



CABA, 24 de agosto de 2023

Sres. Miembros de la Comisión Directiva de la SAG

Tenemos el agrado de dirigiarnos a Uds. con el fin de informarle el trabajo ganador de la Edición 2023 del **Premio Bienal "Dr. Francisco A. Sáez"**.

El Jurado seleccionado para la elección del trabajo ganador, Dres. J.E. Di Pierri, M. A. Tomas, M. I. Oyarzabal, G. Giovambattista y L. M. Mola, analizó los trabajos originales publicados en JBAG durante el período 2021-2022, totalmente realizados en la Argentina. No consideró para este premio los trabajos de revisión o de opinión. El Jurado unificó criterios a considerar para el otorgamiento del Premio en cuanto a importancia del tema, originalidad, metodología y discusión.

Se decidió otorgar el Premio Francisco Sáez al trabajo MULTI-TRAIT MODELS FOR GENOMIC REGIONS ASSOCIATED WITH MAL DE RÍO CUARTO AND BACTERIAL DISEASE IN MAIZE (MODELOS MULTIVARIADOS EN LA BÚSQUEDA DE REGIONES GENÓMICAS PARA RESISTENCIA A MAL DE RÍO CUARTO Y BACTERIOSIS EN MAÍZ) de Ruiz M.^{1,2}, Rossi E.A.^{1,2}, Bonamico N.C.^{1,2}, Balzarini M.G.³.

¹ INIAB-Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (CONICET-UNRC). ² Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto. ³ CONICET-Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas. ⁴ Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba.

El tema en estudio es de interés para el país. La enfermedad de Río IV es endémica en la región y produce importantes pérdidas de rendimiento en el cultivo de maíz. Para materiales genéticos de la zona, se han realizado evaluaciones para resistencia genética a este virus, pero nunca simultáneamente con resistencia a bacteriosis. Los autores se propusieron identificar regiones genómicas para resistencia a Mal de Río Cuarto y a bacteriosis en 185 líneas de maíz del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). La etapa experimental se realizó en Río Cuarto, observándose variables fenotípicas (incidencia y severidad) y realizándose la caracterización genotípica con 78.376 SNPs. Encontraron correlaciones genéticas entre caracteres para una misma enfermedad, pero no para ambas simultáneamente. En conclusión, el presente trabajo ha aplicado metodologías genómicas en un elevado número de líneas de maíz con el fin de detectar QTLs con el fin de dar respuesta a una temática de gran importancia económica para el país.

Sin otro particular, saludamos a Uds. Atte

J.E. Di Pierri

M. A. Tomas

M. I. Oyarzabal

G. Giovambattista

L. M. Mola