

MV

**MEJORAMIENTO
VEGETAL**

PLANT BREEDING

MV 1

CARACTERIZACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL DE UN PANEL PÚBLICO DE LÍNEAS DE MAÍZ (*Zea mays* L.) TEMPLADAS

Torrent I.¹, R. Lorea², G. Rodríguez^{3,4}, J. Velazco¹, D. Presello², M.L. Federico^{2,3}. ¹Estación Fontezuela, Bayer Crop Science, Argentina; ²Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina; ⁴Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Argentina. federico.marialaura@inta.gob.ar

La caracterización y efectiva utilización de la diversidad genética presente en un programa de mejoramiento genético (PMG) es crucial a la hora de incrementar la ganancia genética y responder a cambios en los objetivos de mejora. El PMG de maíz del INTA EEA-Pergamino ha desarrollado, seleccionado y liberado un gran número de líneas endocriadas con adaptación a la región productiva templada de la República Argentina. Estas líneas son un reservorio de variabilidad genética, exhibiendo fenotipos contrastantes en caracteres de interés agronómico (ej. fenología, tolerancia a estreses, color y textura de granos, habilidad combinatoria). En este trabajo, 376 líneas representativas de este programa fueron genotipificadas con un panel DArTag (3305 SNP) desarrollado por CIMMYT-CGIAR. Luego del filtrado de datos genotípicos, 363 líneas y 2.187 SNP permanecieron en el análisis. Estos SNP resultaron altamente informativos, con un PIC promedio de 0,32. Las líneas exhibieron baja heterocigocidad (2% promedio) y los coeficientes de coancestría indicaron un nulo o bajo parentesco entre sí. Las distancias genéticas de Roger presentaron valores superiores a 0,4 en el 59% de las comparaciones, indicando baja redundancia y alta diversidad alélica. La caída del desequilibrio de ligamiento se estimó en 154,5 kpb. Respecto de la estructura poblacional, se detectaron 10 subpoblaciones mediante inferencia bayesiana (STRUCTURE 2.3.4), siendo consistente con lo observado en el análisis de componentes principales y el dendrograma a partir de distancias genéticas. Estos resultados reflejan la historia del PMG y facilitarán el futuro diseño de cruzamientos y desarrollo de modelos de predicción genómica.

Financiamiento: INTA 2023-PD-L01-I087 “Caracterización de la diversidad genética de plantas, animales y microorganismos mediante herramientas de genómica aplicada”, Actividad 75: “Caracterización de la diversidad genética en una población de líneas endocriadas de maíz templado”; CVT-10015 Convenio de Vinculación Tecnológica INTA SEMILLEROS

MV 2

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}.

¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, UNRC-CONICET), Argentina; ³Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina; ⁴Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA, CONICET-INTA), Argentina. mruiz@ayv.unrc.edu.ar

La selección genómica (SG) utiliza la totalidad de los marcadores para predecir el comportamiento de los individuos a seleccionar. En maíz, el rayado bacteriano de la hoja (BLS) es una enfermedad emergente. La SG permitiría identificar genotipos resistentes a BLS estimando su mérito genético (GEBV). La eficiencia de la SG puede evaluarse mediante la correlación entre fenotipos observados y su GEBV. El objetivo del presente trabajo fue evaluar un modelo 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 cinco ambientes del sur de Córdoba, Argentina. La información genotípica consistió en 46.990 SNP distribuidos en los 10 cromosomas de maíz. Para realizar la SG, se probó el modelo RR-BLUP con un esquema de validación cruzada con 100 iteraciones. Los marcadores se consideran como efectos aleatorios y cada marcador contribuye con un efecto aditivo igual a la varianza genética dividido el número de marcadores. Se definió un conjunto de datos de entrenamiento (80%) que permitió la estimación de los parámetros del modelo y otro de validación (20%) con el cual se contrastaron los valores predichos y los observados. Este modelo mostró una adecuada predicción de la estimación para identificar los genotipos de interés. El modelo utilizado constituye una valiosa herramienta para la identificación genotipos resistentes a rayado bacteriano de la hoja en maíz.

Financiamiento: FONCYT PICTO-CBA-00003/2022; FONCYT PICT-2018 03321; CONICET

MV 3

PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS TO CORRELATE VARIABLES IN THE SELECTION OF MAIZE LINES WITH COMBINATORIAL APTITUDE

Almorza D.¹; M. Kandus²; A. Prada¹ J. Salerno^{2,3,4}. ¹University of Cádiz, Spain; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina; ³FCAYV, University of Salvador, Argentina; ⁴FCA, ESICA, University of Morón, Argentina. salernojc@hotmail.com

The selection of maize inbred lines to obtain considerable combinatorial aptitude in the formation of maize hybrids can be improved by applying principal component analysis (PCA) that allows the search for characters of agronomic importance in the improvement of the species under study. This makes it easier to significantly differentiate the behavior of the genotypes considering the variables of interest for grain yield in maize. In this work, inbred lines of maize with high and low disruptive yields were used, and PCA was carried out using Infostat software. A completely randomized design with three repetitions was applied, considering the following variables: P.E. = weight of ears, D.E. = ear diameter, L.E. = ear length and N.H. = number of grains per row. Group a: 8, 61, 76, 91, 96, 101, 104, 123. Group b: 70, 73. Group c: 5, 6, N28, B14, B73 (Control). The results showed significant correlations between the variables and also allowed us to separate the different groups of lines with high and low values for the studied characters. This facilitates the selection process and shortens the time to obtain inbred lines with combinatorial aptitude for obtaining hybrids with high heterosis value.

MV 4

INTERACCIÓN GENOTIPO × AMBIENTE EN LA PRODUCCIÓN DE BIOMASA OTOÑO-INVERNAL DE HÍBRIDOS TETRAPLOIDES DE *Paspalum notatum* Flüggé

Ponce N.A.¹, A.E. Brugnoli^{1,2}, F. Marcón^{1,2}, G.D. Mc Lean³, M.R. Tamborelli³, A.L. Zilli^{1,2}, C.A. Acuña^{1,2}, E.J. Martínez^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET-UNNE, Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina; ³Estación Experimental Agropecuaria Mercedes, INTA, Corrientes, Argentina. nahuel10ponce10@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea subtropical con buena aptitud forrajera, aunque limitada producción invernal. El objetivo del trabajo fue analizar la interacción genotipo x ambiente en la producción de biomasa otoño-invernal de híbridos tetraploides de *P. notatum* en dos localidades contrastantes de Corrientes. Se realizaron dos ensayos, uno en el Campo Experimental FCA-UNNE (CE) y otro en la EEA INTA Mercedes (MER), utilizando una población de 182 híbridos (H) de *P. notatum* 4x, distribuidos en un diseño en bloques al azar con cuatro repeticiones. La producción de biomasa se evaluó en dos períodos (2022 y 2023) mediante la tasa de crecimiento (TC), incremento de gramos por grados días acumulados ($gr\ g^{\circ}d^{-1}$, $Tb = 7,7\ ^{\circ}C$). A principios de abril se efectuó un corte de emparejamiento a 5 cm del suelo y a finales de septiembre se midió la TC. Se observó interacción significativa ($p < 0,001$) para TC en ambos ensayos y períodos. En CE, la TC varió entre 0,1 y 0,02 $gr\ g^{\circ}d^{-1}$ (2022) y entre 0,06 y 0,01 $gr\ g^{\circ}d^{-1}$ (2023). De los 182 H evaluados, el 53% del tercio superior se repitió en ambos períodos. En MER, la TC varió entre 0,06 y 0,01 $gr\ g^{\circ}d^{-1}$ (2022) y entre 0,05 y 0,01 $gr\ g^{\circ}d^{-1}$ (2023). El 60% de los H del tercio superior se repitió en ambos años. Finalmente, solo el 8% de los H se repitieron en ambos ensayos y períodos. Estos resultados indican una adaptación particular de los híbridos a cada localidad.

Financiamiento: Proyectos: ANPCyT PICT 2019-1483, 2017-22920170100038CO CONICET, PI 20A002 UNNE

MV 5

CUANTIFICACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE MANDARINAS Y TORONJAS CON CARACTERÍSTICAS DE INTERÉS AGRONÓMICO EN EL NORESTE DE MÉXICO

Bermúdez Guzmán M.D.J., G.A. Tochiuhitl Martiñón², C.M. Ramos Cruz², J. Vargas Hernández³, L.F. Guzmán Rodríguez⁴.
¹Campo Experimental Tecomán, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), México; ²Campo Experimental General Terán, INIFAP, México; ³Campo Experimental San Luis, INIFAP, México; ⁴Centro Nacional de Recursos Genéticos, INIFAP, México. manuel.bermudez061985@gmail.com

El Campo Experimental General Terán del INIFAP cuenta con un banco de germoplasma de cítricos donde se incorporan nuevas accesiones que presentan características de interés agronómico, las cuales puedan considerarse dentro del programa de mejoramiento genético de cítricos. El objetivo del trabajo fue cuantificar la diversidad genética de genotipos sobresalientes de *Citrus reticulata* (mandarina) y *C. paradisi* (toronja) seleccionados en campo utilizando marcadores moleculares de Microsatélites Amplificados al Azar (RAM). Se amplificaron un total de 42 alelos, sin embargo, la gran mayoría fueron bandas monomórficas no informativas. Con base en la matriz de distancias genéticas con el algoritmo del software GenAlEx 6.51b2 se determinó que los genotipos de mandarina Murcott (EM2 y EM3) eran idénticos al testigo EM1 del mismo cítrico, ya que todas ellas presentaron un valor de 0; la muestra EM19 (híbrido de mandarina y toronja) presentó un valor de 17 con relación al testigo EM1, indicando que existe variabilidad genética entre ellos. Para el caso de las toronjas se detectaron valores muy bajos de variabilidad genética (1-2) entre los genotipos testigos toronja Red Blue (EM20) y Shanbar (EM21) en comparación con los genotipos de toronja Rio Red (EM10, EM11). Finalmente, ambos testigos EM20 y EM21 presentaron valores de distancias genéticas también bajos de 5 y 6, respectivamente, comparados con el genotipo EM19. Es necesario analizar mayor cantidad de marcadores moleculares para buscar polimorfismos que permitan una caracterización más robusta. La diversidad genética entre estos materiales también será determinada mediante análisis de secuencias conservadas de cloroplasto y nucleares.

Financiamiento: Recursos fiscales del INIFAP, proyecto 14425936064

MV 6

ANÁLISIS DE FUENTES DE VARIACIÓN EN PRUEBAS MULTI-AMBIENTES PARA EL RENDIMIENTO EN FRIJOL CAUPÍ

Pastrana Vargas I.¹, M. Espitia Camacho¹, C. Cardona Ayala¹, H. Aramendiz Tatis². ¹Departamento de Ingeniería Agronómica y Desarrollo Rural, Facultad de Ciencias agrícolas, Universidad de Córdoba, Colombia; ²Ministerio de Ciencia Tecnología e Innovación (Minciencias), Colombia. ivanpastranav@correo.unicordoba.edu.co

La comprensión de la importancia de las fuentes de variación (FV) de las pruebas múlti-ambientes (PMA) en el mejoramiento genético del frijol caupí (*Vigna unguiculata* L.) es necesaria para evaluar el comportamiento genético y los factores ambientales que afectan la productividad de los genotipos en la Región Caribe de Colombia (RCC). El objetivo fue evaluar la contribución estadística del ambiente (A), el genotipo (G), la interacción GxA y la correlación entre ellas en el análisis de varianza combinado (ANAVACO), para el rendimiento y peso de 100 granos en la RCC. Se utilizaron los datos de seis PMA, donde se evaluaron 9 a 10 genotipos, bajo el diseño de bloques completos al azar, con cuatro repeticiones. Cada PMA estuvo conformada por tres, cuatro o cinco ensayos, para un total de 24 experimentos, realizados durante las cosechas 2013B, 2014A, 2017B, 2018A, 2022B y 2023A. Los resultados señalan que el A fue la FV más importante en significancia ($p < 0,05$ o $p < 0,01$) y en explicar el 61,7% de la variación del ANAVACO para el rendimiento, seguida por G (22,9%) y GxA (15,4%), mientras que, para el peso de 100 granos, el mayor efecto fue para G (55,7%), seguida por A (30,4%) y GxA (13,9%). Las correlaciones entre A, G y GxA resultaron similares ($r = -0,97^{**}$ a $-0,98^{**}$). Se sugiere subdividir la RCC en subzonas más homogéneas ambientalmente o aumentar en más de cinco el número de ensayos por PMA, para disminuir el efecto del A y la interacción GxA.

Financiamiento: Universidad de Córdoba, Colombia

MV 7

DIFERENCIACIÓN DE NUEVAS VARIETADES DE OLIVO DE LA PROVINCIA DE CATAMARCA, ARGENTINA, MEDIANTE FENOLOGÍA, DESCRIPTORES MORFOLÓGICOS, NIR Y MICROSATÉLITES

Delgado I.D.^{1,2}, I. Amorena^{1,2}, D. Montalvan^{1,2}, N. Ulrich³, L.V. Prenol^{1,2}, J.A. Rodrigues Nunes⁴, D. Tosto³. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca, Catamarca, Argentina; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) – EEA Catamarca, Catamarca, Argentina; ³Instituto de Biotecnología IABIMO UEDD- INTA CONICET, Buenos Aires, Argentina; ⁴Departamento de Biología – Universidade Federal de Lavras, Brasil. delgado.ivan@inta.gob.ar

El cultivo de olivo (*Olea europaea*) en Argentina constituye una actividad agrícola relevante en las regiones de Cuyo y NOA. La provincia de Catamarca se destaca por sus características agroclimáticas favorables para esta especie. El olivo es un árbol perennifolio con diferencias varietales en fenología, desde la floración y maduración, así como en características del fruto y semilla (descriptores), siendo éstas las mejores discriminantes varietales por su menor influencia ambiental. El objetivo del trabajo fue determinar cuáles de los descriptores (INASE) de frutos y semillas de olivo son adecuados para diferenciar nuevas variedades en estudio, como así también, evaluar nueve fases fenológicas, los resultados del análisis en pasta de aceituna con la técnica indirecta de Espectrofotometría del Infrarrojo cercano (NIR) y la diferenciación varietal a través de siete marcadores microsatélites. Se analizaron 14 nuevos ejemplares de olivo de procedencia natural (polinización libre) del programa de mejoramiento varietal del INTA seleccionados por sus características productivas e industriales. A partir de los resultados obtenidos mediante la distancia de Gower y GGPlot se observó que los mejores descriptores varietales fueron, en fruto: peso de 50 frutos y peso de un fruto y, en semilla (carozo): surcos fibrovasculares y presencia de mucrón. A partir de NIR se observó que la materia grasa seca (MGS) en pasta de aceituna fue útil para la discriminación varietal, mientras que, la caracterización a través de los siete microsatélites también constituyó una herramienta valiosa para la diferenciación.

Financiamiento: proyectos PE114 INTA y PD087 INTA