen INTA represents an opportunity to improve crop production in semiarid areas.

## MV 46

## UTILIZACIÓN DE FOSFITO COMO AGENTE DE SELECCIÓN EN ENSAYOS DE TRANSFORMACIÓN DE PAPA CON *Agrobacterium tumefaciens*

Arizmendi A., C.A. Décima Oneto, S.E. Feingold, G.A. Massa. IPADS Balcarce INTA-CONICET, Buenos Aires, Argentina. E-mail: arizmendi.ailin@inta.gob.ar

La transformación genética de plantas es una herramienta biotecnológica de alto impacto en el mejoramiento de los cultivos. Un ensayo de transformación genética exitoso necesita un protocolo de selección robusto para diferenciar las células transformadas de las que no lo son. A su vez, la utilización de agentes de selección novedosos, que eviten generar resistencia a antibióticos y/o herbicidas, podría mejorar la percepción de los consumidores a los transgénicos. La papa es el tercer cultivo de importancia alimenticia a nivel mundial. Particularmente, el cultivar Spunta es el más utilizado en Argentina para consumo fresco. Actualmente la estrategia de transformación más utilizada en papa es la mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. Las plantas no pueden metabolizar fosfito (Phi), ya que carecen de las enzimas necesarias para oxidarlo a fosfato, y adicionalmente genera efectos fitotóxicos. Proponemos desarrollar un protocolo de selección *in vitro* para papa mediante el uso de un marcador de selección basado en el gen *ptxD*, derivado de *Pseudomonas stutzeri* WM88, que confiere la capacidad de convertir Phi en ortofosfato. Se elaboró una curva de análisis de concentraciones de  $\text{KH}_2\text{PO}_3$  con plantas sin transformar para establecer la concentración óptima como agente selectivo en papa. Se seleccionó la concentración de 17 mM de  $\text{KH}_2\text{PO}_3$  la cual presentó diferencias significativas en las variables morfológicas medidas. El próximo paso implica transformar explantes de papa cv. Spunta mediante *A. tumefaciens* y evaluar la eficacia de la concentración de Phi elegida como agente de selección.

## MV 47

## ANÁLISIS DE EFECTOS DE INTROGRESIONES DE *Solanum habrochaites* S. Knapp & D. M. Spooner SOBRE LA VIDA EN ESTANTERÍA Y EL PESO DEL FRUTO DE TOMATE

Brogliá V.G., G.B. Caruso, G.R. Rodríguez. Facultad de Ciencias Naturales, CIUNSA, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina. E-mail: viviana.brogliá@gmail.com

La estrategia de introgresión deliberada de germoplasma silvestre como fuente de variabilidad es útil en programas de mejoramiento genético de tomate, *Solanum lycopersicum* L. Productores del NOA demandan líneas de tomate adaptadas a la zona, con larga vida en estantería y que conserven atributos de calidad. El Programa de Mejora de Tomate de la UNSa generó líneas de introgresión. El objetivo del trabajo fue analizar modos de herencia e identificar regiones genómicas asociadas a la vida en estantería (VE) y otros caracteres de calidad. Se estudió una población  $F_2$  (N=191) derivada del cruzamiento entre FCN93-6-2 (línea de premejora con introgresiones de *Solanum habrochaites*) con frutos larga vida en estantería y pequeños, y LC138 (*S. lycopersicum*) con mayor tamaño de fruto. En invernadero se evaluó VE y peso de fruto (Pf). Para el mapeo de QTL se utilizaron cuatro marcadores SSR que indican introgresión silvestre en FCN93-6-2 y resultaron polimórficos entre las líneas parentales (uno en el cromosoma 5 y tres en el cromosoma 11). Se evidenció segregación transgresiva respecto a FCN93-6-2 para VE. La heredabilidad en sentido amplio de VE fue 0,61 y de Pf fue 0,32. Se detectó correlación positiva entre ambos caracteres ( $r=0,43$ ,  $p=0,001$ ). Se identificaron tres QTL para VE que en conjunto explicaron un 45% de la variación fenotípica total. No se detectaron QTL para Pf. Se demostró que los genes silvestres y sus interacciones con el genomio del tomate cultivado son valiosos para los procesos de mejora, permitiendo un aporte al conocimiento de las bases genéticas de estos caracteres de calidad en tomate.

## MV 48

## CARACTERIZACIÓN Y SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE ACELGA, (*Beta vulgaris* L. var. *cicla* L.)

Pantuso F., M. Reche, N. Levacov, B. Ibáñez, A. Rivera, V. Piccardo, D. Bianchi. Escuela de Agronomía Universidad del Salvador, Universidad Nacional de Luján, San Luis, Argentina. E-mail: fpantuso@gmail.com

La acelga es una de las principales hortalizas de hoja; a nivel nacional se produce en casi todas las provincias, concentrándose su cultivo en los cinturones verdes de las principales ciudades. Se caracteriza por su corto periodo vegetativo, pudiéndose cultivar durante todo el año. El objetivo del presente trabajo fue la caracterización y selección de genotipos de acelga. El material vegetal evaluado corresponde a siete genotipos cedidos por productores de la provincia de Buenos Aires. El ensayo se realizó en el campo experimental de la Universidad de Luján, empleándose un diseño en bloques completos aleatorizados con parcelas de 5,5 m<sup>2</sup> con cuatro repeticiones. Se sembró en bandejas en julio de 2020 y se trasplantó en agosto al campo. Se midieron seis caracteres de producción: cantidad de hojas, ancho de hoja, largo de hoja, largo de lámina, largo de penca y días a floración. Se realizó un análisis de varianza y posteriormente el test de comparación de medias de Tuckey. Los resultados mostraron diferencias estadísticamente significativas ( $\alpha < 0,05$ ) en ancho y largo de lámina y días a floración. No se observaron diferencias significativas para los caracteres cantidad de hojas, largo total de hoja y largo de penca. La prueba de diferencias de medias indicó que los genotipos Novielo y Veronsa se diferenciaron por sus características productivas y resistencia a la floración temprana, los cuáles serán utilizados en el programa de mejoramiento genético.

## MV 49

## MEJORAMIENTO DE PORTAINJERTOS CLONALES DE KIWI: EVALUACIÓN DE LA AFINIDAD PORTAINJERTO-VARIEDAD INJERTADA

Marcellán O.N.<sup>1</sup>, C. Godoy<sup>1</sup>, F. Cardinali<sup>2</sup>, M. Thevenon<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: omarcellan@mdp.edu.ar

Baby kiwi (*Actinidia arguta* Siebold and Zucc.) Planch. ex Miq.) es vulnerable al estrés hídrico debido a un pobre desarrollo radical. Una alternativa para solucionar este problema es usar portainjertos más vigorosos que su propio sistema radical. En la primera etapa de un programa de mejoramiento de portainjertos se generaron híbridos entre *A. arguta* y *A. deliciosa* (A. Chev.) Liang and Ferguson que fueron seleccionados *per se* por desarrollo radical. La segunda etapa comprende la evaluación de la afinidad portainjerto-variedad injertada, definida como la unión exitosa entre ambas partes que permite una reconexión del sistema vascular. Con el objetivo de evaluar a corto plazo la afinidad del cv. Issai de baby kiwi (V) injertado sobre diferentes genotipos híbridos (portainjertos, P), los híbridos se clonaron usando la técnica de esquejes uninodales y posteriormente se realizó la injertación de cuña simple. Bajo un DCA con cinco repeticiones, a los 40 y 180 días después de la injertación (DDI) se analizó el % de supervivencia a través de una Prueba de Chi-Cuadrado y el crecimiento del brote a través de un ANOVA. Además, se examinó la zona de unión P-V a los 180 DDI a través de cortes histológicos. Se observó que la afinidad de V varió según el genotipo híbrido y este efecto fue mayor a los 180 DDI. Las combinaciones P-V más exitosas generaron plantas injertadas que presentaron 60% de supervivencia, brotes de 15 cm de longitud con 11 hojas desarrolladas y en las zonas de unión P-V se observaron reconexiones vasculares con formación de xilema y floema secundarios. Estos genotipos híbridos seleccionados por su mayor afinidad con el cv. Issai deberán continuar con las evaluaciones a mediano y largo plazo.

## MV 50

## ESTIMACIÓN EX SITU DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE RASGOS FENOTÍPICOS EN *Prosopis alba* Griseb.: HEREDABILIDAD Y DIFERENCIACIÓN ENTRE PROCEDENCIAS

Vega M.V., B. Saidman, J.C. Vilardi. Universidad Nacional de Formosa, Formosa, Argentina. E-mail: mavivega@yahoo.es

Los Algarrobos desempeñan un papel importante en la recuperación de los ecosistemas degradados, sin embargo, su uso foresto-industrial intensivo produjo una elevada disminución del número de individuos de alta calidad. El objetivo fue estimar heredabilidad y determinar la magnitud de variación entre y dentro procedencias. Se evaluó en condiciones experimentales la variación de rasgos foliares y parámetros germinativos entre ocho procedencias de *Prosopis alba* Griseb. de las provincias de Chaco y Formosa. Se estimaron parámetros genéticos y posibles asociaciones entre variables fenotípicas y factores ambientales. Las diferencias entre procedencias fueron altamente significativas para todos los rasgos. La autocorrelación espacial para la longitud de foliolulos se reduce entre los 75 y 80 km, mientras que para cinco rasgos (ancho de foliolulos, número de semillas/vaina, pares de foliolulos/pinnas, poder germinativo y tiempo medio de la germinación) el parecido fenotípico se reduce a los 40 km. El análisis por el método de árboles de regresión indicó que cada rasgo fenotípico se asociaba significativamente con al menos una variable ambiental. La determinación genética de los rasgos analizados ( $h^2$ ) fue muy alta (1,6354) por lo que la velocidad de desarrollo podría responder a la selección de parentales entre procedencias y entre familias dentro de cada procedencia. Los resultados alcanzados sugieren que mediante un programa de mejoramiento por selección parental se podrán obtener semillas de mayor calidad genética. Se obtuvieron además ecuaciones para estimar área foliar y biomasa de hojas y ramas, a partir de la altura y el diámetro del cuello de la plántula.

## MV 51

**ORGANOGENESIS *IN VITRO* EN MATERIAL SELECTO DE *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden**

Ayala P.G.<sup>1</sup>, V.L Vivas<sup>1</sup>, P.A Sansberro<sup>2,3</sup>, L. Harrand<sup>1</sup>, G.J. Oberschelp<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Concordia, Entre Ríos, Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Biotecnología Aplicada y Genómica Funcional, Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET), Corrientes, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: ayala.paula@inta.gob.ar

Existe una gran demanda de clones de eucalipto tolerantes al estrés biótico y abiótico. La aplicación de técnicas de ingeniería genética sobre clones de reconocido desempeño a campo reduciría los plazos del mejoramiento clásico para generar nuevos materiales genéticos. Para ello, es indispensable un protocolo de regeneración *in vitro* eficaz y eficiente, siendo un factor limitante en eucalipto debido a su recalcitrancia. Por ello, se propuso evaluar los efectos e interacciones de diferentes reguladores de crecimiento, tipos de explantes y condiciones de luz, sobre la regeneración *in vitro* de yemas adventicias de eucalipto. Se evaluó el efecto de la adición de Thidiazuron, Dicamba, Picloram y Ácido indol-3-butírico, sobre la neoformación de yemas adventicias en medio MS semisólido, bajo condiciones de oscuridad (los primeros 10 días) o de iluminación ( $34 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ ). Por cada tratamiento se cultivaron tres repeticiones con 10 segmentos de entrenudos y 10 segmentos nodales del clon EG-INTA-1. Transcurridos 30 días de incubación, los mejores resultados se obtuvieron a partir de segmentos nodales,  $0,10 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  de Ácido indol-3-butírico,  $0,025 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$  de Thidiazuron e inducción en oscuridad, con una tasa de regeneración del  $76,6 \pm 11,5\%$ . Los brotes organogénicos obtenidos se seccionaron del explante y se transfirieron a medio MS con 6-Bencilaminopurina y Ácido 1-naftalenacético, empleado en eucalipto para la obtención de microplantas. Estos resultados son un gran aporte para la aplicación de técnicas de ingeniería genética en clones selectos de eucalipto

## MV 52

**EVALUACIÓN DE MEDIOS BASALES EN LA MULTIPLICACIÓN *IN VITRO* DE CLONES *Eucalyptus benthamii* x *E. camaldulensis***

Ayala P.G.<sup>1</sup>, V.L Vivas<sup>1</sup>, P.A Sansberro<sup>2,3</sup>, L. Harrand<sup>1</sup>, G.J. Oberschelp<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Concordia, Entre Ríos, Argentina; <sup>2</sup>Laboratorio de Biotecnología Aplicada y Genómica Funcional, Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET), Corrientes, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias (UNNE), Corrientes, Argentina. E-mail: ayala.paula@inta.gob.ar

La sensibilidad a heladas de los eucaliptos cultivados en la Mesopotamia puede provocar pérdidas parciales o totales en plantaciones jóvenes. Esto llevó al desarrollo de clones híbridos de *Eucalyptus benthamii* Maiden & Cambage x *E. camaldulensis* subsp. *camaldulensis* Dehnh. (BCC), por su tolerancia a heladas y gran capacidad de enraizamiento adventicio. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de los medios MS, JADS, WPM y EDM complementados con 6-Bencilaminopurina ( $0,1 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ) y Ácido 1-naftalenacético ( $0,05 \text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ ), sobre la multiplicación, elongación y enraizamiento, bajo un diseño completamente al azar, con tres repeticiones. Para ello, se evaluó el número de yemas por explante, el porcentaje de enraizamiento y el porcentaje de brotes elongados de cada tratamiento, a los 50 días. Se identificaron efectos significativos para medio de cultivo y clon. El clon BCC12 en medio WPM, fue superior tanto en yemas por explante ( $28,6 \pm 2,13$ ) como en elongación ( $2,37 \pm 0,9 \text{ cm}$ ), mientras que BCC5 presentó la mejor respuesta al enraizamiento ( $7,33 \pm 3$ ) en este mismo medio. Si bien genotipos puntuales, como el BCC12, pueden alcanzar mejores respuestas en WPM, el medio MS generó un elevado número de yemas en los cuatro clones evaluados, resultando el medio más apropiado para la multiplicación *in vitro*. Por otro lado, en medio WPM se obtuvieron respuestas rizogénicas, aún sin un balance hormonal adecuado, indicando su potencial como medio de enraizamiento. Se considera a este trabajo como el primer protocolo para la multiplicación *in vitro* de estos clones híbridos.