

MV 1

DETECCIÓN DE QTLs PARA CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN FAMILIAS BC₂S₁ DERIVADAS DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE

Luciani M.D.^{1,2}, J.H. Pereira da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}, L.A. Picardi^{1,3}, R. Zorzoli^{1,3}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. ²CONICET. ³CIUNR. E-mail: marianela.luciani@unr.edu.ar

El objetivo del trabajo fue detectar *QTLs* (*Quantitative Trait Loci*) para caracteres de calidad de fruto en familias derivadas de un cruzamiento interespecífico de tomate. Se utilizaron nueve familias BC₂S₁ generadas por autofecundación de plantas de la segunda retrocruza (BC₂) del cruzamiento entre el cv. Caimanta de *Solanum lycopersicum* (padre recurrente) y la entrada LA722 de *S. pimpinellifolium*. Se estudiaron entre 20 y 30 plantas por familia y un total de 3.226 frutos. Se analizaron 28 marcadores moleculares del tipo SSR (*Simple Sequence Repeat*) distribuidos equitativamente en el genoma de tomate y se evaluaron los caracteres de calidad: peso, altura, diámetro, forma, vida poscosecha, espesor de pericarpio, número de lóculos, sólidos solubles, pH, acidez titulable, firmeza y color (índices L y a/b). La asociación entre caracteres cuantitativos y marcadores SSR se determinó a través del método de un sólo punto (*single point analysis*). Se detectaron 19 *QTLs* ($p < 0,01$), de los cuales cuatro (21 %) fueron altamente significativos ($p < 0,001$). Se encontraron *QTLs* para altura, diámetro, forma, peso, número de lóculos, acidez titulable, firmeza y a/b. La forma de los frutos fue el carácter con más *QTLs* encontrados (seis). La variación fenotípica explicada por los *QTLs* estuvo en un rango de 29 al 73 %. Es importante resaltar que 12 de estos 19 *QTLs* ya habían sido detectados previamente en alguna generación anterior (BC₁, BC₂, BC₁S₁) de este cruzamiento. Este estudio permitió la identificación y la validación de diversas regiones genómicas asociadas a caracteres de calidad de fruto.

MV 2

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE TRES POBLACIONES DE RILs EN MAÍZ DISCREPANTES PARA RESISTENCIA A *Fusarium verticillioides*

Belich Y.E.¹, R.N. Pioli^{2,4}, G.R. Pratta^{2,3,4}. ¹Nidera S.A., Venado Tuerto, Santa Fe, Argentina. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. ³CONICET. ⁴IICAR. E-mail: yebelich@nidera.com.ar

Se genotiparon 3 poblaciones de RILs con diferente comportamiento a *Fusarium verticillioides*, cuyos parentales eran resistente x resistente (8BX28/1NH32), susceptible x susceptible (7IE94/7KE05) y resistente x susceptible (IT7EE42/7ME02) que mostraban variabilidad genética para el carácter. La caracterización se realizó mediante 100 SNPs (*Single Nucleotide Polimorphism*) comunes y luego se incluyeron otros SNPs que previamente habían mostrado polimorfismos entre los parentales: 135 en la población RxR, 47 en la población SxS y 36 en la población SxR. La información total se compendió en un cluster general, demostrando que si bien hubo correspondencia entre cada población y sus parentales, se produjo un solapamiento de la variación molecular entre poblaciones ya que algunas RILs se ubicaron fuera de lo esperado para su origen genético. Esto se habría debido, posiblemente, a la recombinación génica ocurrida durante su obtención. Por otro lado, se llevó a cabo un análisis de clusters individuales para organizar los datos genotípicos de las RILs dentro de cada población. Se observó que ciertas RILs se alejaron de uno, otro o ambos parentales. Específicamente, se notó mayor diferenciación genotípica (por las distancias entre RILs y padres) en las poblaciones RxR y RxS que en la SxS. Esto se corresponde con lo observado en el cluster general en cuanto al solapamiento de la variación molecular ya que las poblaciones con mayor diferenciación genotípica en los clusters individuales son aquellas cuyas RILs se ubicaron fuera de lo esperado para su origen genético en el cluster general.

MV 3

CARACTERIZACIÓN DE GERMOPLASMA DE MAÍZ (*ZEА MAYS L.*) CON Y SIN MEJORA GENÉTICA PARA PRODUCCIÓN DE BIOETANOL A PARTIR DEL RASTROJO

García Stepien L.E.^{1,3}, M.B. Aulicino^{1,2}, L.M. Bertoia¹. ¹FCA, UNLZ. ²IFSC-UNLP. ³CONICET.

E-mail: garciastepien@yahoo.com.ar

La biomasa lignocelulósica que compone el rastrojo de maíz (*Zea mays L.*) puede ser convertida a bioetanol de segunda generación. Se buscaron fuentes de variabilidad genética para este recurso que no afecten la producción de grano. Se evaluaron durante 2 años, con un diseño de bloques aumentados, 47 genotipos con mejora granífera (híbridos comerciales, experimentales y compuestos sintéticos) y 100 poblaciones nativas, con el objeto de determinar su aptitud energética e identificar las variables con mayor peso discriminatorio. Se midieron variables asociadas con la producción y calidad del rastrojo: Altura de planta (AltP, m) y de espiga (AltE, m); Rendimiento (RMS, kg/ha); RMS Digestible (RMSD, kg/ha); Vuelco (V,%); Quebrado (Q,%); Azúcares Solubles (AS, °Brix); Digestibilidad (Div, %); Lignina Detergente Neutro (LDA, %); Fibra Detergente Ácido (FDA, %); Fibra Detergente Neutro (FDN, %); Digestibilidad de la FDN (DFDN, %); Proteínas (P, %); Energía Bruta (EB, %) y su relación con el Rendimiento en grano (R, kg/ha) e Índice de Cosecha (IC, %). Mediante el Análisis de Componentes Principales (ACP) se determinó que los 3 primeros explicaron el 60,66 % de la variabilidad total. Las variables de mayor peso en el CP1 fueron: AltP (0,88), RMS (0,85), AltE (0,82), RMSD (0,77), R (0,77), DFDN (-0,72). En el CP2: FDN (-0,78), FDA (-0,77), Div (0,71) y en el CP3: IC (-0,63) y Vuelco (0,64). Las variables con AltP, RMS, RMSD y R fueron utilizadas para construir índices de selección detectándose genotipos promisorios con aptitud de doble propósito (grano-energía).

MV 4

DIFERENCIAS GENÉTICAS EN LA VARIACIÓN DE CARACTERES DE CALIDAD DEL FRUTO DE TOMATE DURANTE LA POSCOSECHA

Bueno R.A.¹, J.H. Pereira da Costa^{1,2}, R. Zorzoli^{1,3}, G.R.

Rodríguez^{1,2}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Campo Experimental J.F. Villarino, Zavalla. ²CONICET. ³CIUNR.

E-mail: rbueno.agronomia@hotmail.com

Los caracteres color, firmeza y vida poscosecha son determinantes de la calidad del fruto en tomate (*Solanum lycopersicum*). Los objetivos de este trabajo fueron analizar la vida poscosecha y la variación en el color y la firmeza durante el proceso de maduración del fruto en distintos genotipos. Se utilizaron cinco líneas: Gema FCA-UNR, Querubín FCA-UNR, ToUNR17, Zebra Green, Red Purple; y dos híbridos como testigos: Houdini y Zatará. En un total de 270 frutos de 31 plantas se evaluó la vida poscosecha (Vp, definido como los días transcurridos desde la cosecha al estado pintón hasta el arrugamiento o excesivo ablandamiento del fruto). También se determinó el color y la firmeza (F) en el momento de la cosecha y el descarte de los frutos. Se compararon los valores medios para cada carácter entre los genotipos por ANOVA y Duncan. Se estimó la heredabilidad en sentido amplio (H²) considerando sólo las líneas. Se analizaron las tasas de variación a partir de las regresiones color *vs.* Vp y F *vs.* Vp. Se encontraron diferencias altamente significativas entre los genotipos para todos los caracteres ($p < 0,01$). Vp (H²=0,90; $p < 0,01$) varió entre 8 días para Red Purple y más de 52 días para ToUNR17. La tasa de variación para color y firmeza fue significativa ($b_1 \neq 0$) en todos los genotipos excepto Zebra Green y ToUNR17. Se concluye que existe variabilidad genética para Vp y que las diferentes tasas de variación de color y firmeza durante la poscosecha estarían indicando un mecanismo de maduración de frutos distinto entre los genotipos.

MV 5

CEPAS DE *Xanthomonas* PATÓGENAS DE CITRUS CAUSAN REACCIONES DIFERENCIALES EN TOMATE.

Gochez A.M.¹, F. Hermosis¹, M.L. Chelotti¹, L. Togno², B.I. Canteros¹. ¹EEA INTA Bella Vista, Corrientes, Argentina. ²EEA INTA La Consulta, Mendoza, Argentina.
E-mail: gochez.alberto@inta.gob.ar

La cancrrosis de los citrus es una de las enfermedades bacterianas más importantes para la citricultura argentina. La cancrrosis tipo A, causada por *Xanthomonas citri* subsp. *citri* (Xc-A) es la especie más agresiva y comúnmente encontrada en el campo. La cancrrosis tipo B (*X. fuscans* subsp. *aurantifolii*-B, Xfa-B) y tipo C (*X. f.* subsp. *aurantifolii*-C, Xfa-C), aisladas en Argentina y Brasil respectivamente también producen síntomas típicos aunque difieren en su especificidad y agresividad con respecto a Xc-A. El objetivo de este trabajo fue determinar la reacción de cada una de estas especies bacterianas luego de ser inoculadas en diversos cultivares de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Se inocularon distintos títulos bacterianos en tomates CV Platense #566; #1802 y #4338 utilizando el método de infiltración en el mesófilo. Se cuantificó la población de cada bacteria mediante recuento de unidades formadoras de colonia por cm² (UFC/cm²) y pérdida de electrolitos a través del tiempo. Se determinó que contrariamente a diferencia de lo observado con Xc-A y Xfa-C, las cuales produjeron una rápida reacción de hipersensibilidad (HR), la cepa Xfa-B no indujo HR en tomate. El método de medición de electrolitos permitió la cuantificación rápida de presencia/ausencia de HR para cada caso, en comparación a los valores de UFC/cm² los cuales fueron menos evidentes para todas las cepas y específicamente en los cv. #566 y #4338. Estos resultados podrían ser utilizados para el desarrollo de métodos rápidos de caracterización taxonómica de cepas de *Xanthomonas* patógenas de cítricos.

MV 6

EFFECTO DE DOSIS ALTAS DE RADIACIÓN SOBRE LA GERMINACIÓN Y CRECIMIENTO DE TRIGO Y TRITICALE

Di Pane F.J.¹, M. García Alba, S.C. Lopez. ¹Chacra Experimental Integrada Barrow (MAA-INTA). ²Comisión Nacional de Energía Atómica.
E-mail: dipane.francisco@inta.gob.ar

En fitomejoramiento, la aplicación de radiación ionizante de rayos gamma ha estado dirigida a la inducción de mutaciones. Esta técnica ha sido ampliamente utilizada en mejoramiento en los principales cultivos. Sin embargo, no se tiene evidencia suficiente del valor máximo de radiación letal para trigo y triticale. El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de dosis altas de radiación sobre el poder germinativo (PG) y el crecimiento inicial (CI) de trigo y triticale. Para esto, semillas secas de ambas especies fueron irradiadas con seis dosis de rayos Gamma (0, 400, 550, 700, 850, 1.000 Gy). Posteriormente, las mismas se pusieron a germinar a temperatura controlada con un diseño completamente aleatorizado y se analizaron mediante un ANOVA. PG en trigo presentó diferencias significativas entre tratamientos con niveles de radiación altos (>700 Gy). Por su parte, PG en triticale presentó diferencia significativa entre el nivel más alto (1.000 Gy) y los demás tratamientos. CI en ambas especies, presentaron diferencias significativas entre todos los niveles de radiación y el testigo. En ambas especies, el nivel de radiación 850 Gy se diferenció del testigo y del tratamiento 400 Gy permitiendo suponer un efecto de radiación aplicada tanto en los procesos de germinación como de crecimiento. En conclusión, dosis altas de radiación afectaron el PG y CI para ambas especies y pudieran afectar el número total de semillas viables en un programa de mejora iniciado por esta vía.

MV 7

IDENTIFICACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS CON LA FERTILIDAD DE LA ESPIGA EN TRIGO PAN

Panolo J.S.^{1,2}, M.P. Alonso^{1,3}, P.E. Abbate¹, A.M. Bernardo¹, A.C. Pontaroli^{1,3}. ¹Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP y EEA INTA Balcarce). ²Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires. ³CONICET.
E-mail: jspanelo@gmail.com

El rendimiento de trigo está fuertemente asociado al número de granos por unidad de superficie. A su vez, el número de granos está definido, entre otros, por la fertilidad de la espiga (FE, cociente entre número de granos y peso de la espiga sin granos). Este carácter es medianamente heredable, pero se desconoce qué genes lo controlan. La identificación de marcadores moleculares asociados a la FE puede proveer información en este sentido, además de asistir en la caracterización y selección temprana de materiales con alta FE. En una población biparental de 146 líneas recombinantes endocriadas (RILs) F7, derivada del cruzamiento entre Baguette 10 y Klein Chajá (contrastantes para la FE), se analizó la asociación de 27 marcadores microsatélites (polimórficos en los parentales) sobre el carácter evaluados en el campo durante dos ciclos agrícolas. Los microsatélites Xgwm291, Xgwm293 y Xgwm332 y un marcador funcional del gen Rht-D1 exhibieron segregación independiente en la población y estuvieron asociados con la FE ($p=0,05$, $0,06$, $0,007$ y $0,001$, respectivamente). El grupo de líneas portador de alelos de alta FE en todos los loci analizados tuvo una FE promedio 8,9 % superior a la media de la población, mientras que el grupo de líneas portador de alelos de baja FE en todos los loci analizados presentó una FE promedio 5,8 % inferior a la de la población. Estos resultados constituyen información valiosa como punto de partida en la identificación de regiones genómicas y asociadas a la FE y, por extensión, a la postulación de genes candidatos para el carácter.

MV 8

CRITERIOS DE SELECCIÓN DE POTENCIALES PORTAINJERTOS HÍBRIDOS PARA BABY KIWI (*Actinidia arguta*)

Briguglio M.^{1,2}, C. Godoy¹, O. Marcellán¹. ¹Unidad Integrada Balcarce (Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP-EEA Balcarce, INTA). ²Becario CIC.
E-mail: omarcellan@yahoo.com.ar

El desarrollo de portainjertos híbridos es una alternativa valiosa para Baby kiwi debido a su escaso desarrollo radical que lo hace vulnerable al estrés hídrico. Por ello, se inició un proyecto para evaluar dichos híbridos por desarrollo radical. Las primeras evaluaciones mostraron que plantas clonadas, a partir de esquejes uninodales, presentaban gran variabilidad fenotípica. Con el objetivo de determinar si la alta variación no heredable se debía a un efecto topofísico (efecto de la posición de la yema en la planta madre que origina la nueva planta) y/o la interacción genotipo x ambiente, se evaluaron tres generaciones clonales de 19 híbridos (*A. arguta* x *A. deliciosa*), propagados a partir de yemas apical, basal y dos centrales, en dos ambientes dados por diferentes intensidades lumínicas en cámara de cría. Se midieron variables de la parte aérea (peso fresco y seco, área foliar y diámetro en la base del tallo) y del sistema radical (peso fresco (PFR) y seco, y longitud total, volumen y diámetro promedio (DR) a través de WinRhizo). Se detectó efecto topofísico significativo e interacción genotipo x ambiente significativa en todas las variables excepto en DR. El grado de determinación genética, obtenido a partir de las varianzas estimadas mediante el método REML, varió desde 0,29 (PFR) hasta 0,74 (DR). Considerando estos resultados, y que las correlaciones de DR entre las tres generaciones clonales y la generación obtenida de semilla fueron significativas ($p<0,01$), DR es un carácter promisorio para ser tenido en cuenta como criterio de selección en generaciones tempranas.

MV 9

CARACTERIZACIÓN GENÉTICO MOLECULAR DE VARIEDADES DE *Junglans regia* L. OBTENIDAS EN INTA CATAMARCA MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES

Ulrich N.¹, A. Toro², A. Prativiera², D. Tosto^{1,3}. ¹Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA, Hurlingham, Buenos Aires. ²INTA EEA Catamarca, Dpto. Valle Viejo, Catamarca. ³Departamento de Ecología, Genética y Evolución, FCEyN, UBA.
E-mail: tosto.daniela@inta.gob.ar

La nuez de nogal es un fruto seco cuya demanda en los mercados internacionales está en ascenso, lo que se evidenció por un aumento de su precio, el que se ha casi triplicado en el período 2002-2012. A partir de 1982 en Argentina se incrementó la variabilidad genética mediante la introducción de variedades "Californianas". En base al material introducido y selecciones locales, se comenzó un programa de mejora varietal dentro del cual el INTA desarrolló seis nuevas variedades de nueces con un potencial productivo 67 % mayor y que cumplen con las máximas exigencias del mercado internacional. Estas son: Trompito INTA, Yaco Tula INTA, Argentina INTA, Chichi Jais INTA, Jais Franquette INTA y Davis INTA, las cuales ya fueron inscritas en el Registro Nacional de Cultivares (INASE). El objetivo del presente trabajo es realizar el análisis genético mediante marcadores SSR para agregar datos moleculares al registro de los cultivares de manera de facilitar una forma de identificación rápida e inequívoca y además, aportar información de carácter genético a los programas de mejoramiento. Para ello se analizaron al menos tres individuos de cada una de las seis variedades inscritas y de otras variedades próximas a inscribirse (Choya, California, Denett, Esquiú, Jais Mayette y Ramillete). Se analizaron mediante la utilización de 10 marcadores del tipo SSR. Los marcadores utilizados amplificaron productos que se encuentran entre 150 y 300 pb. Se pudo observar que algunos agrupamientos respondieron a aspectos fenotípicos de las distintas variedades.

MV 10

ESTABILIDAD DEL NIVEL DE RESISTENCIA A LA PODREDUMBRE BLANCA DE CAPÍTULO EN HÍBRIDOS DE GIRASOL

Dinon A.^{1,3}, F. Castaño^{1,3}, S. San Martino^{1,3}, J. Lúquez^{1,3}, F. Quiroz^{2,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP. ²EEA Balcarce-INTA. ³Unidad Integrada Balcarce.
E-mail: anabella005@yahoo.com.ar

Se desea identificar cultivares de girasol con estabilidad y elevado nivel de resistencia a la Podredumbre Blanca de Capítulos (PBC), provocada por *Sclerotinia sclerotiorum*. Un componente de la resistencia parcial (CRP) a la PBC, el Período de Incubación Relativo (PIR), se evaluó en 35 híbridos distribuidos en diseños en bloques con 3 repeticiones, realizados en Balcarce y en 5 años. Valores de PIR > 1 sugieren un nivel de resistencia favorable porque, en ese caso, los síntomas de PBC se manifiestan con posterioridad a los de los testigos (de buen comportamiento) inoculados el mismo día. La estabilidad se calculó mediante métodos univariados paramétricos y no paramétricos. Los promedios anuales de PIR variaron entre 0,915 y 1,079, mientras que los de los híbridos oscilaron entre 0,641 y 1,433. Debido a la heterogeneidad de varianzas entre ambientes y a la falta de linealidad al particionar el componente de la interacción GxA en función del promedio anual, los métodos paramétricos resultaron los menos apropiados para estimar la estabilidad. Según los métodos no paramétricos de Ketata, de Hühn o de Fox, los híbridos Paraíso65, Paraíso75 y DKSOL3820, con PIR > 1 los 5 años, pueden ser considerados estables y de buen desempeño. Para validar estos resultados se necesitarán investigaciones adicionales que involucren mayor número de ambientes y otros parámetros de estabilidad. Así, la estabilidad para los demás CRP podrá ser también valorada y los cultivares que ofrezcan un nivel de resistencia más elevado en los sitios de cultivo más favorables a la PBC, podrán ser señalados.

MV 11

HÍBRIDOS F1 INTERESPECÍFICOS ENTRE DOS ESPECIES TETRAPLOIDES DEL GRUPO PLICATULA DEL GÉNERO *Paspalum*

Novo P.E.¹, F. Espinoza¹, C.L. Quarin¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina.
E-mail: patriciaenovo@gmail.com

El grupo Plicatula incluye cerca de 30 especies morfológicamente afines a *P. plicatulum*. La mayoría son tetraploides y apomícticas (4xA), aunque algunas contienen también citotipos diploides sexuales (2xS). El sistema reproductivo impide el mejoramiento genético de especies 4xA a través de cruzamientos y transferencia génica. En el IBONE se desarrolló experimentalmente un genotipo autotetraploide sexual de *P. plicatulum* (p4xS). Nuestros objetivos fueron: producir híbridos interespecíficos p4xS × *P. nicorae* (n4xA); analizar la relación citogenética entre ambas especies; determinar el modo reproductivo y fertilidad de los híbridos. Se analizó la meiosis de los padres y los híbridos y se determinó el modo reproductivo mediante citometría de flujo considerando el contenido relativo de ADN del embrión/endospermo. Se obtuvieron varios híbridos p4xS × n4xA, de los cuales sobrevivieron 15; 4 sexuales y 11 apomícticos. El apareamiento de los cromosomas en meiosis sugiere un origen alotetraploide segmentario para *P. nicorae* e indica que el apareamiento de los cromosomas en los híbridos es preferentemente autosindético puesto que en ellos se observa mayor número de bivalentes y muy pocos cuadrivalentes en relación a ambos padres. La fertilidad de los híbridos fue variable, superando en algunos el 55 % de espiguillas con grano. Como los híbridos forman semillas y segregan para el modo reproductivo (apomixis), es posible realizar transferencia génica entre estas especies mediante cruzamientos y usar el carácter apomixis en el mejoramiento.

MV 12

FERTILIDAD DE UNA POBLACIÓN TETRAPLOIDE SEXUAL SINTÉTICA DE *Paspalum notatum*

Zilli A.L.^{1,2}, V. Guidalevich², R.R. Schulz², C.A. Acuña^{1,2}, E.J. Martínez^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste.
E-mail: alexzilli@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea estival perenne nativa de Sudamérica. Presenta citotipos diploides sexuales y poliploides apomícticos. Una población tetraploide sexual sintética (4xSS) fue generada a partir del inter-cruzamiento entre 29 F1 sexuales provenientes de 10 familias, las cuales fueron obtenidas por hibridación entre 3 genotipos sexuales experimentales y 10 genotipos apomícticos naturales. La determinación del nivel de fertilidad de esta nueva población es fundamental para encarar un programa de mejora. El objetivo de este trabajo fue evaluar el nivel de fertilidad de la población 4xSS de *P. notatum*. La fertilidad fue medida durante dos años consecutivos (2014-2015) en base a la producción de semillas en condiciones de autopolinización forzada (AF), polinización abierta (PA) y polinización cruzada (PC) por dos cultivares apomícticos de *P. notatum* (Boyero y Argentine). En AF y PA se analizaron 19 individuos seleccionados; mientras que en PC se seleccionaron 11 plantas, las cuales fueron cruzadas por el cv. Boyero en 2014 y por el cv. Argentine en 2015. La producción de semillas en AF mostró un rango de variación promedio entre 0 y 22,3 %, con una media de 13,3 %; mientras que en PA varió entre 4,7 % y 61 %, con una media de 30,3 %. La producción de semilla en PC por el cv. Boyero varió entre 4,1 y 33,7 %, con una media de 22,1 %; mientras que por el cv. Argentine arrojó valores entre 7,7 % y 72,6 %, con una media de 33,2 %. La alta variabilidad permitirá seleccionar madres con alta producción en PA y PC, y baja en AF para los programas de mejora.

MV 13

HIBRIDACIÓN Y SEGREGACIÓN DE LA APOMIXIS EN UN TEST CROSS DE *Paspalum notatum*

Schulz R.R.¹, A.L. Zilli^{1,2}, C.A. Acuña^{1,2}, E.J. Martínez^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste.

²Instituto de Botánica del Nordeste- CONICET.

E-mail: rober.r.schulz@gmail.com

El mejoramiento de especies apomícticas se basa en fijar híbridos superiores por medio de la apomixis. Para ello es fundamental conocer la eficiencia de la hibridación y segregación de la apomixis. *Paspalum notatum* Flügge es una especie forrajera multiploide con predominancia de razas tetraploides apomícticas. El objetivo de este trabajo fue: I) evaluar la eficiencia en la hibridación en cruzamientos entre genotipos tetraploides sexuales sintéticos (4xSS) y un cultivar tetraploide apomíctico de *P. notatum* y II) determinar la segregación del carácter apomixis en los híbridos de las familias generadas. Un total de 12 genotipos 4xSS fueron utilizados como progenitores femeninos los cuales fueron cruzados por el cultivar apomíctico Boyero UNNE. La eficiencia en la hibridación se estimó a partir de un test de progenie usando marcadores moleculares de SSR e ISSR. La segregación de la apomixis fue determinada por medio de dos marcadores de RAPD (UBC259-1157 y UBC243-437) 100 % ligados al carácter. Se obtuvieron 25 descendientes para cada una de las 12 familias. El porcentaje de híbridos por familia varió entre 36 % y 80 % con una media de 57,8 %. La proporción de híbridos apomícticos varió entre 0 % y 40 % con una media de 16,8 %. La eficiencia en la hibridación fue variable y relativamente baja debido al grado variable de autogamia de los genotipos maternos. La variable proporción de híbridos apomícticos en las familias pudo deberse a una mayor o menor distorsión en la segregación de la apomixis por influencia del genotipo materno.

MV 14

ENSAYOS MULTIAMBIENTALES PARA LA REACCIÓN DE LÍNEAS ENDOCRÍADAS DE MAÍZ AL VIRUS DEL MAL DE RÍO CUARTO

Ibañez M.A.¹, M.A. Di Renzo¹, E.A. Rossi¹, N.C. Bonamico¹.

¹Mejoramiento Genético, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto.

E-mail: mibanez@ayv.unrc.edu.ar

El índice de severidad de enfermedad (ISE), indicador multidimensional de la reacción al Virus del Mal de Río Cuarto, es una media ponderada de la severidad e incidencia de la enfermedad Mal de Río Cuarto en maíz. Ensayos multiambientales se realizaron para identificar líneas endocrías recombinantes (RIL) tolerantes y genotípicamente estables, y detectar los mejores ambientes de evaluación. El ISE de 220 RIL se evaluó en 6 ambientes. El análisis de la varianza mostró que los efectos de ambiente (E), de genotipo (G) y de la interacción GE fueron estadísticamente significativos ($p < 0,0001$). Debido a la naturaleza incompleta de la base de datos y al efecto aleatorio de los factores, los componentes principales (CP) se estimaron con el valor genotípico del ISE predicho, mediante el método REML/BLUP. Los dos primeros CP usados en el biplot GGE explicaron el 60 % de la interacción GE. El biplot mostró tres grupos con dos ambientes cada uno, E1 y E5, E2 y E3, E4 y E6, sugiriendo que las líneas podrían evaluarse en un menor número de ambientes. De acuerdo con la coordenada ambiente media (AEC) del biplot, alrededor del 50 % de las líneas mostraron valores altos e intermedios de tolerancia. Los ambientes E4 y E6, con mayor presión de enfermedad, fueron los más representativos. Mientras E3 y E5, con valores moderados de enfermedad, fueron los más discriminantes. Siete RIL mostraron la mayor susceptibilidad, mientras que otras siete, entre las más tolerantes, presentaron un comportamiento genotípicamente estable. Estas RIL resultan promisorias en programas de mejoramiento genético.

MV 15

HEREDABILIDAD *AD HOC* Y CORRELACIONES GENOTÍPICAS EN CARACTERES ASOCIADOS AL RENDIMIENTO DE FORRAJE DE LA MOHA (*Setaria italica* (L.) BEAUV.)

Martínez E.S.¹, M.L. Acuña^{1,2}, J.G. Velasco³. ¹Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA), Argentina. ²EEA Pergamino, INTA, Argentina. E-mail: martinez.emilce@inta.gov.ar

El rendimiento de forraje de moha es un carácter complejo determinado por numerosas variables morfo-genéticas y estructurales. Es de interés estudiar las asociaciones y heredabilidades de los caracteres componentes del rendimiento de forraje, con los objetivos de: (i) estimar parámetros genéticos en caracteres relacionados con el rendimiento de forraje; (ii) estimar la heredabilidad *ad hoc* para cada carácter. Se evaluaron 44 líneas de moha de una población de mejoramiento x 3 años, en un DBCA con 4 repeticiones. Las variables fueron: rendimiento de forraje (RF), días a floración (DF), superficie lámina (SL), altura de planta (AP), número de macollos/planta (NM), número de hojas/macollo (NH) y área foliar/planta (AF). Los datos se analizaron mediante la aplicación de modelos lineales mixtos basados en REML empleando el *software* estadístico SAS 9.2. Se calculó un estimador *ad hoc* de la heredabilidad en sentido amplio, por considerarse más adecuado cuando se presentan datos desbalanceados. Las correlaciones genotípicas (rg) y fenotípicas (rp) entre las variables se estimaron a partir de las variancias y covariancias derivadas del análisis multivariado. Los caracteres asociados al rendimiento de forraje en moha presentaron altas heredabilidades y estuvieron correlacionados genéticamente tanto en forma directa como indirectamente con el rendimiento de forraje *per se*. Conocer las heredabilidades y asociaciones de los caracteres componentes de rendimiento es de suma utilidad para el mejoramiento genético del rendimiento de forraje en moha.

MV 16

CARACTERIZACIÓN DE POBLACIONES DE AGROPIRO ALARGADO EN CARACTERES DE PRODUCCIÓN DE SEMILLA

Pistorale S.M.^{1,2}, L. Balestro², C. Oses², M.L. Maciel^{2,3}, M.L. Acuña^{2,4}. ¹Departamento de Ciencias Básicas, Universidad Nacional de Luján. ²Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales, Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires. ³CITNOBA (Centro de Investigaciones y Transferencias del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires). ⁴INTA. E-mail: susanapistorale@gmail.com

En el mejoramiento genético y selección de genotipos superiores es clave conocer las relaciones entre la producción de semilla (RS) y aquellas características morfológicas y reproductivas que determinarán el rendimiento final. Para el estudio del RS y sus componentes (CRS) se pueden aplicar diferentes metodologías que permitan determinar la relación entre las mismas. Una de las más utilizadas son las basadas en métodos de regresión. Los objetivos fueron: i) evaluar los CRS en poblaciones (Pob) de agropiro alargado; ii) identificar los CRS que expliquen mejor el RS en cada Pob; iii) evaluar la relación entre cada CRS y el RS para cada Pob. El ensayo se realizó con 4 Pob y un cultivar (CV), con 96 individuos total por Pob y CV, en DBCA con 3 rep. Los CRS evaluados por planta individual fueron: altura (AP), número de macollos (NM), ancho de mata (AM), número de espigas (NE), largo de espigas (LE), número de espiguillas (NEsp), peso de mil semillas (PM) y RS. Se realizó ANOVA y Regresión parcial por mínimos cuadrados (PLSR). Esta metodología aplicada en cada Pob permitió determinar cuáles son las variables que presentaron mayor influencia sobre RS. Los resultados evidenciaron que existió un comportamiento diferencial de las variables independientes en relación con el RS. Tanto en las Pob como en el CV, las variables analizadas no responden de la misma forma. En términos generales AM, NE, LE y PM fueron las que presentaron resultados estadísticos significativos en las Pob y CV, y AP para ninguno de ellos. Los resultados obtenidos indican una amplia variación entre Pob para los CRS.

MV 17

CARACTERIZACIÓN DE LA RESISTENCIA A IMAZAPIR Y METSULFURÓN METIL CONFERIDA POR EL ALELO *Ahasl1-4* EN GIRASOL

Gianotto L.¹, G. Breccia^{1,2}, T. Vega^{1,2}, E. Altieri³, M. Bulos³, G. Nestares¹. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. ²CONICET. ³Departamento de Biotecnología, Nidera S.A, Venado Tuerto, Santa Fe, Argentina.
E-mail: gnestare@unr.edu.ar

En girasol el locus multialélico *Ahasl1* determina la resistencia a herbicidas inhibidores de la enzima acetohidroxiácidosintasa (AHAS). Recientemente se describió el alelo *Ahasl1-4* con resistencia cruzada a inhibidores de AHAS. El objetivo del trabajo fue caracterizar la resistencia de este alelo a los herbicidas imazapir (IMI) y metsulfurónmetil (SU) en plántulas en estadio V2. Se evaluaron 3 isólinas homocigotas para los alelos *Ahasl1-4* (4-4), *Ahasl1-1* (1-1 resistente a IMI) y *ahasl1* (0-0 susceptible) y los cruzamientos entre ellas (0-1, 0-4 y 1-4). Los aquenios se sembraron e incubaron en condiciones controladas de temperatura y fotoperíodo y se regaron con solución nutritiva con distintas concentraciones de herbicida. El diseño experimental fue el de bloques completos aleatorizados con 3 repeticiones. Se evaluó: longitud de raíz principal (LP), longitud de raíz principal con raíces laterales mayores a 5 mm (LPb), longitud de raíz lateral más larga (LL), área foliar total (AF) y longitud del primer par de hojas (LF) a través de análisis digital de imágenes. Se efectuó un análisis de regresión no lineal y los datos de todas las variables ajustaron a un modelo log-logístico. En ambos ensayos, los genotipos 4-4 y 1-4 presentaron los mayores valores de GR50 (concentración de herbicida que ocasiona disminución del crecimiento de 50 %) y se observaron diferencias significativas al compararlos con los genotipos 1-1 y 0-0. Se concluye que el nuevo alelo *Ahasl1-4* confiere un alto nivel de resistencia a IMI y SU, significativamente mayor que el alelo *Ahasl1-1*.

MV 18

DISEÑO DE ESTRATEGIAS DE MEJORAMIENTO EN UN HÍBRIDO DE SEGUNDO CICLO DE TOMATE

Cabodevila V.G.^{1,2,4}, J. de Diego^{1,4}, L.A. Picardi^{1,3}, G.R. Pratta^{1,2}. ¹Cátedra de Genética, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario. ²CONICET. ³CIUNR. ⁴Ex Aequo.
E-mail: victoria.cabodevila@unr.edu.ar

La partición de la variancia genética (VG) permite definir los pasos a seguir para aprovechar eficientemente la variancia aditiva (VA) y la no aditiva (VNA) en programas de mejora. En autógamias es útil explorar distintos métodos para estimar parámetros tal como la heredabilidad de los caracteres de interés para el programa. Se evaluó una población compuesta por 18 familias F₃, provenientes de la autofecundación de 18 individuos F₂ del híbrido de segundo ciclo (ToUNR18xToUNR1) para los caracteres: diámetro (D), altura (A), forma (Fo), peso (P) y vida poscosecha de los frutos (VP). Se utilizó la regresión progenie progenitor (RPP) y análisis de la variancia (ANDEVA) entre estas familias derivadas del cruzamiento biparental. La estimación de la heredabilidad por RPP y ANDEVA fue para D: de $0,41 \pm 0,16$ y $0,750 \pm 0,005$; para A: $0,46 \pm 0,09$ y $1,0 \pm 0$; para Fo: $0,43 \pm 0,12$ y $0,650 \pm 0,007$ y para P: $0,33 \pm 0,11$ y $0,910 \pm 0,001$ respectivamente. Para VP fue significativo solo $0,54 \pm 0,01$, por ANDEVA. Es evidente que la estimación independiente de VA y VNA se dificulta debido a la diferente contribución relativa que ambas realizan a la VG según cada método. Estos resultados sugieren que, ante la diversidad obtenida en estas estimaciones, sería conveniente la selección individual en los caracteres D, A y Fo y la selección familiar para P, utilizando luego la posible heterosis, dado los valores tanto de VA como de VNA. Para VP sólo sería posible el aprovechamiento de VNA.

MV 19

VARIACIÓN SOMACLONAL EN PLANTAS REGENERADAS *in vitro* DE BUFFEL GRASS

Carlóni E.J.¹, E. López Colomba¹, A. Ribotta¹, M. Quiroga¹, S. Griffa¹, E. Tommasino¹, K. Grunberg¹. ¹Instituto de Fisiología y Recursos Genéticos Vegetales, Centro de Investigaciones Agropecuarias, INTA.
E-mail: edgardocarloni@gmail.com

El cultivo *in vitro* permite generar variabilidad genética mediante variación somaclonal. Este fenómeno puede ser potencialmente útil en programas de mejoramiento genético de materiales apomícticos de buffel grass. En este contexto, el objetivo fue analizar en plantas regeneradas *in vitro* la ocurrencia de variación somaclonal mediante técnicas de citometría de flujo, citológicas y marcadores ISSR. Se utilizaron siete plantas regeneradas vía embriogénesis somática, a partir del cultivo *in vitro* de anteras de buffel grass. Se utilizó como planta dadora de anteras (PDA) un cultivar apomíctico aneuploide ($2n=43$). El nivel de ADN ploidía se estimó mediante $y=6.0501 + 9.6522x$, donde y es el número de cromosomas y x el contenido de ADN nuclear (pg). El análisis de regresión lineal indica que aquellos materiales que presentaron menor contenido de ADN nuclear perdieron un cromosoma y los estudios citológicos en uno de ellos lo confirman. No obstante, en las plantas con mayor contenido de ADN nuclear, los resultados indican una posible poliploidización. El empleo de 22 cebadores permitió detectar un 12 % de polimorfismo, con un 5-24 % de divergencia respecto a PDA. Estas observaciones sugieren que, además de los cambios detectados en los niveles de ADN ploidía, las plantas regeneradas también podrían haber sufrido mutaciones puntuales en el genoma. Además, las plantas trasplantadas a campo presentaron características fenotípicas diferentes. Este estudio sugiere que la variación somaclonal es una herramienta útil para generar variabilidad genética en genotipos apomícticos de buffel grass.

MV 20

VARIABILIDAD GENÉTICA DE CARACTERES DE LA CAPTURA DE LUZ EN UNA POBLACIÓN DE LÍNEAS ENDOCRIADAS RECOMBINANTES DE MAÍZ

Molins L.G.^{1,2}, E. Mroginski², A.G. Cirilo², G.H. Eyherabide².
¹CONICET. ²INTA Pergamino, Argentina.
E-mail: molins.luciano@inta.gob.ar

Uno de los factores más importantes que limita la productividad en maíz en condiciones de alta densidad de siembra es la penetración de la luz a través del canopeo. Las características morfológicas de la planta, como la altura, el ángulo de inserción, orientación y tamaño de la hoja, son los factores principales que afectan la penetración de la luz, mientras que el retardo en su senescencia permite prolongar la producción de fotoasimilados para el llenado de granos. La variabilidad genética existente asociada a estos atributos representa una oportunidad útil para los programas de mejoramiento orientados a aumentar el rendimiento. El objetivo de este trabajo fue fenotipar los caracteres ecofisiológicos asociados a la captación de radiación en una población de mapeo compuesta por 138 RILs S_6 y estimar la contribución relativa de la variabilidad genética a la variabilidad en la expresión fenotípica de esos caracteres a través del coeficiente de heredabilidad. Los atributos medidos fueron analizados mediante análisis de la varianza para determinar la existencia de variabilidad entre genotipos. El análisis de varianza indicó diferencias genotípicas significativas ($p < 0,0001$) en todos los caracteres. Mediante el empleo de modelos mixtos se estimaron los componentes de varianza genotípica y ambiental y se determinó la heredabilidad basada en la media de familias. Se observaron heredabilidades altas, entre las cuales las dos más altas fueron para ángulo de inserción foliar y persistencia de hojas verdes (0,87 y 0,83 respectivamente) y la heredabilidad más baja (0,34) fue para la fracción de la radiación fotosintéticamente activa interceptada por el canopeo (fIPAR).

MV 21

DETECCIÓN DE REGIONES CROMOSÓMICAS ASOCIADAS A LA TOLERANCIA A BAJAS TEMPERATURAS EN LA GERMINACIÓN DEL MAÍZ

Fesser E.¹, E. Mroginski^{1,2}, L. Galizia², G. Eyherabide^{1,2}. ¹UNNOBA. ²INTA EEA Pergamino, Grupo de Mejoramiento de Maíz.
E-mail: mroginski.erika@inta.gob.ar

En los últimos años ha adquirido importancia el mejoramiento para adaptación a diferentes tipos de estrés, entre ellos, las bajas temperaturas. Los distintos estudios han comprobado que el vigor temprano en el maíz es un carácter cuantitativo complejo, que está controlado por diversos factores genéticos. El objetivo del trabajo fue identificar regiones cromosómicas asociadas con la tolerancia al frío durante la germinación del maíz en una población F_2 , derivada del cruzamiento entre dos líneas contrastante para la tolerancia al frío. El valor fenotípico de cada F_2 se obtuvo mediante el promedio de cada una de las variables medidas en las $F_{2,4}$. Las mismas se incubaron bajo dos tratamientos: control (7 días a 24° C) y baja temperatura (siembra a 8° C, aumentando cada 7 días a 9, 10, 13 y 14° C). Se evaluó peso húmedo y seco de las plántulas al finalizar el experimento, porcentaje de germinación y de semillas con coleóptilo mayor a 0,5 y 1 cm y con radícula mayor a 0,5 y 1 cm. La caracterización molecular de las plantas F_2 , usando 23 SSRs polimórficos en los cromosomas 1 y 5, permitió la construcción de mapas de ligamiento para ambos cromosomas. Mediante análisis de marcadores individuales se encontraron asociaciones significativas entre cuatro SSRs y el peso de parte aérea y raíz en condiciones de baja temperatura y un SSR asociado al porcentaje de germinación en frío. Este estudio preliminar permite un acercamiento a las regiones con posibles *QTL*, las cuales serían saturadas con mayor número de SSRs con el fin de obtener una estimación a través de métodos de mapeo más precisos.

MV 22

EFFECTO DEL GENOTIPO SOBRE LA VIABILIDAD DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE KIWI

Irastorza J.¹, M. Briguglio^{1,2}, M. Murcia¹, O. Marcellán¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP. ²Becario CIC.
E-mail: jo_irastorza@hotmail.com

Actinidia arguta es una especie con escaso desarrollo radical que la hace muy vulnerable al estrés hídrico. Una alternativa valiosa es la utilización de portainjertos resultantes de la hibridación entre *A. arguta* y *A. deliciosa*. Debido a que los cruzamientos intraploides en *Actinidia* son más exitosos, se trabajó con la selección femenina Issai de *A. arguta* que es 6x al igual que todos los genotipos masculinos de *A. deliciosa*. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del progenitor masculino sobre los porcentajes de semillas viables y plántulas normales logradas. Para ello fue necesario optimizar las condiciones de germinación de semillas a través de la prueba de diferentes tratamientos (aplicación de ácido giberélico, estratificación a 4° C por 1 y 4 meses, y combinación de ambos). Para la evaluación del efecto de los progenitores masculinos SummerFaenza, Chieftain, M52 y M56, se realizó un ensayo de germinación, con semillas obtenidas por cruzamientos controlados, con cuatro repeticiones, y con la aplicación de ácido giberélico y 1 mes de estratificación (condición óptima encontrada). Se observaron diferencias significativas para % de germinación (44 % para M56 *vs.* 29,6 % para Chieftain) y % de plántulas normales (23 % para SummerFaenza *vs.* 3 % para Chieftain). No se encontraron diferencias significativas para tiempo medio de germinación y longitudes de hipocótilo y radícula. Si bien se obtuvieron números variables de plántulas híbridas por combinación de progenitores, se pudo contar con variabilidad genética para iniciar las evaluaciones de los potenciales portainjertos.

MV 23

SELECCIÓN MASAL VISUAL ESTRATIFICADA DE MAÍZ CON ADAPTACIÓN AL VALLE INFERIOR DEL RÍO NEGRO

Rodríguez G.E.^{1,2,3}, N. Salomón^{1,2,3}, F.A. Margiotta^{1,2,3}. ¹Ingeniería Agronómica, Universidad Nacional de Río Negro, Sede Atlántica, Viedma, Río Negro. ²Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Bahía Blanca. ³INTA Estación Experimental Agropecuaria Valle Inferior del Río Negro.
E-mail: gabyelirodriguez@gmail.com

En el valle inferior del Río Negro existen productores con bajos recursos que no pueden acceder a tecnologías avanzadas (híbridos) lo que implica la compra de semilla todos los años. Por ello se inicia un programa de mejoramiento para obtener una población de maíz de polinización libre adaptada al área de influencia antes citada para que estos productores, amparados por la Ley de Semillas, puedan hacer uso propio de las semillas de maíz de esta población en campañas sucesivas. Se partió de 10 híbridos comerciales que son utilizados por los productores de la zona, sembrados en un Diseño BCA con cuatro repeticiones en INTA IDEVI, provincia de Río Negro. Se aplicó selección masal visual estratificada en los caracteres altura de inserción de la primera espiga, altura de planta, porte erecto y sanidad, con una intensidad del 10 %. En laboratorio se midieron componentes de rendimiento de caracteres cuantitativos: diámetro medio y longitud de mazorca, número de hileras, número de granos por hilera y relación grano/marzo, totalizando 247 plantas. Se empleó una presión de selección del 20 % sobre el componente longitud de mazorca (variable con mayor CV) obteniendo un diferencial de selección de 1,43 cm, siendo 51 las plantas que cumplían con esta condición. La reducción de la varianza fenotípica fue de 40 %. Una mezcla equilibrada de estas serán progenitoras de la siguiente generación (2015-16) las cuales serán sembradas en forma aislada para mantener las condiciones de equilibrio H-W, que se medirá en la siguiente campaña junto con datos fisiológicos de la población.

MV 24

COMPOSICIÓN ACÍDICA EN SEMILLAS DE *Helianthus annuus* NATURALIZADO EN ARGENTINA Y EFECTOS GENÉTICOS DIRECTOS EN CRUZA CON UNA LÍNEA CULTIVADA

Fernández Moroni I.^{1,2}, A. Presotto^{1,2}, M.J. Martínez³, N. Salomón¹, D. Álvarez³, M. Cantamutto⁴. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur. ²CONICET, Bahía Blanca. ³Grupo Mejoramiento Vegetal, INTA EEA Manfredi. ⁴INTA EEA Hilario Ascasubi.
E-mail: fernandez_ivana@yahoo.com.ar

Las poblaciones argentinas ruderales de *Helianthus annuus* (RUD) de Diamante (DIA) y Río Cuarto (RIV) presentan una composición acídica singular del aceite de sus semillas. DIA, RIV, la descendencia autofecundada de la F_1 (S_2), de la S_2 (S_3) de sus cruzamientos con la línea A10 (parental femenino) y la mantenedora B10, fueron cultivadas en un jardín común con el fin de evaluar la variabilidad y el efecto genético directo sobre la composición de los cuatro principales ácidos grasos del aceite de sus semillas. DIA tuvo mayor cantidad de ácido palmítico (C16:0) y esteárico (C18:0) que B10 y RIV, en orden decreciente. En la S_2 de ambos cruzamientos se observó un efecto genético de dominancia por menor contenido de C16:0 y C18:0. DIA tuvo la menor cantidad de ácido oleico (C18:1) y la mayor de linoleico (C18:2), seguida de RIV y B10. La S_2 de DIA mostró efecto de dominancia por menor contenido de C18:1 y mayor de C18:2. En cambio, la S_2 de RIV tuvo valores intermedios entre los parentales, mostrando efectos de aditividad. El fenotipo de la S_3 en ambas cruza fue más parecido a B10 que a las RUD, salvo para C16:0 de RIV, que implicó en algunos casos la reversión de la dominancia observada en la S_2 . Existió variabilidad para el contenido de ácidos grasos entre los materiales vegetales analizados. El efecto genético en la composición de C16:0 y C18:0 en la S_2 fue similar en ambos cruzamientos, mientras que sobre el contenido de C18:1 y C18:2 varió según el parental masculino, lo que se debería a genes modificadores actuando sobre los genes mayores que controlan los ácidos grasos.

MV 25

ÍNDICES DE SELECCIÓN POR RENDIMIENTO Y CALIDAD DE FORRAJE EN HÍBRIDOS DE MAÍZ PARA ENSILAJE

Velazco J.G.¹, P. Rimieri¹. ¹EEA Pergamino INTA, Buenos Aires, Argentina.

E-mail: primieri73o@gmail.com

Un híbrido para silaje debe combinar alto rendimiento de forraje de alta concentración energética con un desempeño consistente a través de ambientes para definir y estabilizar la producción de carne y leche. Las numerosas variables involucradas determinan una compleja elección de híbridos. Una alternativa es el uso de índices que integren a los caracteres asociados al rendimiento de forraje y a la concentración energética. Nuestro objetivo fue proponer y explorar diferentes índices de selección para híbridos forrajeros. En un conjunto de 48 híbridos de maíz graníferos específicos para ensilaje e híbridos bm3, se midió rendimiento de forraje (RF), almidón (%A) y FDN digestible (%FDND) en dos localidades. Se elaboraron 3 índices de selección (I) que combinan el rendimiento y la calidad del forraje. El I1, basado en el modelo MILK2006, estima el rendimiento de leche por hectárea según aporte energético y rendimiento de cada híbrido. Los índices I2 y I3 aquí propuestos se computaron como la suma de las medias de %A, %FDND y RF ponderadas según las correlaciones entre localidades y entre caracteres, respectivamente. En I1 se utilizaron estimaciones del Análisis de Variancia y en I2 e I3 las predicciones BLUP. El ranking de genotipos varió según el índice utilizado. Los 3 índices de selección combinaron información sobre los tres caracteres de distinto modo. Así, I3 sería óptimo cuando los caracteres considerados están altamente correlacionados, mientras que I2 sería superior en regiones agro-ecológicamente diversas con una importante interacción genotipo por ambiente.

MV 26

DESARROLLO DE MARCADORES MOLECULARES ESPECÍFICOS DE GENES QUE CONDICIONAN TOLERANCIA A PULGÓN RUSO EN CEBADA

Tocho E.^{1,2}, M.S. Tacaliti¹, P. Peral Garcia³, A.M. Castro^{1,2}.

¹Cátedra de Genética, Centro de Investigaciones en Sanidad Vegetal (CISAV), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, UNLP. ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y

Técnicas (CONICET), INFIVE. ³Instituto de Genética Veterinaria (IGEVEV)-CONICET.

E-mail: castro.am@gmail.com

Los genes que otorgan tolerancia a las poblaciones argentinas de pulgón ruso del trigo (*Diuraphis noxia*), estuvieron asociados a marcadores moleculares de los cromosomas 1H y 2H en líneas recombinantes doble haploides de cebada (DH), provenientes del cruzamiento de Dominante x Recombinante. La resistencia al áfido está asociada con la persistencia de la clorofila y del área foliar en condiciones de infestación, características asociadas con marcadores moleculares localizados en el cromosoma 2H. Asimismo, en esta región cromosómica se han informado genes de tolerancia al pulgón verde de los cereales y al pulgón de la avena, constituyendo una zona de importancia para la mejora de la resistencia a áfidos en cebada. Los análisis de asociación con los marcadores funcionales ESTs, que mapean en este cromosoma, permitieron identificar al gen UVR8 como posible candidato, que otorga tolerancia a la luz UV. Existen antecedentes que indican que la luz UV-B modula la interacción entre las plantas y los insectos fitófagos. Con el propósito de identificar, validar el gen UVR8 y evaluar las diferencias alélicas entre las líneas DH tolerantes y susceptibles al áfido, se desarrollaron *primers* específicos que permitieron amplificar el fragmento de interés en el ADN. También, se logró amplificar el fragmento en el cDNA obtenido a partir de la transcripción inversa del ARNm, extraído de muestras de cebada con y sin infestación de áfidos. Las amplificaciones logradas están siendo procesadas para su secuenciación.

MV 27

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD MEDIANTE FENOTIPEADO DIGITAL DE CARACTERES ASOCIADOS A LA CALIDAD DE GRANO EN ARVEJA (*Pisum sativum* L.)

Gatti I.¹, M.A. Espósito^{1,2}, E. Cointry¹. ¹Cátedra Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas, Facultad Ciencias Agrarias, UNR. ²EEA INTA Oliveros, Santa Fe.
E-mail: esposito.maria@inta.gob.ar

El cultivo de arveja no dispone de variedades adaptadas con buenos rendimientos y calidad para el mercado y la agroindustria. Para analizar la variabilidad disponible, 103 variedades fueron evaluadas mediante fenotipeado digital para calibre del grano (CG), índice de color (IC) y peso de 100 semillas (P100). Tres muestras de semillas de cada variedad fueron analizadas con el programa *Tomato Analyzer* para calcular IC ($IC = 1.000 \cdot a / (b \cdot L)$) y dos muestras de 100 semillas para medir P100. Se encontraron diferencias significativas al 1 % entre los materiales para CG, IC y P100 ($F=38,1$; $F=55,2$ y $F=22,5$). La Heredabilidad en sentido amplio (H²) fue de 0,95, 0,93 y 0,88 para IC, CG y P100 respectivamente. Las variedades se agruparon según IC: G1 (-40 a -20): semillas oscuras; G2 (-20 a -2): verdes a verde-amarillo; G3 (-2 a 2): amarillas verdosas; G4 (2 a 20): amarillas a anaranjadas y G5 (20 a 40): semillas marrones. En G1 se ubicó la variedad 808, de menor CG. En G2, EI y TURF presentaron los menores y mayores valores para CG y P100 respectivamente. En G3, ZAV2 y ERIK2 fueron las de menor CG y P100 mientras que APA, FACON y MARINA presentaron los mayores valores. En G4, J206 y J1882 son las de menor CG y P100 y MIRANDA y EARLY 30D las de mayores valores. Las variedades con granos marrones (G5) MOSHONG, B826L y J2265 presentaron los menores CG y P100 y KING TUT fue la de mayor CG. La información obtenida permite seleccionar progenitores a utilizar en cruzamientos complejos para la obtención de variedades productivas y con calidad para la industria del enlatado.

MV 28

QTLs DE RESISTENCIA A FUSARIOSIS DE LA ESPIGA Y ACUMULACIÓN DE DEOXYNIVALENOL EN POBLACIÓN DE TRIGO DE ORIGEN ARGENTINO

Staltari S.¹, M.B. Aulicino¹, M.M. Astiz Gassó¹, H. Barca¹, B. Conway², M.C. Molina^{1,3}, J.M. Costa⁴. ¹Instituto Fitotécnico de Santa Catalina, Universidad Nacional de la Plata, Argentina. ²University of Maryland, USA. ³CONICET, Argentina. ⁴USDA, USA.
E-mail: sstaltari77@gmail.com

La fusariosis de la espiga de trigo (FET) es una enfermedad difundida globalmente que provoca pérdidas y contaminaciones con micotoxinas como el deoxynivalenol (DON) en granos y derivados. El empleo de variedades resistentes es la estrategia de control más adecuada. Existen limitadas fuentes de resistencia a FET, principalmente con efecto sobre la acumulación de DON. El genotipo argentino AR5 posee resistencia a FET de origen diferente a la asiática. El objetivo del trabajo fue identificar *QTLs* relacionados con bajos niveles de DON, en una población de 138 RILs derivadas del cruzamiento AR5 x SONALIKA. Las RILs se sembraron a campo en DCA y se determinó contenido de micotoxina DON en los granos cosechados. La población expresó distribución amplia y continua para la acumulación de DON. Se utilizó un 9k SNP chip para las 138 RILs y ambos parentales en el USDA-ARS Fargo, ND. Se construyó un mapa con 311 marcadores, utilizando Kosambi y máxima verosimilitud, constituido por 26 grupos de ligamiento. El mapeo de *QTLs* por intervalo compuesto con el test de permutaciones, detectó 3 *QTLs* significativos. Todos tuvieron efecto aditivo en el sentido del progenitor resistente (AR5). Los *QTLs* ligaron con los marcadores *w4600* del cromosoma 3B, *w3845* del cromosoma 4D, y *w2522* del cromosoma 7D; explicando el 35 %, 10 % y 10 % de la varianza fenotípica total, respectivamente. Estos datos aportan información valiosa sobre las regiones cromosómicas asociadas con la resistencia a acumulación de DON en trigos argentinos y pueden contribuir a la incorporación de este carácter en trigos comerciales.

MV 29

COMPONENTES DE LA VARIANZA EN POBLACIONES NATURALIZADAS DE

Festuca arundinacea SCHREB.

di Santo H.¹, D. Vega¹, E. Grassi¹, E. Castillo¹, A. Ferreira¹, V. Ferreira¹. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.

E-mail: hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

Festuca arundinacea es una forrajera perenne de amplia distribución y adaptabilidad. La producción de materia seca se analizó en diez poblaciones naturalizadas en la región subhúmeda-semiárida argentina y se estimaron los componentes de la varianza. El diseño fue en bloques completos al azar con 24 plantas por población, clonadas en 4 repeticiones y 4 testigos. Se midió la producción de biomasa en tres cortes (1C, 2C, 3C) y la biomasa acumulada (S3C) de cada planta. A partir de los cuadrados medios del ANAVA se calcularon las variancias fenotípica (VF), genotípica (VG) y ambiental (VM) y el grado de determinación genético (GDG) de los caracteres. Los valores medios fueron: $22,1 \pm 13,8$ g.pl⁻¹ para 1C, $32,8 \pm 23,5$ g.pl⁻¹ para 2C, $26,9 \pm 21,8$ g.pl⁻¹ para 3C y $81,2 \pm 49,7$ g.pl⁻¹ para S3C. Las VG fueron superiores a las VM en todos los caracteres. Las poblaciones difirieron en sus valores de GDG (rango: 48,3-88 %). En el 1C, se observaron valores entre 49,4 % y 83,5 %. Las poblaciones 3307-SLU, 3250-BAI y 3305-BAR presentaron valores superiores al 80 %. En el 2C se destacaron las poblaciones 3250-BAI y 3305-BAR con 87,3 % y 81,9 % de GDG, respectivamente. Los GDG promedio del 3C y la S3C presentaron valores altos (75,9 %) y en las poblaciones 3306-CRE, 3018-DP y 3250-BAI se estimaron valores superiores a 80 % en ambos caracteres. Las poblaciones 3250-BAI, 3305-BAR, 3306-CRE y 3018-DP se destacaron por la alta variación genotípica. Los GDG y la heterogeneidad verificada alientan a la búsqueda de genotipos superiores con fines de mejoramiento.

MV 30

TRITÍCEAS HÍBRIDAS: DIFERENCIACIÓN DE LÍNEAS POR APTITUD DE USO

Carena G.¹, H. di Santo¹, E. Castillo¹, A. Ferreira¹, V. Ferreira¹, E. Grassi¹. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto.

Email: egrassi@ayv.unrc.edu.ar

Triticale y tricepiro son cereales interespecíficos con genotipos adaptables a diferentes ambientes y formas de empleo. Con el objetivo de diferenciar líneas por aptitud de uso, se probaron 24 líneas avanzadas de triticale y 4 de tricepiro con fechas de siembra 27/03/14 para caracteres de biomasa y 13/06/14 para caracteres de grano. Diseño: bloques incompletos al azar con 3 repeticiones y 6 testigos. Parcela experimental: 7 surcos de 5m a 0,2m entre hileras. Se determinaron los caracteres fenología, altura, peso de biomasa seca/m² en tres cortes (1C, 2C y 3C) y acumulado hasta hoja bandera (HB), peso de grano/m², peso hectolítrico, peso de 1.000 granos e índice de cosecha (IC). Análisis: ANAVA y prueba de Duncan. La producción media de biomasa en el 1C, 2C, 3C y HB fue: $275,1 \pm 115,7$ g/m², $84,8 \pm 50,7$ g/m², $110,5 \pm 78,5$ g/m² y $1430,9 \pm 550,9$ g/m² respectivamente. El peso medio de grano fue $561,6 \pm 132,4$ g/m². Las diferencias entre las líneas fueron significativas para la mayoría de los caracteres. Dos triticales y un tricepiro resultaron de ciclo largo, diez triticales y dos tricepiros de ciclo corto y las restantes líneas de ciclo intermedio. Cinco líneas se destacaron por su potencial doble propósito, cuatro por su elevada producción forrajera invernal y tres por su rendimiento en grano. C97/82 sobresalió por alto rendimiento en grano y alto IC, C95/88 resultó muy macolladora y con elevado % de macollos fértiles y (37x98) x (60xTeh)/10 presentó elevado peso hectolítrico y de 1.000 granos. El ensayo permitió diferenciar líneas con diferentes aptitudes de uso.

MV 31

EVALUACIÓN DE GENOTIPOS DE PAPA POR TOLERANCIA A SEQUÍA A TRAVÉS DEL CONTENIDO DE PROLINA Y DEL RENDIMIENTO

Tagliotti M.E.¹, M.C. Bedogni¹, M.A. Huarte¹. ¹EEA-INTA Balcarce.

E-mail: tagliotti.martin@inta.gob.ar

La papa (*Solanum tuberosum* spp. *tuberosum*) es susceptible a sequía, limitando así sus áreas de producción. La sensibilidad al estrés hídrico se manifiesta en todos los estadios del cultivo, principalmente durante la fase de tuberización. Una estrategia de las plantas frente a dicho estrés es la acumulación de prolina. El objetivo del trabajo fue caracterizar genotipos de papa frente a estrés hídrico en invernáculo por contenido de prolina en hoja y rendimiento (peso y número de tubérculos). El ensayo se realizó en EEA INTA-Balcarce utilizando 204 genotipos del Plan de Mejoramiento de Papa. Se empleó un diseño aumentado con seis repeticiones para los controles. A los 50 días después de la plantación se iniciaron los tratamientos: sequía (riego a mitad de capacidad de campo, cada 48 hs) y control (riego a capacidad de campo). Se midió la concentración de prolina (nmol/gr) a los 20, 40 y 60 días de iniciado el tratamiento y el rendimiento. El análisis de ambas variables demostró efecto significativo para los tratamientos y para los genotipos. La concentración de prolina con respecto al control se duplicó a los 20 días y se triplicó a los 40 días. A partir de esta última fecha los genotipos no mostraron diferencias significativas. Seis genotipos bajo sequía presentaron una reducción del rendimiento menor al 50 % respecto al control y los mayores contenidos de prolina. La correlación entre el peso del tubérculo y el contenido de prolina a los 40 días fue de 0,58. Estos resultados indicarían que la prolina es un indicador de tolerancia a estrés hídrico en papa.

MV 32

DETERMINACIÓN DEL PARDEAMIENTO ENZIMÁTICO EN PAPAS ANDINAS (*Solanum tuberosum* GRUPO ANDIGENA) DEL NOROESTE ARGENTINO

Monte M.N.¹, M.F. Rey¹, M.F. Carboni¹, S. Sucar¹, M.A.

Castellote¹, P.A. Suárez¹, G.A. Massa¹, S.E. Feingold¹. ¹EEA INTA Balcarce.

E-mail: marce_nm@live.com.ar

El “pardeamiento enzimático” (PE) ocurre en papas (*Solanum tuberosum*) fundamentalmente como consecuencia de la actividad de enzimas polifenol oxidasas. Este proceso hace que los tubérculos al ser cortados, pelados y/o dañados, desarrollen un color marrón oscuro indeseable para la industria y el consumidor. Se ha informado que las variedades nativas presentan bajo PE con respecto a las comerciales; sin embargo, esta característica no ha sido estudiada en detalle en variedades nativas argentinas. El objetivo de este trabajo fue analizar el PE en una colección de variedades de papas andinas (*S. tuberosum* grupo Andigena) del Noroeste Argentino perteneciente al Banco de Germoplasma de Papa y Forrajeras de la EEA INTA Balcarce. Se seleccionaron entre dos y seis tubérculos de 66 genotipos cosechados de un ensayo en campo realizado por duplicado en Posta de Hornillos, Jujuy, en el año 2014. Para evaluar el grado de pardeamiento y la diferencia de color se efectuaron mediciones del color de pulpa de los tubérculos con un colorímetro Minolta Chroma Meter CR310 al momento de ser cortados y 60 minutos después. Estas medidas brindan información diferente y complementaria respecto a la evolución del color. El grado de pardeamiento arrojó valores de 0,01 (Cuarentona Colorada) a 8,27 (Sallama) mientras que la diferencia de color osciló entre 1,03 (Churqueña Negra) y 11,04 (Cuarentona). Los resultados obtenidos podrían sentar las bases para la selección de variedades candidatas a ser empleadas en programas de mejoramiento.

MV 33

RESPUESTA MORFOGÉNICA *in vitro* DE CULTIVARES DULCES DE QUINOA, *Chenopodium quinoa* WILLD CULTIVADOS EN LA PROVINCIA DE JUJUY

Paredes C.M.^{1,2}, L.G. Buitrago². ¹Facultad de Ciencias Agrarias,
Universidad Nacional de Jujuy. ²Proyecto SecTER.
E-mail: claudiaparedes@fca.unju.edu.ar

Los protocolos de cultivo *in vitro* permiten desarrollar plantas completas o emplearse para modelizar el comportamiento de una especie y estudiar su respuesta fisiológica. El objetivo del trabajo fue evaluar factores que determinan el establecimiento *in vitro* de *C. quinoa* mediante a) organogénesis directa y b) embriogénesis somática, empleando como explantos semillas y hojas sobre medios de cultivo semisólidos Murashige y Skoog (MS). En a) se germinaron cultivares Chulpi e Ingapirca en un DCA con diez repeticiones en medios al 100 % (MS100), y al 50 % (MS50) con 3 % de sacarosa, más combinaciones con BAP y AIA al 0,5 %, y medios testigo. Las variables fueron energía y capacidad germinativa. En b) se sembraron en condiciones axénicas, explantes de hojas de cultivares Kamiri, Ingapirca, Real, Cica, Cusi Cusi, y A014, en medios MS, con combinaciones de 2,4 D, y BAP. Se analizó estadísticamente mediante ANOVA y prueba de Duncan ($P \leq 0,05$), estableciendo que existen diferencias significativas del cv. Chulpi en MS100, y en MS50 del cv. Ingapirca, para germinación. Para la regeneración por embriogénesis somática, se obtuvo respuesta del cv. Cusi Cusi al tratamiento MS + 2,4D (2 mg/l), MS + 2,4 D (0,5mg/l) + BAP (0,01mg/l), y MS + 2,4 D (0,5mg/l) + BAP (3 mg/l). Los cv. Real e Ingapirca a tratamientos: MS + 2,4 D (0,5mg/l) + BAP (0,1mg/l) y MS + 2,4 D (0,5mg/l) + (BAP 1 mg/l). No hubo respuesta de los cv. Cica y Kamiri. El porcentaje acumulado de germinación en función del tiempo se graficó demostrando el comportamiento de cada genotipo a las condiciones de cultivo ensayadas.