

MV

**MEJORAMIENTO
VEGETAL**

**PLANT
BREEDING**

MV 1

HEREDABILIDAD MULTIVARIADA PARA CALIDAD DE FRUTO EN GENERACIONES SUCESIVAS DE AUTOFECONDACIÓN EN TOMATE

Del Medico A.P.¹, M.S. Vitelleschi², A. Lavalle³, G. Pratta⁴.
¹Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe; ²Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas en Estadística (IITAE), Facultad de Ciencias Económicas y Estadística, UNR, Santa Fe; ³Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional del Comahue (UNCo), Neuquén; ⁴Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe. Argentina. gpratta@unr.edu.ar

Como propuesta original, este grupo de trabajo informó el uso de la técnica a tres vías Análisis Factorial Múltiple (AFM) para estimar la heredabilidad multivariada (HM) de la calidad de fruto de tomate. En este trabajo, el objetivo fue validar la propuesta, considerando desde la generación F2 a la generación F5 de un híbrido de segundo ciclo de tomate. Se evaluaron 12 caracteres de frutos en 14 genotipos diferentes (plantas individuales F2 y sus familias obtenidas por autofecundación en F3, F4 y F5, N total: 672). Respecto a la vía generaciones, las correlaciones vectoriales (RV) más altas fueron, como era esperado, entre F2/F3 (0,55), F3/F4 (0,44) y F4/F5 (0,49). RV fue propuesto como estimador de la HM. Al corregir los valores por los correspondientes coeficientes debido al nivel de homocigosis, las HM respectivas fueron de 0,36, 0,42 y 0,41, en concordancia con el aumento del componente de variancia genética aditiva que causa la endogamia. En relación con la vía individuos, los 14 genotipos mostraron valores consenso (VC) con variaciones a lo largo de las generaciones. Estos VC fueron propuestos como los valores de mejora de cada genotipo, por lo que la variación en ellos acuerda con los cambios en la HM. Finalmente, con relación a la vía caracteres, forma, peso, diámetro y altura del fruto, de alta heredabilidad en sentido estricto, mostraron las mayores contribuciones para la construcción del plano principal, que explicó un 37,48% de la variabilidad total. El AFM resultó ser una técnica a tres vías adecuada para estimar la HM de la calidad de fruto de tomate.

MV 2

BIOACTIVE PEPTIDES FROM *Trichoderma*'S SECRETOME: A PROMISING ANTIFUNGAL SOLUTION AGAINST *Fusarium* spp.

Da Silva Pereira L¹, A. Salomón¹, V.A. Campos Bermudez¹, S. Pablo Rius¹. ¹Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI-CONICET), Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. lidasipe@outlook.com

Trichoderma is used in agriculture for its beneficial properties, which promote growth and biological control and induce plant resistance. The objective of this work was to identify and characterize the peptides present in the *Trichoderma*'s secretome capable of inhibiting phytopathogens from the genus *Fusarium*. Initially, a liquid culture with *Trichoderma*'s (Pista 9 strain) proteins was prepared by adding 100 µL of 10⁷ conidia/mL in flasks with 100 mL of medium. The culture was incubated at 28 °C for 7 days at 180 rpm. The solution was then filtered and ammonium sulfate 0–85% saturation was added. The extraction process was accompanied by electrophoresis. The ability of the extract to inhibit *Fusarium* spp. was tested, investigating the *in vitro* antagonistic effects of Pista 9 against *Fusarium* spp. The effect of Pista 9 total extract on the growth of *F. oxysporum* was evaluated by incubating the pathogen with 300 µg/mL of the extract. The electrophoresis showed that the extract obtained from Pista 9 presented most protein bands with low molecular mass ranging from 10 - 75 kDa. The *in vitro* antagonism demonstrated that Pista 9 could inhibit the growth of *F. oxysporum*, *F. graminearum*, and *F. verticillioides*; the extract inhibited 74 % growth of *F. oxysporum*, and hyper-branching was observed. The study provides information on the diversity of antimicrobial proteins/peptides present in the *Trichoderma*'s secretome. With these results, we hope to contribute to the use of peptides from *Trichoderma* as potential molecules in microbial control.

MV 3

SELECCIÓN DE LÍNEAS DE MAÍZ MEDIANTE EL ANÁLISIS DE COMPONENTES PRINCIPALES

Almorza D.¹, A. Prada¹, R. Cuyeu¹, J.C. Salerno^{1,2,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidad del Salvador (USAL); ²Facultad de Ciencias Agroalimentarias (ESIICA), Universidad de Morón (UM); ³Instituto de Genética, INTA Hurlingham. Buenos Aires, Argentina. salernojc@hotmail.com

El análisis de componentes principales incrementa el proceso de selección de caracteres importantes según el objetivo de la selección que se busca mejorar. De esta manera, se puede diferenciar significativamente el comportamiento de los genotipos midiendo las variables disponibles de los fenotipos a considerar en el material de estudio considerado. En el trabajo utilizamos materiales estables contrastantes para poder diferenciarlos en el análisis de los componentes principales (infostat). Se realizaron pruebas para evaluar líneas endocriadas de maíz, mediante un diseño completamente al azar con tres repeticiones, considerando las variables señaladas como responsables del rendimiento. Los resultados mostraron correlaciones significativas entre las variables y además permitieron separar los diferentes grupos de líneas con valores altos y bajos para los caracteres estudiados, facilitando el proceso de selección y acortando el tiempo de obtención de líneas élites para obtener el producto final. Además, se pudo confirmar que algunas variables que se utilizan comúnmente para predecir el peso de las espigas, como el número de hileras, no tienen relación con este carácter, mientras que otras como el diámetro de las espigas estarían más asociadas al peso de la espiga que a la longitud del mismo.

MV 4

COMPARACIÓN DE MODELOS DE SELECCIÓN GENÓMICA PARA RESISTENCIA A RAYADO BACTERIANO DE LA HOJA EN MAÍZ

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

En maíz, el rayado bacteriano de la hoja (BLS) es una enfermedad emergente. La selección genómica (SG) utiliza la totalidad de los marcadores disponibles para estimar el mérito genético (GEBV) de los individuos a seleccionar; por ejemplo, genotipos resistentes a BLS. La eficiencia de la SG se evalúa mediante la correlación entre fenotipos observados y su GEBV. El objetivo del presente trabajo fue comparar dos modelos de SG como herramienta para identificar genotipos resistentes a BLS en maíz. La severidad de BLS se evaluó en una población de 200 líneas de maíz, desarrolladas y provistas por CIMMYT, sembradas en ambientes del sur de Córdoba, Argentina. La información genotípica consistió en 46990 SNP distribuidos en los 10 cromosomas de maíz. Para realizar la SG, se probaron los modelos RR-BLUP y BayesB con un esquema de validación cruzada con 100 iteraciones. Dos conjuntos de datos, uno de entrenamiento (80%) y otro de validación (20%), permitieron la estimación de los parámetros del modelo y contrastar los valores predichos y los observados. Los modelos evaluados tienen una eficiencia de predicción adecuada, y con valores semejantes, para identificar genotipos resistentes a BLS. Estos modelos, permitirían eficientizar la identificación de genotipos resistentes a rayado bacteriano de la hoja en los programas de mejoramiento de maíz.

MV 5

GENOTIPIFICACIÓN DE GENES R CONTRA EL QUEMADO DE ARROZ EN VARIEDADES Y LÍNEAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.).

Colazo J.¹. IEEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos, Argentina. colazo.jose@inta.gob.ar

El arroz es un cereal del cual depende el 50% de la población mundial. Actualmente, una limitante para alcanzar el rendimiento potencial de un ideotipo de arroz son los estreses bióticos y abióticos. La principal limitante biótica mundial es la enfermedad denominada “Quemado de arroz”, producida por el hongo *Pyricularia oryzae*. El objetivo de este trabajo es identificar genes de resistencia en líneas y variedades del programa de mejoramiento. Se utilizará un set de diferenciales con los genes R y marcadores altamente ligados. Los genes estudiados incluyen *Pi-5*, *Pi-ks*, *Pi-k*, *Pi-2*, *Pish*, *Pi-ta*, *Pi-km*, *Pi-7*, *Pi-b*, *Pi-ta2*, *Pi-zt*, *Pi-1*, *Pi-kh*, y *Pi-33*. Se genotipificaron 50 líneas experimentales y variedades de arroz ampliamente utilizadas en Argentina. Las variedades que más genes presentaron fueron ZHE 733 y CANDELARIA, ambas con 5 genes R. En segundo lugar, las variedades dobles YERUA y FORTUNA, Pyri 21, CR 1154 14/15 y CR 2259 CRTES 13/14. Las líneas del programa de mejoramiento ECR 22, ECR CL. 27, 54 y 58 14/15 presentaron 3 genes. El gen que se encontró con menor frecuencia en la población de estudio fue *Pi-33*, seguido por *Pi-b*. Los genes de mayor frecuencia fueron *Pi-5*, *Pi-7* y *Pi-1*. Los marcadores RM 224, RM 527, RM 72, RM 208, 40N23, K6441, K6438 y SCAR B10 resultaron confiables, mientras que los marcadores D25527 y TA801 presentaron amplificaciones inespecíficas en algunos de los diferenciales. Genes reportados de amplio espectro como *Pi-k* y *Pi-kh* no se encontraron presentes en la población.

MV 6

BIOENSAYO GERMINATIVO PARA LA SELECCIÓN POR RESISTENCIA A IMIDAZOLINONAS EN ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Durand M.¹, M.J. Bohl¹, G. Breccia², G. Nestares^{2,3}. IEEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR, UNR, CONICET), Santa Fe; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe. Argentina.bohl.melania@inta.gob.ar

Entre las estrategias de control de malezas más efectivas para el cultivo de arroz se encuentra el uso de cultivares con tecnología de resistencia a herbicidas imidazolinonas (IMI). La selección en estadios tempranos es de interés para los programas de mejoramiento. El objetivo de este trabajo fue desarrollar un bioensayo de selección para diferenciar genotipos susceptibles (S) de los resistentes (R) en el estadio germinativo. El ensayo se condujo en condiciones controladas de temperatura y fotoperíodo por un período de 7 días. Los genotipos Cambá INTA ProArroz (S) y Gurí INTA CL (R) fueron sometidos a diferentes concentraciones de herbicida (mezcla física comercial Imazapic + Imazapir) y la respuesta se evaluó midiendo la longitud del coleoptile. Los datos se analizaron por regresión no lineal utilizando el paquete drc en el entorno R. Las concentraciones de herbicida que reducen el crecimiento del coleoptile en un 50% (GR50) resultaron significativamente diferentes entre los cultivares (0,34 μ M y 559 μ M para Cambá y Gurí, respectivamente). La concentración de 3,16 μ M permitió diferenciar genotipos R y S. Para validar el bioensayo, se evaluaron 11 genotipos, 7 convencionales y 4 resistentes. Los materiales convencionales presentaron una reducción significativa en el crecimiento del coleoptile, con una disminución promedio del 80% en comparación con los materiales resistentes, que mostraron una reducción mínima. Se concluye que se logró optimizar un bioensayo sin suelo para la selección temprana por resistencia a IMI para el cultivo de arroz.

MV 7

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD AMILOLÍTICA EN GERMINACIÓN DE SEMILLAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) A BAJAS TEMPERATURAS

Maiale S.J.¹, B. Wyss¹, M. Durand², J.L. Colazo², A. Rodríguez¹.
¹Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM), Chascomús, Buenos Aires; ²EEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos. Argentina. santiagoomaiale@hotmail.com

El arroz (*Oryza sativa* L.) es un cultivo sensible a las bajas temperaturas, en el que las amilasas son esenciales para la germinación, proporcionando la energía necesaria para el embrión e influyendo en la tolerancia al frío durante esta etapa. El objetivo de este trabajo fue estudiar la relación entre la actividad de las enzimas amilolíticas y la tolerancia a bajas temperaturas en genotipos de uso local y caracterizar materiales índicos y japónicos de un panel de diversidad (PD). Se analizaron 47 genotipos usados como progenitores en el programa de mejoramiento del INTA y un PD con 220 variedades genotipificadas. Las semillas se sembraron en cámara de crecimiento a 15 °C y el tiempo óptimo de medición se estableció en 5 días desde la siembra. En los genotipos locales se midió la actividad de la alfa y beta amilasa, actividad diastásica total (DT) y azúcares acumulados y sólo los dos últimos parámetros en el PD. Se midió por otro lado el largo del coleóptilo a 14 días (LongCol14) como índice de tolerancia. El análisis de correlación mostró asociación entre LongCol14 y todos los parámetros con excepción de la alfa amilasa, con un r de Pearson de 0,5042 y 0,5786 para azúcares acumulados y DT respectivamente. En el PD se observaron diferencias significativas entre japónicas e índicas para azúcares acumulados, pero no para DT. En conclusión, los azúcares acumulados y DT mostraron correlación con tolerancia a bajas temperaturas. Por otro lado, el parámetro azúcares acumulados podría usarse en el desarrollo de marcadores moleculares mediante el uso de GWAS.

MV 8

ESTABILIDAD DEL RENDIMIENTO EN TRIGO PAN ¿ES EQUIVALENTE EVALUAR EN MÁS AÑOS QUE EN MÁS SITIOS?

Mójica C.J.^{1,2}, P.E. Abbate³, E.A. Rossi^{1,2}, N.C. Bonamico^{1,2}, M.G. Balzarini^{4,5}. ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (CONICET-UNRC), Río Cuarto, Córdoba; ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba; ³EEA Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Buenos Aires; ⁴Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba (UNC), Córdoba; ⁵Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA-INTA), Córdoba. Argentina. jmojica@ayv.unrc.edu.ar

El Instituto Nacional de Semillas (INASE) de Argentina solicita para la inscripción de cultivares de especies de fiscalización obligatoria datos de al menos dos años de ensayos en tres sitios, o de tres años en un solo sitio. El objetivo del trabajo fue evaluar la concordancia de la estabilidad del rendimiento de cultivares de trigo pan de acuerdo a los dos criterios admitidos por el INASE. El rendimiento de 10 cultivares de trigo pan de ciclo largo se evaluó en cuatro sitios de la Red de Ensayos de Trigo entre los ciclos agrícolas 2017 y 2020. Los sitios fueron Balcarce, Barrow, La Dulce y Miramar. En dos conjuntos de datos se estimaron los indicadores rendimiento medio, varianza de estabilidad de Shukla y regresión lineal de Eberhardt y Russell. Los conjuntos se conformaron combinando datos de dos años de evaluación en tres de los sitios mencionados y datos de tres años en cada sitio. Para cada indicador se evaluó la concordancia de los resultados entre ambos conjuntos de datos. El rendimiento medio de los cultivares de trigo pan mostró alta concordancia entre ambos criterios (85%). La clasificación de los cultivares como estables varió según el criterio utilizado (38 y 63 % de concordancia para varianza y regresión, respectivamente). La elección del criterio de evaluación puede afectar la selección de cultivares para su inscripción. Este estudio muestra la necesidad de profundizar la investigación de los criterios de evaluación que garanticen la selección de cultivares de trigo pan con un rendimiento estable y adaptado a las condiciones agroecológicas de cada región.

MV 9

SELECCIÓN TEMPRANA PARA RESISTENCIA A IMAZETAPIR EN TRIGO POR GERMINACIÓN EN PLACAS 3-D

Breccia G.¹, M. Morata², F. Reartes³, A. Reartes⁴, A. Romagnoli², C. Ghione⁴, G.M. Nestares^{1,2}, L. Lombardo⁴. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (IICAR, UNR, CONICET), Santa Fe; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Santa Fe; ³Profesional independiente; ⁴EEA Marcos Juárez, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Córdoba, Argentina. gracielanestares@gmail.com

La resistencia a imidazolinonas (IMI-R) es un carácter de interés en los programas actuales de mejoramiento de trigo. Contar con una metodología de fenotipado sencilla que permita la correcta identificación de genotipos resistentes sería útil para asistir a la selección. El objetivo de este trabajo fue evaluar tres genotipos de trigo con IMI-R diferencial a fin de optimizar un protocolo de selección de plantas, en etapas tempranas del desarrollo. Se utilizó un prototipo de placas de germinación 3D con distintas concentraciones de imazetapir (0 a 1000 uM). Los cultivares Nogal (S), MS INTA 622 CL (IMI-R1), y Buck 55 CL (IMI-R2), portadores de 0, 1 y 2 genes de resistencia respectivamente, se incubaron en condiciones controladas de temperatura y fotoperíodo durante siete días en un DCA con tres repeticiones (UE=10 plántulas). Se evaluó: longitud de raíz (LR), longitud aérea (LA) y área verde (AV). Los datos fueron analizados por regresión no lineal. Se obtuvieron respuestas específicas para cada cultivar para las tres variables evaluadas. Los factores de resistencia, calculados como la relación de concentración de herbicida que redujo la variable de respuesta en un 50% (GR50) para los genotipos resistentes y susceptibles, fueron >62 para IMI-R1 y >177 para IMI-R2. A su vez, los valores GR50 de IMI-R2 duplicaron a los IMI-R1. La concentración de imazetapir de 316 uM permitió la discriminación visual de los genotipos IMI-R1 e IMI-R2. Se concluye que es posible la identificación temprana de individuos con diferente número de genes de resistencia a IMI bajo las condiciones del prototipo 3-D.

MV 10

IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS DE TRITÍCEAS TOLERANTES A CONDICIONES HALOMÓRFICAS DEL SUR DE LA PROVINCIA DE CÓRDOBA, ARGENTINA, DURANTE LA GERMINACIÓN

Ruiz M.^{1,2}, L.E. Aguirre^{1,2}, E.M. Grassi^{1,2}, H.E. Di Santo^{1,2}, E.A. Rossi^{1,2}, N.C. Bonamico^{1,2}, J.F. Gorjón¹, M.L. Mattalia¹, M.E. Rovere^{1,2}, M.F. Grossi Vanacore¹. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC); ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (CONICET-UNRC). Córdoba, Argentina. mgrossi@exa.unrc.edu.ar

El sur de Córdoba posee 3,8 millones de hectáreas con suelos halomórficos. Con la finalidad de aumentar la productividad de los sistemas ganaderos se plantea evaluar la tolerancia a la salinidad durante la germinación de líneas estabilizadas de tritíceas. En el Criadero UNINARC de la UN de Río Cuarto se lleva a cabo un programa de mejoramiento de triticale y tricepiro, híbridos intergenéricos que combinan la calidad del trigo con la rusticidad del centeno y agropiro. La tolerancia a salinidad durante germinación se evaluó en 94 líneas F 9 y tres testigos comerciales, en cámara de germinación bajo condiciones salinas de 0, 8 y 16 dS.m⁻¹. Se midió el porcentaje de germinación a ocho días y el largo de la primera hoja a 14 días desde la siembra. Se aplicó un modelo lineal mixto para obtener el mejor predictor lineal insesgado del efecto de cada línea para ambos caracteres. Para la selección de las líneas tolerantes a salinidad, se eligieron aquellas que presentaron un poder germinativo superior al 45% y un largo de hoja superior a 9,5 cm. Seis líneas avanzadas presentaron valores por encima de los umbrales establecidos; mientras que los testigos presentaron valores inferiores. Las líneas de tritíceas identificadas en el presente trabajo son promisorias para continuar con estudios a campo en condiciones halomórficas del sur de la provincia de Córdoba, Argentina, con el fin de aumentar la productividad en sistemas ganaderos.

MV 11

CARACTERIZACIÓN DE CULTIVARES DE CAÑA DE AZÚCAR CON MARCADORES DE RESISTENCIA A ROYA MARRÓN Y SSR

Cedolini S.G.¹, M.I. Pocovi¹, G. Caruso¹, A. Saavedra Pons², F. Yañez², G. Serino². ¹Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta (UNSa); ²Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Colonia Santa Rosa, Salta, Argentina. sergiogastoncedolini@gmail.com

El conocimiento de la variabilidad genética es fundamental para la gestión de bancos de germoplasma y el desarrollo de variedades. El uso de marcadores asociados a resistencias y de SSR permite detectar materiales resistentes a enfermedades, identificar variedades y evaluar la diversidad genética, incrementando la eficacia de los programas de mejoramiento. La selección orientada a diferentes aspectos, durante la obtención de variedades, puede afectar diversas regiones genómicas. Los SSR, populares para describir la variación genética neutral, facilitan la detección de estructura genética en las colecciones de trabajo, conocimiento fundamental para orientar la elección de progenitores que provean mayor variabilidad en la descendencia. Se evaluaron 22 cultivares de caña de azúcar del Programa de Mejora Genética de la Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa para detectar posibles cultivares resistentes a roya marrón, identificar cultivares y caracterizar la diversidad y estructura genética. Se utilizaron los marcadores R12H16 y 9020F4+RsaI (roya marrón) y los SSR NKS 22, 28, 38, 23 y 50. Se evaluó la diversidad y estructura mediante métodos multivariados: UPGMA, ACoP y Análisis Bayesiano. Ambos marcadores para resistencia fueron positivos para nueve cultivares. Informados como marcadores completamente ligados, una recombinación entre R12H16-PCR y 9020-F4+RsaI fue detectada en dos cultivares. La combinación de cuatro SSR es suficiente para identificar estas variedades. Ambos tipos de marcadores proveen información complementaria para la caracterización de estos materiales.

MV 12

CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA EXPERIMENTAL DE CANNABIS MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES ORIENTADOS AL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE CANNABIS MEDICINAL

González Muñoz J.C.^{1,2}, J.M. Zabala^{1,2}, P.A. Tomas², M. Simonutti^{1,2}, M.G. Derita^{1,3}, G. Bigatti⁴, M. Lozada⁴. ¹Instituto de Ciencias Agropecuarias del Litoral-ICiAgro-Litoral CONICET-Universidad Nacional del Litoral (UNL), Santa Fe; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNL, Santa Fe; ³Facultad de Ciencias Bioquímicas y Farmacéuticas, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Santa Fe; ⁴Programa Interdisciplinario de Cannabis, CCT-CONICET CENPAT, Puerto Madryn, Chubut, Argentina. josecamilo.gonzalez@utp.edu.co

El objetivo de la presente investigación fue analizar la variabilidad genética en materiales experimentales y comerciales de *Cannabis sativa* L. para su mejoramiento y posterior aplicación farmacológica. Se analizaron 14 materiales de Cannabis de diferentes quimiotipos, que incluyen ocho poblaciones conservadas en el banco de germoplasma de la FCA-UNL y seis clones inscriptos en el INASE a nombre de CONICET. Se utilizaron seis combinaciones de cebadores SRAPs para analizar la diversidad genética y estructura poblacional mediante PAGE al 4,5 %. Del total de sitios amplificados (89) se observó un 39,81% de loci polimórficos, variando entre 13,45 % y 60,67 % entre materiales. Los resultados indican que en el germoplasma evaluado hay cerca de 1,27 alelos efectivos en promedio y, a su vez, una reducción en la diversidad de los materiales ($I=0,22$). Mediante AMOVA, se pudo confirmar que el mayor porcentaje de varianza molecular se encuentra dentro de cada población con un 72 % mientras que entre poblaciones su nivel de diversidad es altamente significativo con un 28 % ($p<0,001$). Los datos obtenidos por PCoA indican la formación de dos grandes grupos en el germoplasma. El grupo uno contiene los materiales del quimiotipo III y algunas excepciones mientras que el grupo dos relaciona a todos aquellos materiales de los quimiotipos I y II, esto explicado por los tres primeros componentes con un 18,43 %, 13,28 % y 8,30 % respectivamente, resultados coincidentes con lo obtenido mediante UPGMA. La información generada sería relevante para direccionar los próximos cruzamientos del programa de mejoramiento.

MV 13

OPTIMIZACIÓN DEL CULTIVO IN VITRO DE SOJA (*Glycine max* (L.) MERR.)

Zarantonello Peiretti V.¹, C. Pascuan¹, M. Stritzler¹, C. Soria¹, G. Soto¹. ¹Instituto de Genética "E.A. Favret", Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. valenzp96@gmail.com

La soja es uno de los principales cultivos de importancia a nivel global. Como consecuencia de la creciente demanda mundial de alimentos y proteínas, son deseables nuevos cultivares comerciales, con mayor capacidad para soportar el estrés ambiental y con mayor calidad y rendimiento. La transformación de soja se reportó por primera vez en 1988 y desde entonces se ha realizado un gran esfuerzo para mejorar la eficiencia tanto de la regeneración como de la transformación de soja, un gran número de protocolos de transformación genética han sido establecidos durante años. Sin embargo, no se ha logrado, como en otros cultivos, una metodología de transformación eficiente. Por lo expuesto el objetivo general es obtener un sistema eficiente de regeneración y transformación de soja, que pueda ser utilizado de rutina en la edición genética de caracteres de interés agronómico. Para cumplir con este objetivo se realizaron distintos ensayos de cultivo *in vitro* siguiendo el protocolo descrito por Paz y col (2006), con algunas modificaciones. Además, se transformaron embriones de soja con un vector que posee la maquinaria para edición génica y se comprobó el éxito de la transformación por PCR. Se logró obtener con éxito plantas de soja regeneradas a partir de cultivo *in vitro* que mostraron un buen enraizamiento *in vitro*. Por otro lado, se comprobó la correcta transformación de soja a partir de PCR para el gen de la CAS9. Si bien se logró regenerar plantas de soja exitosamente se continúa trabajando en el aumento de la eficiencia.

MV 14

ANÁLISIS DE SEGREGACIÓN DEL GEN *RDC1* DE RESISTENCIA AL CANCRO DEL TALLO DE SOJA (*Diaporthe caulivora*) EN DOS FONDOS GENÉTICOS

Maldonado R.¹, L. Schroether², A. Peruzzo¹, F. Cabrera², G. Pratta¹, R. Pioli¹, M.A. Chiesa¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (FCA-UNR), Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR, CONICET-UNR); ²FCA-UNR. Santa Fe, Argentina. machiesa@unr.edu.ar

El cancro del tallo (CTS) causado por *Diaporthe caulivora* (Dc) es una enfermedad relevante del cultivo de soja. A partir de la identificación del primer gen *Rdc1* de resistencia (R) a CTS-Dc, el propósito de la investigación fue buscar nuevas fuentes de R y continuar la evaluación de la efectividad y el análisis del tipo de herencia del gen *Rdc1*. Para ello, se realizaron cruzamientos entre el genotipo Ge13, portador de gen *Rdc1* frente a CTS-Dc, con dos genotipos susceptibles, Ge13 x Ge4 (usado como referente experimental) y Ge13 x Williams82 (Wo), a fin de realizar el análisis comparativo de la introgresión del *Rdc1* en dos fondos genéticos susceptibles, mediante un criterio mendeliano clásico. Las F₁ fueron validadas como híbridas y heterocigotas mediante marcadores moleculares codominantes (SSR). La población segregante F₂ (Pob.1, n= 169 plantas) derivada de Ge13 x Ge4 y la respectiva F₂ (Pob.2, n= 183 plantas) de Ge13 x GeWo fueron inoculadas con el aislamiento *Dpc16* (identidad validada morfológica y molecularmente). El progreso de la CTS en ambas poblaciones segregantes se realizó semanalmente y finalizó a los 42 días post inoculación (dpi). La segregación de *Rdc1* en la Pob. 1 mostró 130 Plantas Vivas (PV): 39 P Muertas (PM) y la Pob. 2 mostró 144 PV: 39 PM, a los 28 dpi. Ambas ajustaron a una proporción fenotípica de 3:1 con un valor de p < 0.593 y p < 0,233, respectivamente. Estos resultados de alto impacto para mejoramiento de soja corroboraron la efectividad y el tipo de herencia del *Rdc1* a CTS-Dc en dos fondos genéticos susceptibles diferentes.

MV 15

ALGORITMOS DE APRENDIZAJE AUTOMÁTICO PARA LA PREDICCIÓN GENÓMICA EN UN PROGRAMA DE MEJORAMIENTO DE MANÍ

Rossi E.^{1,2}, S. Magallanes², A. Falco², M. Cavigliasso², N. Bonamico¹, M. Balzarini³. ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET, UNRC), Río Cuarto; ²DRS - MANIAGRO; ³Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFYMA, CONICET, INTA). Córdoba, Argentina. erossi@ayv.unrc.edu.ar

La complejidad y alta dimensionalidad de los datos genómicos requieren usar herramientas flexibles y poderosas como los algoritmos de aprendizaje automático. El modelo *Random forest* es un algoritmo supervisado de aprendizaje automático, que produce predicciones competitivas de caracteres continuos, categóricos y binarios. El objetivo de este trabajo fue evaluar la precisión de la predicción de algoritmos de aprendizaje automático para los caracteres incidencia de carbón y madurez en el programa de mejoramiento genético de maní de DRS-MANIAGRO. Una población de 470 familias $F_{3:4}$ fueron evaluadas por los caracteres incidencia de carbón y madurez durante el ciclo agrícola 2023-2024. La evaluación fenotípica de ambos caracteres en cada familia se realizó mediante la apertura manual y observación visual de 300 frutos. Luego, cada familia se clasificó en tres categorías para cada uno de los caracteres. Se utilizó el algoritmo *random forest* de clasificación. La precisión de la predicción se evaluó mediante un esquema de validación cruzada 75-25%. La matriz de confusión indicó una precisión general de 0,85 (0,78-0,91) para incidencia de carbón y de 0,46 (0,37-0,56) para madurez. Si bien la precisión para madurez fue menor, los valores de especificidad (mayores a 0,7) indicaron que el modelo realizó una buena clasificación negativa de aquellos genotipos que no se ajustaban a los valores de madurez establecidos como umbrales del programa de mejoramiento. El algoritmo de aprendizaje automático es una valiosa herramienta para el programa de mejoramiento de maní de DRS-MANIAGRO.

MV 16

ESTIMACIÓN DE CORRELACIÓN GENÉTICA Y GANANCIA POR SELECCIÓN EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE *Panicum coloratum* L. VAR. MAKARIKARIENSE GOOSENS.

Lifschitz M.^{1,2}, L. Umbriago³, C. Ramirez³, N. Garrote¹, A. Ré⁴, M.A. Tomás³. ¹EEA Rafaela, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Santa Fe; ²Smart Campo; ³IdiCaL, INTA-CONICET; ⁴EEA Concepción del Uruguay, Entre Ríos. Argentina. tomas.maria@inta.gov.ar

Panicum coloratum L. var. *makarikariense* es una gramínea subtropical introducida como forrajera en Argentina. El objetivo fue estimar correlaciones y ganancias genéticas directa e indirecta entre caracteres de interés para el mejoramiento genético de la especie. En un DBCA ($r=3$) se evaluaron 50 familias de medios hermanos (FMH), tres plantas/FMH/rep ($N=450$). Se analizaron: altura de planta (alt), ancho de hoja (ah), verdor en hoja (spad), porte (categórico, de 1=achaparrado a 5=erecto), biomasa (bm) al final del verano que incluyó macollos vegetativos y reproductivos, número de panojas ($n^{\circ}p$) y producción de semillas después de la trilla medida en el laboratorio (psem). Se estimaron varianzas, heredabilidades y coheredabilidades de los caracteres, y las ganancias por selección directa e indirecta con intensidad de selección de 20%. Los análisis se realizaron con MetaR. Se observó una correlación positiva y significativa entre el valor de spad y psem ($r=0,76$; $p=0,0001$). Así, la ganancia indirecta estimada en el carácter psem (de difícil medida) fue 16%, similar al que se obtendría si se seleccionara directamente sobre este carácter (16.9%). A su vez, los caracteres bm y ah se correlacionaron negativamente ($r=-0,33$; $p=0,02$), y se estimó que la selección de plantas con hojas angostas permitiría incrementos indirectos en la biomasa (3,69%). Asimismo, mientras que la ganancia por selección directa en bm se estima en 5,11%, la indirecta por spad fue de 5,69%. Los resultados aquí obtenidos brindan información relevante para la generación de variedades comerciales de esta especie.

MV 17

GENERACIÓN DE LÍNEAS MARCADORAS DE AUXINAS Y CITOQUININAS EN *Paspalum notatum* FLÜGGÉ APOMÍCTICO Y SEXUAL

Colono C.M.¹, J.P.A. Ortiz¹, D. Perrone², H. Permingeat¹, G. Orozco², L. Colombo², M. Kater², A. Iacoponi¹, A. Gaggiotti Osa¹, C. Brest¹, M. Sarría¹, R.E. Rodríguez³, V.L. Barrera³, M.A. Mendes², S.C. Pessino¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Campo Experimental Villarino, Santa Fe; ²Dipartimento di Bioscienze, Università degli Studi di Milano, Milán, Italia; ³Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR), CONICET, Rosario, Argentina. colono@iicar-conicet.gov.ar

La apomixis es un tipo de reproducción asexual vía semillas, que da lugar a la formación de descendencia genéticamente idéntica a la planta madre. En trabajos anteriores demostramos que la actividad de las hormonas auxinas y citoquininas está involucrada en distintas etapas del desarrollo apomíctico. El objetivo de este trabajo fue obtener genotipos de *Paspalum notatum* portadores de marcadores fluorescentes de auxinas y citoquininas, con el fin de explorar un posible patrón hormonal diferencial en plantas apomícticas y sexuales. Se indujeron callos indiferenciados a partir de semillas maduras de individuos apomícticos y sexuales y se cotransformaron por biolística con vectores que contenían DR5:VENUS (marcador de auxina) o TCS-GFP (marcador de citoquinina) en combinación con pUbi-BAR (gen selector de tolerancia al glufosinato de amonio). Para cada combinación marcador/genotipo a estudiar se realizaron dos experimentos de ocho placas, con 15 callos en cada una, y los correspondientes controles de selección y regeneración. La microscopía de fluorescencia y/o la amplificación por PCR utilizando cebadores específicos revelaron ocho y cinco eventos de transformación estable para las construcciones de auxina y citoquinina, respectivamente. Se están analizando los perfiles de expresión de los transcritos originados por los marcadores y los patrones de señal fluorescente en raíces y óvulos, utilizando qPCR y microscopía confocal. Este trabajo permitirá revelar la dinámica de la actividad de auxinas y citoquininas durante la reproducción sexual y asexual por semillas de *Paspalum notatum*.

MV 18

MEJORAMIENTO MOLECULAR DEL PERFIL DE ÁCIDOS GRASOS INSATURADOS (PUFAS) EN RECURSOS FORRAJEROS NATIVOS DEL GÉNERO *Paspalum*

Marino L.¹, S. Altabe², C. Colono¹, M. Podio¹, J.P.A. Ortiz¹, D. Balaban¹, J. Stein¹, N. Spoto¹, C. Acuña³, L. Siena¹, J. Gerde¹, E. Kopec Iacomuzzi¹, Y. Ventos¹, T.L. Habbaby¹, M. Esteban¹, S. Tuells¹, T.T. Bravo Rolón¹, J.E. Basualdo¹, L. Trombolini¹, E. Albertini⁴, S. Pessino¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; ²Instituto de Biología Molecular y Celular de Rosario (IBR-CONICET-UNR), Santa Fe, Argentina; ³Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET-UNNE), Corrientes, Argentina; ⁴Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università degli Studi di Perugia, Perugia, Italia. marino@iicar-conicet.gov.ar

El pasto forrajero *Paspalum notatum* Flüggé se reproduce por apomixis, lo que permite implementar programas de mejoramiento rápidos. En *Medicago truncatula*, la anulación de los genes *SUGAR-DEPENDANT 1 (SDP1)* y *PEROXISOMAL ABC TRANSPORTER 1 (PXA1)* resulta en un aumento de la proporción de ácido α -linolénico (omega-3) en hojas, con potencial para mejorar el perfil nutricional de carnes y leches luego del pastoreo. Hipotetizamos que los genotipos de *P. notatum* con menor expresión natural de estos genes presentan mayor contenido de ácido α -linolénico y pueden utilizarse para generar híbridos mejorados de reproducción clonal. Se ensamblaron transcriptomas de hoja de *P. notatum*, se identificaron transcritos homólogos a *SDP1* y *PXA1* y se diseñaron cebadores para cuantificar su expresión mediante qRT-PCR. El perfil de ácidos grasos se analizó por cromatografía gaseosa-espectrometría de masas (GC-MS). Se evaluaron siete materiales divergentes. El genotipo 4x sexual Q4188 mostró las expresiones génicas más bajas y un mayor contenido de ácido α -linolénico. A partir de una cruce Q4188 (madre sexual) x Q4117 (padre apomíctico) se identificaron cuatro híbridos F₁ apomícticos, de los cuales dos (JS9 y JS71) mostraron niveles menores de los transcritos *SDP1* y *PXA1* y mayores de ácido α -linolénico. El contenido total de lípidos de JS9 resultó 25% mayor al control. Estamos evaluando la capacidad germinativa de híbridos y controles. Este trabajo aporta materiales forrajeros nativos novedosos de reproducción clonal y constituye un ejemplo de mejoramiento rápido usando una tecnología basada en la apomixis.

MV 19

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE RAIGRÁS ANUAL CRECIENDO BAJO DISTINTOS NIVELES DE HUMEDAD EDÁFICA

Re A.E.¹, A.D. Pinget¹, M. Acuña², L. Iannone³. ¹EEA Concepción del Uruguay, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Entre Ríos; ²EAA Pergamino, INTA, Buenos Aires; ³Facultad de Ciencias Exactas, Universidad de Buenos Aires (UBA) - CONICET, Buenos Aires, Argentina. re.alejo@inta.gob.ar

El raigrás anual es una de las forrajeras más difundida en la región templado-húmeda de la Argentina, siendo una limitante para la expresión de su potencial productivo el nivel de humedad edáfica. Se evaluaron cuatro poblaciones (POB) de la especie (PIP, FEL, RIB y P10), bajo tres niveles de humedad edáfica (CC: capacidad de campo; 100 % CC, 50 % CC y 25 % CC), con el objetivo de detectar germoplasma promisorio para la selección por tolerancia al estrés hídrico. El ensayo se realizó en macetas (8 l), bajo un DBCA ($r=4$) con arreglo factorial de los tratamientos (4×3). En cada maceta se trasplantaron ocho individuos de la misma población. Las variables evaluadas fueron: número de macollos (NMAC), altura en cuatro momentos (ALT1 a ALT4), biomasa aérea (PSA1, PSA2, PSA3) y biomasa acumulada. Se corrió un modelo mixto para estimar varianzas y heredabilidades (H^2) y se estimaron ganancias por selección y BLUP de los genotipos. No hubo interacción POB*%CC ($p>0,05$) en ninguna variable, detectándose efecto significativo del nivel de CC y la POB ($p<0,05$). Las H^2 presentaron valores nulos para PSA2 ($H^2=0$), medios para ALT3, PSA3 y PSATOT ($0,42<H^2<0,58$) y elevados para NMAC, ALT1, ALT2, ALT4 y PSA1 ($0,76<H^2<0,875$). Las mayores ganancias estimadas por selección se dieron en los caracteres NMAC (13,0%), ALT4 (11,8%), y PSA1 (8.6%), destacándose los BLUP de FEL en NMAC (+1,7 mac/pl), P10 en ALT4 (+3,9 cm), y FEL y P10 en PSA1 (0,02 y 0,04 g/pl, respectivamente). Las poblaciones FEL y P10 serían promisorias para realizar selección por tolerancia a estrés hídrico.

MV 20

VARIABILIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE RAIGRÁS ANUAL CRECIENDO BAJO DISTINTOS NIVELES DE SALINIDAD

Da Silva L.¹, A.E. Re², A.D. Pinget², M. Acuña³. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Concepción del Uruguay, Entre Ríos ³INTA Pergamino, Buenos Aires, Argentina. ludmilasilvarr@gmail.com

El raigrás anual es una de las forrajeras más utilizada como verdeo de invierno, siendo una limitante para su uso los niveles elevados de salinidad. En este trabajo se evaluaron 3 poblaciones (POB: PIP, FEL, RIB) bajo tres niveles de salinidad (SAL: 0 mM, 150 mM y 250 mM) con el objetivo de detectar germoplasma promisorio para la selección por tolerancia al estrés salino. El ensayo se realizó en macetas bajo un diseño en bloques completos aleatorizados ($r=3$) con arreglo factorial de los tratamientos (3×3). En cada maceta o unidad experimental (u.e= 54) se trasplantaron 10 individuos de la misma población. Las variables evaluadas fueron: número de macollos (NAMC) y altura (ALT) en ocho momentos, biomasa aérea (PSA1, PSA2) y biomasa de raíz (PSR). Se corrió un modelo mixto para estimar varianzas, heredabilidades (H^2), BLUPs, y correlaciones genéticas (r_G). No hubo interacción POB*SAL ($p>0,05$) en ninguna variable, detectándose efecto significativo de SAL y POB ($p<0,05$). Las H^2 presentaron valores elevados ($H^2>0,7$) para ALT en todas las fechas y PSA1, fueron intermedias ($0,5<H^2<0,7$) en NMAC1, NMAC2, NMAC3, y PSR, y bajas en el resto de los caracteres. Se detectaron r_G significativos entre ALT y NMAC, y entre ALT y PSA, lo que implicaría la posibilidad de realizar selección indirecta por altura y mejorar la producción de biomasa y el número de macollos bajo estos niveles de sal. Se destacó la población FEL en su producción de biomasa aérea y de raíz, siendo promisorio para realizar selección por tolerancia al estrés salino.

MV 21

HETEROSIS EN RASGOS MORFOLÓGICOS, PRODUCTIVOS, AGRONÓMICOS Y REPRODUCTIVOS DE *Acroceras macrum* STAPP.

Ferrari Usandizaga S.C.¹, E.J. Martínez², E.A. Brugnoli², C.A. Acuña². ¹EAA Corrientes, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); ²IBONE-CONICET. Corrientes, Argentina. ferrariusandizaga.s@inta.gob.ar

Acroceras macrum, es una gramínea africana valorada como forrajera en suelos con exceso de humedad del NEA. Se estudió la variabilidad, heredabilidad (sentido estricto, h^2), heterosis respecto del padre medio (MPH), y correlación entre distancia genética de los padres y HPM, para rasgos morfológicos, agronómicos, fenología y producción de semillas, de cuatro familias de hermanos completos de *A. macrum*. La variabilidad de la progenie, incluso en rasgos para los que los padres no difirieron, refleja su asociación a factores genéticos aditivos. También se observó influencia de factores no genéticos. La HPM fue alta para rasgos relacionados a estructura y porte de la planta, dimensiones de hoja y crecimiento inicial. Los patrones de floración se transmitieron a la progenie en posición, pero en magnitud variable. Éstos se relacionaron al fotoperiodo, sin descartar la influencia de otros factores ambientales. La producción de semillas se relacionó con los picos de floración en posición, no magnitud. Hubo h^2 positiva en todos rasgos, pero variable según la familia estudiada. Esto justifica el mejoramiento de la producción de semillas y otras variables. La distancia genética entre padres podría servir de herramienta de selección para el mejoramiento en la producción de biomasa. Estos resultados son una base para futuros esfuerzos de desarrollar cultivares mejor adaptados para su uso en regiones subtropicales propensas a anegamiento. Además, permiten avanzar hacia satisfacer la demanda de obtención de semillas que faciliten su implantación y comercialización.

MV 22

VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD DE SEMILLAS DE CAMELINA [*Camelina sativa* (L.) CRANTZY]

Spolidori F.A.¹, L.R. Petigrosso¹, V. Crovo¹, G. Eyherabide¹, D. Girotti², J. Lúquez¹, M.M. Echeverría¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMdP), Buenos Aires; ²Global Clean Renewable. Argentina. agustinspolidori@gmail.com

Camelina [*Camelina sativa* (L.) Crantzy] es una especie que se emplea de manera incipiente como cultivo de cobertura o servicio. Debido a la importancia que podría cobrar en Argentina por sus características de producto sustentable, y ante el incremento de superficie de suelos salinos, resulta de interés liberar variedades comerciales tolerantes a estreses abióticos, como el salino. En aras de expandir la frontera agrícola, el objetivo planteado en este trabajo fue conocer la tolerancia a las sales de NaCl de cinco variedades experimentales, en variables asociadas a la germinación y emergencia. Se probaron cinco variedades y cinco condiciones salinas: 0 (control), 40, 80, 120 y 200 mM NaCl. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones en el tiempo (tandas), con arreglo factorial. En cada tanda, se sembraron 40 semillas de cada variedad en rollos de papel humedecidos con agua o solución salina. Las variables determinadas fueron energía y poder germinativo (PG) de las semillas, longitud de radícula (LR) e hipocotilo (LH), peso fresco y seco de plántulas. Todas las variables se redujeron con el incremento de la concentración salina, siendo significativa sólo PG ($p < 0,05$). No hubo diferencias significativas entre 0 y 120 mM para PG. Se detectó interacción entre variedades por tratamiento ($p < 0,05$) para LR y LH, siendo la variedad 1 en 40 mM NaCl la que presentó los menores valores para ambas variables. Estos resultados indican que camelina sería una especie promisoriosa dado que tolera altas concentraciones de salinidad y que hay variabilidad para dicha tolerancia.