

MV 1

EFICIENCIA DE LA SELECCIÓN INDIRECTA EN FESTUCA ALTA PARA CONDICIONES DE SUELO SALINO-SÓDICO Y NO SALINO

Martínez E.S.¹, J.G. Velazco¹, P. Rimieri². ¹INTA, Pergamino, Argentina; ²AER-Bolívar, Profesional asociado, Argentina. martinez.emilce@inta.gob.ar

El mejoramiento de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) tiene como desafío incrementar la productividad y calidad de forraje en los suelos salino-sódicos. Es importante evaluar si la selección se deberá realizar en situaciones reales de estrés o en ambientes sin problema de salinidad. Los objetivos del trabajo fueron comparar dos ambientes con diferentes condiciones de salinidad y definir criterios de selección tempranos para situaciones de estrés salino. En el año 2018 se evaluaron 50 familias de medios hermanos y dos testigos comerciales de festuca, en un diseño de bloques incompletos al azar con 2 repeticiones y dos ambientes de selección: suelo salino-sódico (Bolívar) y suelo no salino (Pergamino). Durante la implantación se registraron variables determinantes del rendimiento de forraje: largo de lámina (LL), superficie de lámina (SL) y tasa de expansión del área foliar (TEAF). Los análisis estadísticos se realizaron mediante modelos lineales mixtos basados en REML. El ambiente salino-sódico afectó directamente la magnitud de las variables, las varianzas genéticas y heredabilidades reduciendo las mismas respecto al suelo no salino. La eficiencia de selección fue menor a 1 para los caracteres LL y SL pero fue igual a 1,01 para TEAF, lo que indica que la respuesta a la selección directa e indirecta fue similar. Los resultados demuestran que la selección en el ambiente salino-sódico permitió obtener mayores ganancias que la selección indirecta en el ambiente no salino durante el periodo de implantación evaluado.

MV 2

CULTIVAR BRAVA INTA DE FESTUCA ALTA: EJEMPLO DE SELECCIÓN, ADAPTACIÓN Y FUENTE DE GENOTIPOS PARA SUELOS SALINOS

Rimieri P.¹, E.S. Martínez¹. ¹INTA EEA Pergamino, Argentina. primieri730@gmail.com

El germoplasma de festuca alta (*Festuca arundinacea* Schreb.) localmente adaptado está representado por la población El Palenque MAG y el cultivar Palenque Plus INTA (PPI). Entre 1995 y 2006 se seleccionaron y evaluaron 120 genotipos derivados de PPI. El cultivar sintético que fue obtenido con 7 de los 120 genotipos, Brava INTA, tiene mayor relación lámina/tallo que PPI y láminas más anchas (13 mm vs. 11 mm), de mayor flexibilidad (carácter asociado a mayor digestibilidad y calidad forrajera)(0,84 vs. 0,92). Los objetivos del trabajo fueron definir criterios de selección, producción de forraje, validar adaptación y detectar genotipos superiores en suelos salinos. Entre 2009 y 2016, con Brava INTA en pastoreo en suelos salinos con bajo carbono orgánico, se realizaron muestreos al azar para evaluar la producción de forraje y registrar variables de calidad. Los resultados confirmaron la adaptación de Brava INTA a suelos salinos. Además, en el período considerado, toleró 2 sequías y 3 inundaciones. En 6 años de producción con manejo agronómico del pastoreo que consideró el ambiente edáfico, se lograron producciones de materia seca entre 4.500 kg ha⁻¹año⁻¹ y 7.000 kg ha⁻¹año⁻¹, 4 a 6 veces más que la vegetación natural o naturalizada y con un rango de digestibilidad *in vitro* 55,9-71,7%. En síntesis, con el cultivar Brava INTA en pastoreo en suelos salinos, se determinó el potencial productivo de forraje para el ambiente en estudio y permitió disponer de genotipos superiores para estudios genéticos de la tolerancia a la salinidad o para la obtención de nuevos cultivares.

HEREDABILIDAD EN SENTIDO ESTRICTO EN FAMILIAS DE MEDIOS HERMANOS DE *Festuca arundinacea* NATURALIZADA EN EL CENTRO DE ARGENTINA

Meyer F., D.J. Vega^{2,3}, H.E. Di Santo^{1,2}, N. Bonamico^{1,2}, E. Castillo^{1,2}, L. Aguirre^{1,2}, V. Ferreira¹, E. Grassi^{1,2}. ¹Departamento de Biología Agrícola, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Agrobiotecnología, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina. jvega@ayv.unrc.edu.ar

La selección de genotipos a partir de progenies de medios hermanos y la formación de variedades sintéticas mediante el policruzamiento es una metodología común para la creación de cultivares forrajeros. El objetivo del trabajo fue estimar la heredabilidad en sentido estricto (h^2) de caracteres vegetativos medidos en la progenie de 21 genotipos de festuca alta. Se formaron 21 familias de medios hermanos con 20 plantas hijas de cada genotipo y se implantaron a campo en 2018 con un DBCA y 4 repeticiones. Se midió número de macollos (NM) y hojas (NH), ancho (AH) y largo de hoja (LH), altura de planta (AP), diámetro de corona (DC) y biomasa seca producida por planta (BS) en 4 cortes de forraje. Los componentes de varianza para cada uno de los caracteres medidos fueron estimados mediante el procedimiento de máxima verosimilitud restringida utilizando el paquete lme4 con el programa Infostat y su vinculación con R. Los caracteres presentaron valores de h^2 que variaron entre 0,17 y 0,53. Los caracteres que presentaron los menores valores de h^2 fueron DC y NM (0,17 y 0,18), seguidos de BS (0,21), NH (0,27), LH (0,27) y AH (0,30). La mayor h^2 se estimó en el carácter AP (0,53), indicando que el 53% de la varianza genética entre los 21 genotipos se debe a efectos aditivos, por lo tanto es factible seleccionar genotipos que se destaquen en AP. El análisis de correlación de Pearson presentó correlación significativa entre AP y BS ($r=0,68$), por lo que es posible que a partir de la selección de genotipos superiores en AP se seleccionen aquellos con mayor BS.

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE POBLACIONES DE *Festuca arundinacea* SCHREBER

Di Santo H.E.^{1,2}, D.J. Vega^{3,2}, E. Castillo^{1,2}, A. Ferreira^{1,2}, V. Ferreira¹, E. Grassi^{1,2}. ¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Agrobiotecnología, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina. hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

Festuca alta ($2n=6x=42$) es una gramínea forrajera tolerante a estreses bióticos y abióticos. El área de Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, UN de Río Cuarto, lleva adelante un trabajo de mejoramiento a partir de la colecta de diez poblaciones naturalizadas en la zona central de Argentina. La potencialidad forrajera de las poblaciones se estudió durante los años 2014, 2015 y 2016, mediante un ensayo implantado a campo con DBCA y 4 repeticiones. Se realizaron cuatro cortes por año y se analizaron los siguientes caracteres: número de macollos/planta (NM), altura de planta (AP), diámetro de corona (DC), biomasa seca/planta (BS) y total producida por ciclo (BST), producción de semilla (PS) e índice de cosecha (IC). Se realizó ANAVA, pruebas DGC para diferenciar promedios y análisis multivariados. Todos los caracteres presentaron interacción GxA. El biplot GGE reveló que las poblaciones 3243-645 y 3250-BAI se asociaron positivamente en los tres años con BS y BST. La primera se destacó en DC, NM y BS (en 2014) y la segunda presentó valores superiores de BS en 2015 y 2016. Ambas presentaron mayor BST en 2016, y PS e IC en 2014 y 2015. Las CP 1 y 2 del ACP explicaron el 85,9% de la variabilidad y revelaron que AP tiene alta correlación positiva con BS y BST, y DC una alta correlación positiva con NM. La población 3250-BAI se asoció mejor con BS, BST, AP, mientras que 3243-645 presentó mejor asociación con PS, NM y DC. El análisis de conglomerados (correlación cofenética 0,9) permitió definir cuatro grupos de poblaciones por su comportamiento vegetativo y reproductivo.

MV 5

COMPORTAMIENTO AGRONÓMICO DE HÍBRIDOS TETRAPLOIDES APOMÍCTICOS DE *Paspalum notatum* FLÜGGÉ EN RESPUESTA A LA DISPONIBILIDAD DE NITRÓGENO

Schulz R.R.¹, A.L. Zilli², C.A. Acuña². ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste, Argentina. alexlzilli@gmail.com

Paspalum notatum Flüggé es una gramínea forrajera perenne. El esquema de mejoramiento más usado en esta especie se basa en fijar híbridos superiores por medio de la apomixis. Caracterizar su respuesta a la fertilización nitrogenada (FN) es importante en su mejoramiento por desempeño agronómico. El objetivo de este trabajo fue determinar la respuesta de parámetros ecofisiológicos en líneas avanzadas de *P. notatum* ante la FN. Se evaluaron 8 líneas avanzadas (híbridos F₁) y los cultivares “Argentine” y “Boyero UNNE” bajo dos niveles de FN (0 y 150 kg N/ha/año). La radiación fotosintéticamente activa (iPAR) fue medida semanalmente luego de un corte inicial y la aplicación de la FN. La producción de biomasa (PB) se estimó por corte y pesaje, previa estimación de la densidad de macollos totales (DMT), vegetativos (DMV) y reproductivos (DMR) en 1 m² de cada parcela. La FN incrementó significativamente la PB en todos los genotipos evaluados con una media de 23,2 g MS/m² por g N/m² aplicado, aunque sin observarse diferencias significativas entre genotipos. La iPAR fue superior en las parcelas fertilizadas alcanzando 78% y 92% a los 20 y 50 días post-corte; siendo en las parcelas no fertilizadas de 45% y 63% respectivamente. La FN aumentó la DMT en un 50% y la DMR en un 258%, no afectando la DMV. Los genotipos mostraron diferencias para DMT y DMR, variando entre 972-1396 y 160-506,7 macollos/m² respectivamente. La información generada será utilizada en la selección de híbridos superiores para su lanzamiento al mercado.

MV 6

DISTANCIA GENÉTICA ENTRE PROGENITORES Y SU RELACIÓN CON EL COMPORTAMIENTO REPRODUCTIVO EN HÍBRIDOS TETRAPLOIDES DE *Paspalum notatum*

Marcón F.¹, E.J. Martínez², A.L. Zilli¹, E.A. Brugnoli¹, C.A. Acuña¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (CONICET-UNNE), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina. fmarcon91@gmail.com

El mejoramiento genético de *Paspalum notatum* Flüggé tetraploide se realiza mayoritariamente mediante hibridaciones para así obtener híbridos apomícticos superiores. Sin embargo, la eficiencia de la técnica es muy baja con una escasa proporción de híbridos altamente apomícticos obtenidos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la relación entre la distancia genética entre progenitores y el comportamiento reproductivo de la progenie. Seis familias de padres con distancia genética baja, intermedia y alta fueron evaluadas por su modo de reproducción, utilizando un marcador molecular específico de la apomixis en *P. notatum*. Se evaluó la expresividad de la aposporia en los híbridos apomícticos, mediante observación de sacos embrionarios maduros. La relación entre distancia genética y comportamiento reproductivo fue establecida mediante la prueba de Chi-cuadrado. La segregación por el modo de reproducción varió entre 1:1 y 9:1 híbridos sexuales:apomícticos, siendo la proporción promedio de 2,8:1. La relación entre distancia genética y número de híbridos apomícticos fue altamente significativa. La expresividad de la aposporia fue variable entre familias (entre 10% y 100%), siendo predominante la alta expresividad. La relación entre distancia genética y expresividad de la aposporia no fue significativa. Esto demuestra que el uso de la distancia genética entre progenitores, como predictor en la obtención de una mayor proporción de híbridos apomícticos, es un método más eficiente que los tradicionales en el mejoramiento genético de *P. notatum*.

HIBRIDACIONES INTERESPECÍFICAS MEDIANTE INDUCCIÓN DE FLORACIÓN EXTEMPORÁNEA EN UNA PLANTA TETRAPLOIDE SEXUAL DE *Paspalum plicatulum*

Ruiz Díaz G.S.¹, P.E. Novo¹, A.W. Wagner¹, C.L. Quarini¹, M.L. Vidoz¹, F. Espinoza¹. ¹IBONE-FCA, UNNE, Argentina. patriciaenovo@gmail.com

Una planta autotetraploide de reproducción sexual de origen experimental de *P. plicatulum* (4xS) ya había producido híbridos interespecíficos usando especies tetraploides apomíticas (4xA) del grupo Plicatula como polinizadoras. Sin embargo, la planta 4xS florece a principios de verano y algunas especies 4xA de este grupo florecen a fines de abril, lo que impide hacer cruzamientos. Los objetivos de este estudio fueron retrasar la floración de 4xS a través del control del fotoperiodo y uso de giberelina para hibridarla con especies 4xA del grupo Plicatula con floración tardía. Usando clones de 4xS se realizaron 4 tratamientos con 4 plantas cada uno. Todas las plantas se podaron al iniciar el tratamiento a principio de febrero: a) control (en invernáculo, luz natural); b) intensidad de luz de 170 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$; c) luz de 350 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$; y d) luz de 170 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ + 25 $\mu\text{g GA}_3$ en 10 μL de etanol 95% (v/v). Los tratamientos 2-4 se realizaron en cámara de cultivo a 26 ± 1 °C y fotoperiodo de 14 hs de luz. El control no floreció, mientras que todos los tratamientos en cámara iniciaron floración a los 90 días. Estas plantas fueron usadas como madres y se obtuvieron híbridos al cruzarlas con el cv. Cambá y la línea U44 de *P. atratum* y también con el cv. Chané de *P. guenoarum*. Así, el retraso de la floración de la planta 4xS permitió lograr nuevos híbridos interespecíficos dentro del grupo Plicatula de *Paspalum*. Esto permite ampliar la utilización de germoplasma de otras especies apomíticas en el programa de mejoramiento genético de forrajeras nativas.

CARACTERIZACIÓN DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Paspalum plicatulum* X *P. wrightii*, DOS ESPECIES DEL GRUPO PLICATULA DEL GÉNERO *Paspalum*

Novo S.F.¹, F. Galeano¹, A.W. Wagner¹, F. Espinoza¹, P.E. Novo¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Argentina. pnovo@agr.unne.edu.ar

El grupo Plicatula está formado por 30 especies de interés forrajero. En general son tetraploides y apomíticas (4xA), y su mejoramiento genético está limitado al no encontrar en la naturaleza 4x sexuales (4xS), que actúen de madres en cruzamientos con 4xA. Se cuenta con una planta 4xS experimental de *P. plicatulum*, ésta se usó como madre en cruzamientos con *P. wrightii* 4xA, especie perteneciente al grupo. Los objetivos fueron: producir híbridos interespecíficos, analizar el modo reproductivo y fertilidad de la F₁. Con RAPDs se corroboró que las 24 plantas obtenidas eran híbridas. Se estimó el modo reproductivo por citometría de flujo del progenitor masculino y F₁ considerando la relación de contenido ADN entre embrión y endosperma, cuando la relación es 2:3 sexual y 2:5 apomíticas en semillas, y con microscopía de contraste interferencial (DIC) se observaron estructuras de megagametófitos en ovarios clarificados. Tanto *P. wrightii* como los híbridos obtenidos presentaron ambos tipos de relación embrión: endosperma. Por clarificado se observaron estructuras típicas de sacos embrionarios sexuales y apomíticos. *Paspalum wrightii* es una especie apomítica facultativa. Las observaciones indican que los híbridos presentan ambos modos reproductivos. El nivel de fertilidad observado fue variable en autopolinización (0-39,3%) y polinización libre (2,5-49,5%) en 9 híbridos analizados. Los resultados obtenidos confirman la posibilidad de transferencia génica entre estas especies, considerando que los híbridos obtenidos segregan para el modo reproductivo y que los mismos son fértiles.

MV 9

VARIABILIDAD GENÉTICA Y SELECCIÓN DE FAMILIAS DE AGROPIRO ALARGADO POR SU TOLERANCIA A SEQUÍA

Maciel M.A.^{1,2}, K. Grunberg³, A. Andrés^{2,4}. ¹CITNOBA-CONICET, Argentina; ²UNNOBA, Argentina; ³FRGV- CIAP INTA, Argentina; ⁴EEA Pergamino-INTA, Argentina.
lola_maciel@hotmail.com

Agropiro alargado es una gramínea perenne de gran valor forrajero con adaptación a ambientes con restricciones edafoclimáticas, como la salinidad y sequía. El objetivo del estudio fue evaluar la variabilidad genética (VG) para seleccionar Familias de Medio-Hermanos (FMH) por su tolerancia a sequía. El ensayo se realizó en condiciones controladas de fotoperiodo (10/14 hs luz/oscuridad) y temperatura (20 °C±1). Se estudiaron 12 FMH bajo dos tratamientos: control (C) (capacidad a campo-CC) y sequía (S) (20-25% de CC) en un DBCA con 3 repeticiones (10 plantas/maceta). A los 44 días de suspendido el riego (74 días desde la siembra), se evaluó el peso seco aéreo (PSA) (g) y se estimó el Índice de Tolerancia a sequía (IT) (PSA de cada plántula en S/PSA promedio de las plántulas en el C). Se aplicó ANOVA a 1 y 2 vías de clasificación y prueba de comparación de medias DGC, mediante INFOTEST. Se estimaron los componentes de variancia y la h^2 en base a la media familiar. El ANOVA reveló interacción FMHxTRAT para el PSA y diferencias significativas ($p < 0,05$) entre las FMH para el IT. La S redujo el PSA en todas las FMH, no detectándose diferencias significativas entre ellas. Sin embargo, el IT permitió detectar dos grupos de FMH contrastantes: Tolerantes (836, 2412, 510, 843, 3018, 1219) y Susceptibles (538, 3024, 1218, 3210, 3126, 1110). La h^2 del IT fue moderada (0,35) y del PSA en S fue baja (0,143). El presente estudio permitió detectar VG entre las FMH en la tolerancia a sequía y seleccionar FMH tolerantes para incluirlas en el programa de mejoramiento genético de la especie.

MV 10

CARACTERIZACIÓN DE LA VARIABILIDAD EXISTENTE EN GENES DE CELULOSA SINTASA (CESA) MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES EN HÍBRIDOS DE MAÍZ

Bargagna L.^{1,2,3}, L.E. García Stepien^{1,2,4}, C.G. Lopéz^{1,2,4}, M. Fradkin^{1,2,4,5}. ¹Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNLZ; ³Facultad de Ingeniería y Ciencias Exactas, UADE; ⁴Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria Ambiente y Salud (IIPAAS), CIC; ⁵Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).
lbargagna@hotmail.com

La celulosa es el principal componente de la pared celular comprendiendo un 35-50% del peso seco de las plantas. La enzima celulosa sintasa (CESA), presenta varias conformaciones según su estructura y está implicada en la síntesis de celulosa. A pesar de la importancia bioeconómica del maíz, poco se sabe sobre la relación entre los genes que controlan la síntesis de celulosa y el contenido de ella en la materia seca producida de los híbridos a campo. Se estudió la variabilidad en genes (*CesA*), en 11 híbridos comerciales recomendados por su aptitud forrajera. Se diseñaron dos pares de *primers* que amplifican por PCR segmentos del gen *CesA8* (8.1 y 8.2). Para el *primer* 8.1 se obtuvieron dos bandas polimórficas. Se utilizó un DBCA con 2 repeticiones. El ANOVA para contenido de celulosa indicó diferencias significativas ($p < 0,05$) entre híbridos. Se observaron diferencias significativas ($p < 0,02$) entre los híbridos que mostraron la banda 1 (30,8%) vs. la banda 2 (33,7%). El *primer* 8.2 presentó dos bandas polimórficas, presentando el ANOVA diferencias significativas ($p < 0,01$) para el contenido de celulosa entre híbridos con la banda 1 (34,1%) vs. la banda 2 (30,8%). Si bien se detectó asociación, los resultados son preliminares y no indican necesariamente una relación causa efecto. Se planea continuar estudiando otros genes *CesA* y producir líneas isogénicas para estudiar el efecto de dichos genes.

CARACTERIZACIÓN Y SELECCIÓN DE LÍNEAS AVANZADAS DE TRITICALE Y TRICEPIRO A TRAVÉS DE CARACTERES REPRODUCTIVOS

Traverso F.¹, F. Tamargo¹, N. Máspero¹, L. Rossetto¹, L. Aguirre^{1,2}, D.J. Vega^{2,3}, H.E. Di Santo^{1,2}, E. Castillo^{1,2}, A. Ferreira^{1,2}, E. Grassi^{1,2}, V. Ferreira¹.
¹Genética, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Agrobiotecnología, Argentina; ³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina.
 egrassi@ayv.unrc.edu.ar

El triticale (*x Triticosecale W.*), el primer cereal creado por el hombre, se generó cruzando trigo (*Triticum L.*) y centeno (*Secale L.*). Por otro lado, el tricepiro se obtuvo hibridando trigopiro (*Triticum L. x Thinopyrum A.*) y el propio triticale (*Triticum L. x Secale L.*). Ambas especies representan un recurso importante para la obtención de forraje y grano de buena composición nutricional en ambientes con condiciones limitantes. El objetivo del trabajo fue caracterizar líneas avanzadas de triticale y tricepiro para producción de grano forrajero y seleccionar germoplasma superior. Desde 2013 a 2017 se evaluaron 26 líneas provenientes de cruces realizadas en la UNRC e introducidas, con un diseño de bloques completos al azar utilizando 10 testigos, 3 repeticiones, 2 fechas de siembra y parcelas de 7 m². Se midieron siete caracteres relativos a la producción de grano que se analizaron con ANAVA, prueba DGC y biplots GGE. Los caracteres peso seco del grano (1,25 ± 0,98 t/ha en 1^{ra} fecha y 3,11 ± 1,25 t/ha en 2^{da} fecha), N^o de tallos, N^o de espigas y peso seco de espigas para la 1^{ra} fecha y % de espigas para la 2^{da} no presentaron diferencias significativas. Para la 1^{ra} fecha hubo interacción significativa año x línea en % de espigas, peso seco total e índice de cosecha. En 2^{da} fecha hubo diferencias significativas entre líneas para N^o de tallos, N^o de espigas, peso total, peso seco de espigas e índice de cosecha. La prueba de diferencia de medias reveló que 2 líneas propias y 6 introducidas y re-seleccionadas en Río Cuarto resultan aptas para producir grano forrajero.

SELECCIÓN DE GENOTIPOS SUPERIORES DE TRITICALES (*x Triticosecale WITTMACK*) PARA FORRAJE

Sarlinga E.¹, P. Maggio², M.B. Corbalán Gervasoni², S. Virginillo³, V. Pulido¹, F. Pantuso^{1,2,3}. ¹Universidad de Morón, Argentina; ²Universidad Nacional de Luján, Argentina; ³Universidad del Salvador, Argentina.
 sarlagro.3513@hotmail.com

El triticale (*x Triticosecale wittmack*) es un cereal que proviene de una cruce entre trigo y centeno y es utilizado como verdeo de invierno. Es apreciado por su rusticidad en la región semiárida pampeana. El objetivo de este trabajo es continuar con la evaluación del comportamiento de líneas experimentales de genotipos superiores de triticale como productores de forraje. Las líneas evaluadas provienen del CIMMYT, comenzando en el año 2013 con 50 líneas de triticale. Durante la campaña 2017 se realizó un ensayo comparativo de rendimiento para evaluar la producción forrajera de 18 materiales genéticos, de los cuales 13 fueron líneas experimentales de triticale, 2 cultivares comerciales y 3 variedades diferentes de avena. La siembra se realizó el 17 de abril en el campo experimental de la Universidad de Luján, las parcelas constaron de 2 surcos de 5 metros de largo con una distancia entre surcos de 25 cm. El diseño experimental utilizado fue de bloques completos aleatorizados con tres repeticiones. La siembra se realizó con sembradora tipo *planet*. Para evaluar la producción forrajera se realizaron 3 cortes, el primero el 17 de julio, el segundo el 11 de septiembre y el último el 26 de noviembre. Los resultados obtenidos muestran que los tres materiales con mayor producción fueron las líneas avanzadas Exp 49, 50 y 23 fue de 5423 kg MS/ha, superando al promedio del ensayo que fue 3406 kg MS/ha de manera estadísticamente significativa. Los resultados obtenidos vuelven a mostrar un buen comportamiento de las líneas experimentales por lo que se continuará evaluando los materiales en estudio.

MV 13

DOWNREGULATION OF *MSFTA1* IN ALFALFA LEADS TO DELAYED FLOWERING AND IMPROVED FORAGE QUALITY

García Gagliardi P.¹, C.D. Lorenzo¹, M. Canelo¹, S. Freytes¹, P.D. Cerdán¹. ¹Fundación Instituto Leloir, Argentina. pgarcia@leloir.org.ar

Alfalfa (*Medicago sativa* L.) is considered one of the most important forage crops worldwide. As a perennial legume, it is cut several times throughout the years for biomass harvest. In terms of productivity, farmers face a dilemma: if cut on an earlier stage, forage nutritive value is much higher but re-growth may be affected and the longevity of the stand becomes compromised. By the contrary if alfalfa is cut later at full flower, stands persist longer, more biomass may be harvested, but the nutritive value diminishes. We reasoned that by manipulating the response to photoperiod, flowering could be delayed in order to improve forage quality and widen each harvesting window, facilitating management. In order to accomplish this, we functionally characterized the *Flowering Locus T* family of genes, represented by five members: *msFTA1*, *msFTA2*, *msFTB1*, *msFTB2* and *msFTC*. We ectopically expressed them in *Arabidopsis thaliana* under the 35S promoter and found that only *msFTA1* has a role in flowering induction. Its downregulation in alfalfa led to delayed flowering. Coupled with it, low expression of *msFTA1* also led to changes in plant architecture which resulted in an increased leaf to stem ratio. Finally, biomass quality assays showed decreased lignin content, which translated into an increased digestibility for all transgenic events evaluated. We conclude that by manipulating photoperiodic flowering we were able to improve the quality of alfalfa forage and management, which may in the future allow farmers to cut alfalfa of high nutritive value without compromising stand persistence.

MV 14

SELECCIÓN DE GENOTIPOS F₂ DE *Stylosanthes guianensis* (FABACEAE) ADAPTADOS AL SUBTRÓPICO HÚMEDO

Brugnoli E.A.^{1,2}, J.D. Winter¹, F. Marcón^{1,2}, E. Ciotti¹, C.A. Acuña^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET, Argentina. abrugnoli@agr.unne.edu.ar

La ganadería en el nordeste argentino se realiza sobre campo natural, donde predominan las gramíneas del tipo C₄. La incorporación de leguminosas podría mejorar su productividad. *Stylosanthes guianensis* es una leguminosa forrajera perenne de gran importancia en regiones tropicales comportándose como anual o bianual en el subtrópico debido principalmente a su susceptibilidad al frío y a antracnosis (*Coletotricum gloeosporioides*). El objetivo fue seleccionar genotipos F₂ adaptados al subtrópico húmedo. Un total de 300 genotipos F₂, obtenidos mediante autopolinización de híbridos F₁ resultantes del cruzamiento de *Stylosanthes guianensis* cv. Endeavour, Cook, CIAT 184 y Graham fueron plantados en la FCA-UNNE, como así también los 4 cultivares antes mencionados. Se evaluó el crecimiento inicial, hábito de crecimiento, tolerancia al frío, tolerancia a antracnosis y calidad de semillas. Se observaron diferencias significativas (p<0,05) para crecimiento inicial y hábito de crecimiento, encontrándose plantas rastreras que cubrieron rápidamente la superficie del suelo. Además, se observaron diferencias significativas (p<0,05) para tolerancia a antracnosis, identificándose genotipos tolerantes. Un bajo porcentaje de plantas (5%) sobrevivieron a las bajas temperaturas del año 2017, por lo que fueron seleccionadas (15 plantas) y cosechadas sus semillas. El poder germinativo promedio fue del 80%. La variabilidad observada y la tolerancia al frío y a antracnosis de ciertos genotipos indican que sería posible generar un cultivar de *S. guianensis* adaptado a regiones subtropicales.

ARQUITECTURA GENÉTICA DEL CONTENIDO DE ARSÉNICO EN GRANO DE ARROZ (*Oryza sativa* L.)

Ale L¹, J. Rosas¹, M. Verger², F. Pérez De Vida¹. ¹INIA; ²LATU, Uruguay. lucasale.fc@gmail.com

El arroz es uno de los principales cereales a nivel mundial para consumo humano y alimento básico de muchas culturas culinarias. Las condiciones reductoras por anaerobiosis en el cultivo irrigado, favorecen la disponibilidad de arsénico y su acumulación en el grano. La alta exposición a arsénico se asocia a mayor riesgo de cáncer y otras enfermedades, por lo que se han establecido niveles máximos aceptados que aseguren la inocuidad alimentaria del arroz. Para su cumplimiento es necesario contar con cultivares con baja acumulación de arsénico. La selección por esta característica requiere un fenotipado con análisis químicos de alto costo y baja procesividad. Contar con marcadores moleculares asociados a esta característica permitiría acelerar la ganancia genética a menores costos. El objetivo es caracterizar la arquitectura genética del contenido de arsénico en grano en el germoplasma avanzado del Programa de Mejoramiento Genético de Arroz de INIA y evaluar la utilidad de selección asistida por marcadores. Se determinó por espectrometría de masa el contenido de arsénico en granos de 330 líneas avanzadas del PMGA (165 índica y 165 japónica tropical), y se estudió su asociación con ~50 K SNPs distribuidos en todo el genoma. Se encontró que la media en las líneas tipo índica fue un 30% mayor ($p < 0,05$) que en las japónica tropical, y arquitecturas genéticas diferentes entre estas dos poblaciones. Los resultados indican una adecuada variabilidad genética en el PMGA que junto a una adecuada selección permitirá obtener nuevos cultivares con menor contenido de arsénico en grano.

VARIACIÓN EN EL MECANISMO CONSTITUTIVO DE RESISTENCIA ANTIXENÓTICA A INSECTOS Y SU INDUCCIÓN MEDIANTE ASPERSIÓN HORMONAL EN AVENA (*Avena sativa*)

Saldúa L.V.¹, S. Moran¹, G. Municoy¹, M. Da Silva¹, R. Paladino¹, L. Wehrhanhe², D. Giménez³, A.M. Castro¹. ¹Genética, Fac. Cs. Agrarias y Ftiles, UNLP, Argentina; ²Chacra Experimental Integrada Barrow, Ruta 3 km 488, Tres Arroyos, Argentina; ³INFIVE, Fac. Cs. Agrarias y Ftiles, UNLP, Argentina. castro.am@gmail.com

La avena es el principal cereal invernal asociado a la actividad láctea, por su empleo como verdeo o grano. La presencia del pulgón verde (*Schizaphis graminum*) es endémica en todo el ciclo de este cereal. La solución más amigable es la obtención de variedades resistentes a áfidos. El propósito de este trabajo fue evaluar la presencia de antixenosis al pulgón verde en avenas pre-comerciales obtenidas en la CEI de Barrow y analizar si la aspersión con las hormonas ácido salicílico (AS) o ácido jasmónico (AJ) (ambas competitivas) inducía ese tipo de defensas. La antixenosis se evaluó por la prueba de libre selección de hospedero, en condiciones controladas de T, humedad y fotoperíodo (22 ± 1 °C; 70%; 12:12 L:O). Se emplearon 15 variedades pre-comerciales y un control susceptible al estado de 2^{da} hoja expandida y se distribuyeron al azar en un círculo; en el centro del mismo se colocaron de 7- 10 pulgones adultos, a las 24 hs se registró el N° de áfidos/pl. Para evaluar el posible efecto inductor del AS y del AJ se aplicó por aspersión (1×10^{-5} M) una u otra hormona, 24 hs antes de la prueba con los insectos. Existieron diferencias altamente significativas entre cvs y tratamientos; seis de las variedades presentaron antixenosis constitutiva al áfido. Al tratar las plantas con AS se observó que los seis cvs mencionados aumentaron su repelencia, y en otros dos indujo antixenosis. El tratamiento con AJ elicitó resistencia en nueve cvs. Ambas hormonas indujeron resistencia en cvs diferentes. Estos resultados permiten proponer una alternativa al control químico del áfido.

MV 17

VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A LA SALINIDAD EN GERMINACIÓN Y CRECIMIENTO DE PLANTAS JÓVENES DE CEBADA, ROL DE LA PROLINA

Gatti L., J. Alberti¹, M. Di Paolo¹, G. Eyherabide¹, J. Lúquez¹. ¹FCA, UNMDP, Argentina. jeluquez@mdp.edu.ar

La superficie de suelos afectados por sal en la Argentina es un grave problema para la agricultura. La cebada, de relativa alta tolerancia entre los cereales, podría mejorar su productividad. El objetivo de este estudio fue conocer la variabilidad de la respuesta de cultivares que se siembran y transcurre su estado juvenil en sustratos salinos, la relación entre estados y el rol de la prolina en la respuesta. Se realizaron dos ensayos en condiciones controladas (E_1 y E_2). En E_1 se sembraron cinco cultivares en diferentes concentraciones salinas (hasta 160 mM NaCl) y se determinaron variables asociadas a la germinación. En E_2 se determinaron variables asociadas a plantas jóvenes en crecimiento en 0 y 120 mM NaCl. En plantas jóvenes, las concentraciones de prolina en parte aérea fueron 0,23 y 0,06 mg por gramo de material fresco en sal y testigo respectivamente. Los cultivares Explorer, MP1012 y Scarlett tuvieron mayores contenidos que Jennifer y Traveller (0,255 vs. 0,19) ($p \leq 0,05$). Los valores de prolina en raíz en sal fueron mayores que en agua pero 10 veces menores que en parte aérea. En 120 mM NaCl, Explorer presentó el mayor valor de índice de velocidad de germinación (junto a Scarlett), longitud de epicótilo y de radícula (E_1), peso fresco y seco aéreo (junto a Scarlett), seco de raíz (junto a MP1012) y área foliar (junto a Scarlett y MP1012 (E_2)). Los cultivares Explorer y Scarlett se destacaron por su tolerancia a la salinidad en germinación y junto a MP1012 en plantas jóvenes. La acumulación de prolina en parte aérea podría explicar el comportamiento de ellos.

MV 18

SELECTING OPEN-POLLINATED POPCORN VARIETIES FOR DROUGHT TOLERANCE USING GT BILOT METHOD

Santos T.D.O.¹, V.J. De Lima¹, R.B. Bispo¹, S.H. Kamphorst¹, J.T. Leite¹, L.J.M. Guimarães², P.H.A.D. Santos¹, A.T. Do Amaral Junior¹. ¹UENF, Brasil; ²Embrapa Milho e Sorgo, Brasil. tallesdeoliveira@live.com

Water limitation is a common abiotic stress in tropical and subtropical regions. This condition limits the growth and development of agricultural crops, impacting mainly the yield of grains. Act through genetic and plant breeding is the viable alternative to obtain more tolerant and/or more efficient genotypes for environments with the stress in question. The objective of this study was to select popcorn genotypes for water stress environments based on biplot GT analysis. For that, 15 open-pollinated varieties (OPV) of popcorn were evaluated, from the Germplasm Collection of the Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF). The experiment was conducted in randomized complete blocks, with three replications, under dry (WS) and full irrigation (WW) conditions. The analysis of variance and GT biplot analysis were performed for the following characters: grain yield (GY), popping expansion (PE), number of grains per row (NGR), mass of one hundred grains (MHG), length of the cob (LC), plant height (PH), dry matter (DM) and relative chlorophyll content (SPAD). There was variability among the studied genotypes ($p < 0.01$). Biplot plots explained 71.3% of the variation observed in the first two main components in the WS environment and 61.6% in WW. In both environments, the GY character showed a positive association with SPAD, LC, PH, DM, NGR and negative with PE. Based on the genotype ranking analysis, genotype 880A-POP was the most stable in WS and WW, being indicated as promising OPV for cultivation in environments with water limitation.

COMBINING ABILITY OF ROOTS ATTRIBUTES IN POPCORN LINES AND HYBRIDS BY CIRCULANT DIALLEL

Bispo R.B.¹, V.J. De Lima¹, T.D.O.Santos¹, S.H. Kamphorst¹, J.T. Leite¹, E. Campostrini¹, F.R.A. Ferreira¹, A.T. Do Amaral Júnior¹. ¹Universidade Estadual do Norte Fluminense, Brasil. rosimeirebarboza1@hotmail.com

The root ideotype “steep, cheap and deep” improves the efficiency of water capture in environments with water limitation, reducing the harmful effect of drought. The aim of this work was to generate information about the inheritance of nine root traits of popcorn in two contrasting environments regarding water availability. A total of 10 lines (L61, L63, L65, L71, L75, L76, P2, P3, P6 and P7) and 15 hybrids were evaluated under well-watered (WW) and water stress (WS). The evaluated traits were: number of brace roots (NBR), lateral roots (NLR) and crown roots (NCR); angle of brace roots (ABR), lateral roots (ALR) and crown roots (ACR); density of brace roots (DBR), lateral roots (DLR) and crown roots (CRD). Individual analysis of variance, general combining (GCA) and specific combining (SCA) ability analysis were performed. A significant effect was observed between genotypes, GCA and SCA. In both environments, the estimates of the quadratic components of additive effects outweighed the non-additives. In WS, overall, the parents with the best GCA estimates for the traits were: L65, L75 and P3; and in WW, the parents P2, P3 and P7 were prominent. In WS, the best hybrid combinations were: L61 X P2, L65 X P3 and L75 X P6; while, in WW, were: L65 X P3, L75 X P6 and L76 X P7. Based on the genetic effect of the evaluated traits, intra-population breeding methods are recommended for increases in root traits.

CARACTERIZACIÓN FILOGENÉTICA DE LÍNEAS DE MAÍZ WAXY Y DE LA ALTA CONCENTRACIÓN DE LISINA EN GRANO

Corcuera V.R.¹, M.V. Kandus², D. Almorza Gomar³, A. Prada Oliveira³, J.C. Salerno⁴. ¹CIC-INTA-IGEAFF-FA-UNLZ, Argentina; ²INTA-IGEAFF-FA-UM, Argentina; ³Universidad de Cádiz, España; ⁴INTA-IGEAFF-EA-USAL-FAYCA-UM, Argentina. salerno.juancarlos@inta.gob.ar

El agregado de valor a los *commodities* es esencial para el desarrollo socio-económico de Argentina e involucra la mejora genética dirigida a la fortificación endógena. El objetivo del trabajo es lograr líneas de maíces especiales productores de granos con almidón modificado (*waxy*) y/o alto contenido de lisina. Se evaluaron en un diseño DBA con 3 repeticiones 15 líneas endocriadas con calidad integral de grano (CIG), los caracteres morfo-fisiológicos necesarios para la inscripción de variedades. 10 líneas presentaron ciclo corto a floración femenina (R_1) y 8 mostraron alta prolificidad (1,6-2,0 espigas/planta). La altura de planta varió desde 78,4-178,0 cm y desarrollaron 10-17 hojas. Las panojas presentaron óptima exersión y abundantes ramificaciones primarias con excepción de la línea CIG30. La matriz de correlaciones entre los descriptores utilizados permitió identificar a los más apropiados para realizar el análisis de conglomerados mediante el algoritmo UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*). La mayor importancia para la asociación la mostraron el tipo de grano y tiempo térmico a R_1 que permiten identificar cuatro grupos a 2,84 de la distancia de ligamiento promedio. Los caracteres cuali y cuantitativos de la panoja conforman los grandes aglomerados visibles más allá de la distancia Euclídea señalada. Los materiales analizados se destacan por su precocidad, prolificidad, arquitectura moderna de planta y buen comportamiento como polinizadores, sumado a las variables analizadas de almidón modificado (AM), Vitro (V), alta calidad proteica (CP).

MV 21

RENDIMIENTO Y PARTICIÓN DE BIOMASA EN GENOTIPOS DE MAÍZ (*Zea mays* L.) “BMR” APTOS PARA PRODUCIR BIOETANOL DE 2da. GENERACIÓN

Kandus M.V.¹, S. Cabada², D. Almorza³, A. Prada³, J.C. Salerno¹. ¹IGEAF, CNIA INTA, Argentina; ²EAA INTA Paraná, Argentina; ³Universidad de Cádiz, España.
kandus.mariana@inta.gob.ar

La producción de biocombustibles a partir de residuos de cosecha de cultivos agrícolas es una alternativa que no compite con la producción de alimentos. En maíz se han identificado 5 loci de tipo *brown midrib* (nervadura marrón) del *bm1* al *bm5*, siendo *bm3* el más usado en híbridos forrajeros. Esta mutación reduce el contenido de lignina aumentando la digestibilidad de la pared celular. Se realizó un ECR a campo durante 2016–17 en INTA Castelar, usando un DBCA con 3 repeticiones. Se evaluaron 6 híbridos comerciales (HC): H1 y H6 (*bmr*) y H2, H3, H4 y H5 (no *bmr*) de distintas empresas. Las variables se midieron en madurez de cosecha. El peso de espigas y de los granos (g/m²) de H5, H4 y H3 fueron mayores que los de H1, mientras que H2 y H6 no presentaron diferencias significativas (D.S.) con ambos grupos de HC. El % marlo respecto al peso de la espiga fue mayor en H3, H6 y H1, aunque, si se tiene en cuenta el peso del marlo (g/m²), H3 y H6 mostraron mayores valores que H1, mientras que H2, H4 y H5 no mostraron diferencias significativas con ambos grupos de HC. A su vez, se encontró una relación lineal y positiva entre rendimiento y peso de marlo ($p=0,0021$; $R^2=0,46$). La biomasa del rastrojo no mostró diferencias significativas entre HC aunque H5 y H6 tuvieron una tendencia positiva. Uno de los híbridos *bmr* evaluados (H6) alcanzó un alto rendimiento en grano (similar al de los HC no *bmr*) y, a su vez, una alta producción de rastrojo y en particular, de marlos que podrían ser recuperados en la cosecha. Esto sumado al menor contenido de lignina, le confiere un alto potencial para producir bioetanol a partir del rastrojo.

MV 22

MODELO LINEAL MIXTO BASADO EN SNP PARA EXPANSIÓN Y RENDIMIENTO DE GRANO EN PALOMITAS DE MAÍZ

Sousa Mafra G.¹, J.E. De Almeida Filho², J. Saltires Santos¹, Y. Pequeno De Souza¹, G. Ferreira Pena³, A. Teixeira Do Amaral Junior¹. ¹Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Brasil; ²Bayer, Brasil; ³Universidade Estadual de Mato Grosso, Brasil.
gabrielle.smafra@yahoo.com.br

La identificación de los genes responsables por las características complejas es altamente importante para acelerar el mejoramiento genético, sin embargo los estudios de esta naturaleza en palomitas de maíz todavía son limitados. Así, este estudio realizó un enfoque de análisis de asociación de modelo mixto (MLMA) basado en SNP para dos características importantes de las palomitas de maíz. Con este fin, se tomaron muestras de 196 plantas de la población de polinización abierta UENF-14, se autofijaron (S_1) y luego se genotiparon con un panel de 10.507 marcadores SNP polimórficos distribuidos por todo el genoma. Dos sitios se consideraron en este estudio: Campos dos Goytacazes (ENV1) y Itaocara (ENV2), en Río de Janeiro – BR, en un diseño de bloque incompleto, para las características expansión y rendimiento de granos. Sobre la base de los datos fenotípicos de las progenies S_1 y la caracterización del genoma de los genitores, se realizó MLMA. Posteriormente, se verificaron los genes catalogados en la plataforma MaizeGDB, que potencialmente están en desequilibrio de ligamiento con los SNP asociados a las características evaluadas. El estudio reveló la presencia de un gen para expansión (GRMZM2G461936) y uno para rendimiento de grano (GRMZM2G069618) en el ENV1; y tres genes asociados con expansión (GRMZM2G098793, GRMZM2G081048 y GRMZM2G048672) en el ENV2. Estos resultados pueden contribuir para el conocimiento sobre la arquitectura genética de las características evaluadas, y auxiliar la selección en programas de mejoramiento.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y FENOLÓGICA DE LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ

Ferrari G.¹, A. Ceaglio¹, L. Gallizia², E. Mroginiski^{1,2}. ¹UNNOBA, Argentina; ²INTA-EEA Pergamino, Argentina. giulianaferrari6@gmail.com

La caracterización de líneas puras permite conocer el nivel de variabilidad genética presente en la colección, identificar genotipos útiles y asistir en la planificación del mejoramiento genético. Con el objetivo de avanzar en la caracterización morfológica y fenológica de la colección de líneas endocriadas de maíz pertenecientes al grupo de Mejoramiento de Maíz del INTA, se realizó un experimento en la EEA INTA Pergamino, bajo un diseño en bloques completamente aleatorizado con dos repeticiones. La siembra se realizó el 4/10/2018. Las variables evaluadas fueron: fecha de floración masculina (Antesis) y de floración femenina (Silking), Intervalo Antesis-Silking (ASI), altura de planta, altura de inserción de la espiga, largo, ancho, área, punto de quiebre y ángulo de inserción vertical de la hoja de la espiga y hojas por encima y por debajo de la misma. A partir del análisis de la variancia (ANOVA) se estimaron los componentes de la variancia genética (Vg), fenotípica (Vf) y el Grado de Determinación Genética (GDG) para cada carácter. El ANOVA detectó diferencias significativas entre líneas para todos los caracteres. Los GDG fueron altos (mayor a 0,7) para todos los rasgos analizados, excepto el ASI que presentó un GDG medio (0,64). Los resultados obtenidos evidencian la existencia de una elevada variabilidad genética para los rasgos evaluados en la colección de líneas bajo estudio. La información generada resultará de gran utilidad para complementar la caracterización fenotípica y molecular de las líneas endocriadas y para su utilización en el programa de mejoramiento.

HEREDABILIDAD DE LA RESISTENCIA A MAL DE RÍO CUARTO Y ROYA COMÚN EN LÍNEAS DE MAÍZ

Rossi E.A.¹, M. Ruiz¹, M.G. Balzarini^{2,3}, N.C. Bonamico¹. ¹INIAB (UNRC-CONICET), Argentina; ²Estadística y Biometría, FCA, UNC, Argentina; ³CONICET, Argentina. erossi@ayv.unrc.edu.ar

El Mal de Río Cuarto (MRC) y la roya común (RC) son enfermedades importantes del maíz en el sur de Córdoba, Argentina. El objetivo del trabajo fue estimar los componentes de variancia y la heredabilidad de severidad de MRC y RC (SEV-MRC; SEV-RC). Una colección de 185 líneas de maíz de CIMMYT se evaluó simultáneamente para SEV-MRC y SEV-RC en cuatro ambientes (dos localidades del sur de Córdoba y dos años -2018 y 2019-), con un diseño parcialmente repetido por ambiente (25% líneas con tres repeticiones). No se observó correlación entre los caracteres a través de ambientes. Se estimaron modelos lineales mixtos con estructura de covarianza homogénea, heterogénea y no estructurada para la interacción genotipo-ambiente (GE), seleccionando el mejor modelo mediante la prueba del cociente de verosimilitud. Para el modelo de mejor ajuste para la interacción, se compararon modelos con y sin correlación genética, estimada a partir de un panel de 126.474 SNP, que se seleccionaron por el criterio de información de Akaike (AIC). El modelo seleccionado consideró estructura de varianzas heterogéneas según ambiente y correlación genética entre las líneas. Las componentes de variancia estimadas a partir del modelo seleccionado resultaron en valores altos de heredabilidad (SEV-MRC=0,62; SEV-RC=0,72). Identificar SNP asociados con ambos caracteres permitirá hacer más eficiente la selección.

MV 25

EVALUACIÓN DE LA RESPUESTA A LA TRANSFORMACIÓN GENÉTICA EN LÍNEAS DE MAÍZ CON APTITUD AGRONÓMICA EN ARGENTINA

Liotino M.¹, A. Varangot², M. Auteri^{2,3}, A. Beznec^{2,3}, M. Kandus^{1,3}, E. Bossio^{2,3}, E. Mroginski⁴, D. Lewi³, P. Faccio^{2,3}. ¹Facultad de Agronomía y Ciencias Agroalimentarias, Universidad de Morón, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad de Morón, Argentina; ³Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Argentina; ⁴Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, INTA, Argentina.
faccio.paula@inta.gob.ar

La obtención de plantas *in vitro* es fundamental para la transformación genética de cereales que se regeneran por embriogénesis somática. La capacidad embriogénica es genotipo dependiente y generalmente baja en líneas agronómicamente útiles de maíz. Uno de los genotipos más utilizados es el Hi-II por su excelente respuesta, generando callos embriogénicos de tipo II, pero presenta desventajas agronómicas. Se han realizado numerosos esfuerzos para identificar nuevos genotipos que combinen buena aptitud agronómica con alta capacidad de respuesta al cultivo *in vitro*. En estudios previos de nuestro grupo de trabajo se identificaron tres líneas del Programa de Mejoramiento de Maíz de INTA con buena capacidad embriogénica *in vitro*. En el presente trabajo se evaluó la transferencia génica con distintos protocolos en las líneas LP317, LP509 y LP4703, sobre callos provenientes de embriones cigóticos inmaduros. La transferencia de genes se realizó por biolística, con un cañón de alta presión, utilizando un gen marcador visualizable *gus* y uno de selección *bar*. Se evaluaron distintas condiciones y estadios de desarrollo de los callos. Se constató la transferencia génica por expresión transitoria del gen *gus* en las tres líneas evaluadas. En la LP509 se observó el mayor porcentaje de callos con expresión transitoria ($p < 0,05$) y se logró recuperar una planta transgénica conteniendo el gen *bar*. Resta ajustar el protocolo para mejorar la eficiencia de recuperación de plantas transformadas. Los resultados son un avance importante hacia un protocolo de transformación utilizando genotipos locales.

MV 26

AVANCES EN LA DETERMINACIÓN DE LAS BASES GENÉTICO-MOLECULARES DE LA FERTILIDAD DE ESPIGA EN TRIGO PAN

Alonso M.P.^{1,2}, N.E. Mirabella¹, J.S. Panelo¹, J.M. Crescente^{2,3}, L.S. Vanzetti^{2,3}, A.C. Pontaroli^{1,2}. ¹Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP-EEA Balcarce INTA), Balcarce, Buenos Aires, Argentina; ²CONICET; ³Grupo Biotecnología y Recursos Genéticos, INTA EEA Marcos Juárez, Marcos Juárez, Córdoba, Argentina.
pontaroli.ana@inta.gob.ar

Uno de los principales objetivos del mejoramiento genético de trigo pan a nivel mundial es el aumento del rendimiento en grano. El objetivo del proyecto fue identificar regiones genómicas asociadas a la fertilidad de espiga (FE), un carácter de fácil medición a madurez, que está fuertemente asociado al número de granos por unidad de superficie, el principal determinante del rendimiento en trigo pan. Para esto, se utilizó una población de 146 líneas endocriadas recombinantes (RIL) derivadas del cruzamiento entre Baguette 10 (madre de alta FE) y Klein Chajá (padre de baja FE). Se realizaron tres ensayos a campo para determinar la FE. Se construyó un mapa de ligamiento con 857 marcadores SNP (Axiom® 35K SNP Wheat Breeder's Array, Affimetrix) en 80 RIL, y se realizó un mapeo de QTL. La distribución de frecuencia de la FE de la población mostró una forma acampanada para los tres años de evaluación fenotípica, con segregación transgresiva. La heredabilidad en sentido estricto del carácter fue 0,84. Sólo 11% de la varianza total se debió a la interacción genotipo x ambiente. La FE estuvo positivamente asociada al número de granos por unidad de superficie ($r = 0,48$). Se encontraron cuatro regiones genómicas (QTL) asociadas a la FE, en los cromosomas 1B, 2D, 5B y 7A. En total, estas regiones explicaron 26 % de la variación total en FE, no hubo interacción QTL por año y no hubo ninguna interacción entre QTL ($p > 0,05$). Los resultados del presente trabajo constituyen un avance significativo en el establecimiento de las bases genético-moleculares de la FE.

IDENTIFICACIÓN DE QTL PARA CARACTERES DE RESISTENCIA A LA FUSARIOSIS DE LA ESPIGA EN UNA POBLACIÓN BIPARENTAL DE *Triticum aestivum*

Franco F.^{1,2}, G.A. Lori^{3,4}, J.S. Panelo¹, M.P. Alonso^{1,2}, N.E. Mirabella¹, I. Malbrán^{2,3}, G. Cendoya¹, A.C. Pontaroli^{1,2}. ¹Unidad Integrada Balcarce (FCA, UNMdP y EEA INTA Balcarce), Argentina; ²CONICET; ³Centro de Investigaciones de Fitopatología (CIDEFI), Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, Argentina; ⁴Comisión de Investigaciones Científicas (CIC) de la Provincia de Buenos Aires, Argentina.
fiorella.franco@hotmail.com

La Fusariosis de la espiga de trigo (FET), causada por *Fusarium graminearum* Schwabe es una de las enfermedades fúngicas más importantes del cultivo a nivel mundial. El empleo de cultivares resistentes juega un papel clave en el manejo integrado de la FET. Sin embargo, las fuentes de resistencia identificadas a la fecha son escasas y mayormente de origen asiático. En el presente trabajo se buscó detectar regiones genómicas asociadas al carácter en germoplasma adaptado localmente. Se utilizó una población de 126 líneas endocriadas recombinantes (RIL) derivadas del cruzamiento Baguette 10/Klein Chajá (cultivares medianamente tolerantes a la FET, de origen diverso). Se evaluó el avance del hongo en la espiga en cuatro ensayos de campo en 2016 y 2017 bajo un diseño en bloques completos aleatorizados con dos repeticiones. La enfermedad fue inducida mediante inoculación puntual y se evaluó la severidad 21 días post-inoculación (Sev21) y el área bajo la curva de progreso de enfermedad (ABCPE). Las RILs fueron genotipificadas con un chip de 35K SNP de Affimetrix. Se construyó un mapa de ligamiento con 857 marcadores SNP en 80 RILs y se realizó un mapeo por intervalo compuesto. Se detectaron tres QTL, asociados con ambos caracteres, en los cromosomas 2A, 4A y 6D. Estas regiones explicaron en conjunto 34,6% y 36,9% de la variación fenotípica para Sev21 y ABCPE respectivamente. No se detectó interacción QTL por ambiente ($p > 0,05$) ni entre QTL ($p > 0,05$). Estos resultados constituyen un avance significativo hacia la postulación de genes candidatos para la resistencia a la FET.

EVALUACIÓN DE LA DETOXIFICACIÓN DE IMAZAPIR-IMAZAMOX EN POBLACIONES MUTANTES DE TRIGO RESISTENTE A HERBICIDAS INHIBIDORES DE LA ALS

Di Pane F.J.¹, M.E. Yannicari². ¹CEI Barrow, Argentina; ²CONICET - CEI Barrow, Argentina.
dipane.francisco@inta.gob.ar

Citocromo P450 monooxigenasa (CYP450) es un complejo enzimático responsable de la detoxificación de numerosos xenobióticos, identificándolo como un mecanismo de resistencia a herbicidas. Para obtener variabilidad genética en la sensibilidad a imazapir-imazamox en trigo, se trató la variedad Baguette 10 con tres dosis de rayos gamma (50, 200, 400Gy). Luego, plantas M₅, en un estado de 2-3 macollos, se trataron con una dosis de imazapir-imazamox (Clearsol plus) de 4 L ha⁻¹ y se seleccionaron tres plantas sobrevivientes (pl60, pl100 y pl106). Empleando la progenie de esas plantas selectas, semillas de Baguette 10 y Titanio CL (trigo resistente a imazamox) se evaluó la capacidad de detoxificación de imidazolinonas. Para ello, semillas pre-germinadas se incubaron en imazapir-imazamox (0, 150, 300 y 600 µM) con y sin inhibidores de CYP450 (malatión, aminobenzotriazol y butóxido de piperonilo). Luego de 5 días se evaluó el peso y largo de raicillas y de la plúmula. Se encontró que el largo de raíces fue la variable más sensible al herbicida, donde sólo en plántulas de Baguette 10 y Titanio CL se halló reducción del crecimiento con 150, 300 y 600 µM de herbicida. En tanto, en la progenie de pl60, pl100 y pl106 la inhibición del crecimiento radical se detectó recién a 600 µM. Sólo las plántulas derivadas de pl100, mostraron respuesta al herbicida en interacción con butóxido de piperonilo. Esta evidencia indica que en ese único caso, CYP450 sería responsable de la detoxificación del herbicida, aunque no es posible confirmar que sea el único mecanismo de resistencia implicado.

MV 29

IDENTIFICAÇÃO DE CULTIVARES BRASILEIRAS DE TRIGO RESISTENTES AO PULGÃO *Rhopalosiphum padi*

Morozini A.M.¹, L.D.J. Corrêa¹, P.R. Da Silva¹. ¹Universidade Estadual do Centro Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil. anamorozini@hotmail.com

O trigo é a principal fonte de calorias da humanidade e uma importante comódite na economia global. Para manter a sustentabilidade da produção de trigo no mundo, o investimento no melhoramento se faz necessário. Dentre os afídeos pragas que ataca a cultura, o pulgão *Rhopalosiphum padi* é o de maior importância na América do Sul por ser o vetor de viroses. O uso da resistência genética por antibiose é uma estratégia sustentável para manter as baixas perdas na triticultura ocasionadas pelo *R. padi*. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi a avaliação da resistência genética de 11 cultivares brasileiras de trigo ao *R. padi*. Os bioensaios sem chance de escolha, em ambiente controlado, consistiram na inoculação de dois pulgões por planta e contagem do número total de pulgões 12 dias após a inoculação. O delimitamento experimental foi blocos ao acaso com seis repetições de três plantas de cada cultivar. Com base no número médio de pulgões (NMP) observados a ANOVA e o teste de Scott Knott ($p < 0,05$) manteve as cultivares TBIO Consistência (NMP 209) e Embrapa 16 (NMP 137) individualizadas. Já, as demais cultivares formaram dois grupos, sendo que o grupo I foi composto pelas cultivares TBIO Audaz (NMP 89), BRS Timbaúva (NMP 81), TBIO Sossego (NMP 80), BR 16 (NMP 78), ORS 25 (NMP 76) e o grupo II pelas cultivares TBIO Toruk (NMP 62), BRS Atobá (NMP 57), BRS 374 (NMP 55) e TBIO Sonic (NMP 44). Estes dados evidenciam que dentre as 11 cultivares brasileiras de trigo avaliadas as do grupo II apresentam maior resistência ao *R. padi*.

MV 30

SELECCIÓN SIMULTÁNEA POR EL NIVEL DE RESISTENCIA A *Phomopsis helianthi* Y *Sclerotinia sclerotiorum* EN HÍBRIDOS DE GIRASOL

Dinon A.^{1,2}, S. Delgado^{1,2}, F.D. Castaño^{1,2}, C. Troglia^{2,3}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP, Argentina; ²Unidad Integrada Balcarce (UIB), Argentina; ³Estación Experimental Agropecuaria-INIA, Argentina. anabella005@yahoo.com.ar

El objetivo fue valorar la posibilidad de seleccionar girasol por su performance combinada en hojas y capítulos, luego de inoculaciones con *Phomopsis helianthi* (*Ph*) y *Sclerotinia sclerotiorum* (*Sc*), respectivamente. En la UIB y durante 2 años, 6 híbridos se distribuyeron en el campo según un DBCA con parcelas divididas y 3 repeticiones. En una de las 2 subparcelas, una hoja del tercio superior del tallo de 12 plantas, en estadio R3 (=E3), se inoculó con un disco de agar con micelio de *Ph*. Luego, todas las plantas inoculadas con *Ph* y otras 12 de las demás subparcelas, recibieron 2500 ascosporas de *Sc* en sus capítulos, en estadio R5.2 (=F3.2). A éstos se los cubrió con bolsas Kraft durante 14 días. El largo de la lesión sobre la nervadura foliar principal se midió a los 21 ddi; sólo aquellas cuya longitud superó al diámetro del disco (>5 mm) fueron analizadas. La incidencia-INC por *Sc* se valoró a los 35 ddi. El promedio de lesiones debidas a *Ph* en el año 2 (29 mm), superó ($p < 0,05$) al del año 1 (25 mm). Para la INC, el ANOVA combinado no detectó efecto de la interacción Híbrido-Tratamiento, por lo que el ranking de los híbridos fue semejante con o sin inoculación previa con *Ph*. Tampoco hubo diferencias entre los promedios generales de INC en plantas sin (52%) y con inoculación con *Ph* (51%). En consecuencia, el comportamiento frente a *Sc* no dependió del generado por *Ph*. Estos resultados sugieren que la selección de híbridos por su mejor performance tanto frente a *Ph* como a *Sc*, en el mismo espacio de tiempo es posible. Lo anterior propiciará una asignación más eficiente de recursos.

DIVERSIDAD GENÉTICA EN LA TOLERANCIA A TEMPERATURAS EXTREMAS EN GIRASOL SILVESTRE Y CULTIVADO

Hernández F.¹, M. Poverene¹, A. Presotto¹. ¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur, Argentina. fhernandez@cerzos-conicet.gob.ar

Aumentos en la variabilidad climática aumentan la ocurrencia de temperaturas extremas, afectando el establecimiento y rendimiento de los cultivos. El mejoramiento genético de la tolerancia a temperaturas extremas (TTE) permitiría aumentar la resiliencia de las especies cultivadas. El objetivo del trabajo fue optimizar técnicas de *screening* para evaluar TTE en girasol silvestre y cultivado. Se utilizaron poblaciones silvestres y cultivares para evaluar TTE en estadios vegetativos y reproductivos en condiciones controladas y a campo. El tratamiento de estrés por frío (EF) consistió en la exposición de plantas (2-4 hojas) a -4 °C-3 hs (aclimatación a 4 °C-4 días), el tratamiento de calor (EC) consistió en la exposición de las plantas a 52 °C-3 hs, (aclimatación a 28 °C-42 °C en 4 hs). En la evaluación a campo de la tolerancia a EF, se sembraron frutos en otoño y se registró la supervivencia invernal, mientras que el EC se generó usando carpas de calor. Para evaluar la tolerancia a EC en estadios reproductivos se utilizaron bolsas de papel color blanco y negro (control y EC) para aumentar la temperatura alrededor del capítulo; el rendimiento relativo del capítulo (estrés/control) fue la principal variable de tolerancia. En estadios vegetativos, las poblaciones silvestres mostraron mayor tolerancia al frío que los cultivares mientras que lo inverso se observó en EC. En estadios reproductivos, las poblaciones silvestres mostraron mayor tolerancia al EC. Las poblaciones invasoras de girasol representan una importante fuente de TTE dentro del pool génico primario del girasol cultivado.

ABERTURA PREMATURA DE VAGENS EM GENÓTIPOS DE SOJA SUBMETIDAS AO DEFICIT HÍDRICO

De Oliveira Moura L.¹, B. De Almeida Soares¹, F. Charles Dos Santos Silva¹, F. Cupertino Rodrigues¹, F. Lopes Da Silva¹. ¹Universidade Federal de Viçosa, Brasil. lorena.om@hotmail.com

Diversos fatores podem estar associados à abertura prematura de vagens (APV) de soja. Distúrbios fisiológicos decorrentes do deficit hídrico tem sido apontado como uma destas causas. O objetivo foi avaliar genótipos submetidos ao deficit hídrico, quanto à APV, e sua correlação com outros caracteres agrônômicos. O trabalho foi conduzido em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa, no período de janeiro a maio de 2018. O experimento foi delineado em blocos casualizados, com três blocos, 90 genótipos e dois tratamentos de lâminas de água, baseados na capacidade de campo: controle (-33 kPa) e estresse (-900 kPa). Os tratamentos foram aplicados a partir do estágio R3 até o enchimento de grãos. Foi quantificado a porcentagem de APV e outros caracteres agrônômicos (nº de grãos, peso de 100 grãos, nº de vagens, nº de nós, nº de hastes laterais, altura da planta, nº de vagens chochas, dimensões da vagem e dos grãos). Foi realizado análise de variância, agrupamento de média e análise de correlação entre as variáveis. Houve diferença significativa para a APV na interação genótipo x lâmina de água ($p < 0,001$). No tratamento controle, os genótipos não apresentaram diferença para a característica. O tratamento com deficit hídrico separou os genótipos em 5 grupos ($p < 0,01$). Cinco genótipos apresentaram maior abertura prematura de vagens na condição de deficit hídrico ($p < 0,01$). Nenhum dos caracteres agrônômicos analisados apresentou correlação com a APV. Conclui-se que o deficit hídrico influencia na APV de alguns genótipos.

MV 33

ESTRATIFICAÇÃO AMBIENTAL PARA AVALIAÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA VIA GGE BILOT

Cupertino F., F. Charles Dos Santos Silva¹, L. De Oliveira Moura¹, F. Lopes Da Silva¹. Universidade Federal de Viçosa, Brasil. fernanda.cupertino@ufv.br

A soja é a cultura anual mais importante do Brasil. É cultivada de norte a sul do país, o que caracteriza grande variação nas condições de cultivo. Programas de melhoramento genético objetivam, principalmente, o aumento da produtividade. A produtividade é um caractere quantitativo, ou seja, é controlado por muitos genes e sofre grande influência do ambiente e da interação genótipo x ambiente (IGA). A IGA pode acarretar dificuldades no processo de seleção de genótipos e pode influenciar no ganho de seleção, o que dificulta o trabalho dos melhoristas. Uma maneira de contornar a influência da IGA é a realização da estratificação ambiental (EA), que visa formar grupos de ambientes mais homogêneos. Além de diminuir a influência da IGA a EA também otimiza o programa, visto que este possibilita a redução de gastos e maximização do ganho genético. Dado o exposto objetivou-se com este trabalho realizar uma EA para cidades dos Estados do Mato Grosso do Sul (Naviraí, Maracaju, Bela Vista, Dourados, Mamborê e Ponta Porã) e do Paraná (Palotina, Rolândia, Cafelândia, Sertãozinho e Toledo). Para tanto, foram utilizados dados de produção de 30 genótipos em 3 safras (2012, 2013 e 2014) com 3 repetições cada. Aplicou-se o método de EA GGE Biplot e a partir dos resultados gerados plotou-se um gráfico de rede de similaridade. Concluiu-se que as cidades Maracaju, Bela Vista, Cafelândia e Mamborê ambientalmente similares e podem ser excluídas ou substituídas por locais mais discrepantes. Deste modo, o programa de melhoramento será otimizado e maiores ganhos serão obtidos.

MV 34

EVALUACIÓN DE DIVERGENCIA GENÉTICA EN *Asparagus* MEDIANTE MARCADORES MOLECULARES SRAP (SEQUENCE- RELATED AMPLIFIED POLYMORPHISM)

Amato L.D.^{1,2}, A. Zayas^{1,2}, E.A. Martín^{1,2}, F.S. López Anido^{1,2}. IICAR-CONICET, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNR, Argentina. luciadoloresamato@gmail.com

El espárrago cultivado (*Asparagus officinalis* L.) es una hortaliza muy valorada y cultivada en los cinco continentes. Si bien, hasta el momento no hay estudios de la asociación entre divergencia y heterosis, sería esperable encontrar combinaciones heteróticas en cruces de materiales de distintos orígenes. El objetivo del estudio fue evaluar la distancia genética entre 29 accesiones de *Asparagus* de doce orígenes distintos. Como fuera de grupo se incluyeron una accesión de *A. pseudoscaber* Grecescu y dos de *A. densiflorus* Jessop. Se realizó un estudio molecular mediante marcadores SRAP, analizando 16 combinaciones de marcadores con el programa estadístico Infogen. Las combinaciones analizadas generaron 329 bandas totales, de las cuales el 92,4% fueron polimórficas. Representando en un dendrograma la matriz de distancias (Dice), se separaron 7 grupos (G) principales a 0,65. El G-I quedó conformado por 4 accesiones de origen italiano y franceses. El G-II incluyó a los dos materiales de *A. densiflorus*. El G-III sólo incluyó una accesión sueca, mientras que G-IV incluyó únicamente al material de *A. pseudoscaber*. Los G-V, VI y VII fueron los que mayor número de accesiones incluyeron. El G-V incluyó seis materiales; G-VI a ocho materiales y G-VII a siete accesiones. Como conclusión del análisis, las accesiones fuera de grupo quedaron separadas del espárrago cultivado, mientras que dentro de este último se pudo observar un cierto agrupamiento según origen geográfico. Queda por ser probada la posibilidad de obtener heterosis al combinar materiales genotípicamente distantes.

SELECCIÓN DE GENOTIPOS MEJORADOS DE TOMATE (*Lycopersicon esculentum* MILL.) PARA TOLERANCIA AL ESTRÉS HÍDRICO EN SANTA ELENA, ECUADOR

Andrade Varela C.; S. Tomalá, Á. León¹. ¹Universidad Estatal Península de Santa Elena, Ecuador. candrade@upse.edu.ec

En los últimos años, en Ecuador, se evidencia el incremento de la superficie sembrada, llegando a 23.400 ha, de las cuales 16.426 se han visto afectadas por la alta salinidad de los suelos, por eso el objetivo fue evaluar genotipos de tomate tolerantes al estrés hídrico. Los mismos provienen de semillas certificadas de tomate que germinaron en concentraciones de agua de mar y creolina agrícola ecológica, además de un testigo comercial. Los análisis estadísticos fueron mediante distribución e histogramas de frecuencias, regresión lineal simple, y la tolerancia a estrés hídrico, fue comprobada con la metodología SEPOR (2010). Entre las variables se consideraron al porcentaje de germinación, altura de planta, días a floración, días a cosecha, incidencias de plagas, número y peso de frutos por planta y grados brix. Los resultados muestran que, los genotipos seleccionados por rendimiento bajo estrés hídrico, a partir del híbrido Acerado fueron: el 5 con 10 frutos; 1 y 2 obtuvieron 9 frutos, 3-4-6-7-11-16-28 originaron 8 frutos; mientras que los seleccionados a partir del híbrido Daniela, únicamente hubo dos genotipos que obtuvieron 5 frutos por planta y el testigo Miramar, con una frecuencia de 9 genotipos, presentó hasta tres frutos por planta en todas las cosechas. En cuanto a la regresión polinómica $y=6,4171x^2 - 0,9382x + 1$ entre la variable dependiente (déficit hídrico) y la independiente (volumen de agua por planta), se concluye que, por cada volumen de agua requerida, el déficit hídrico se incrementa de acuerdo a la necesidad de la planta.

VARIABILIDAD EN LOS REQUERIMIENTOS DE VERNALIZACIÓN DE CULTIVARES DE ZANAHORIA DE DIFERENTES ORÍGENES GEOGRÁFICOS

Wohlfeiler J¹, M.S. Alessandro^{1,2,3}, P. Cavagnaro^{1,2,3}, C. Galmarini^{1,2,3}. ¹INTA, Argentina; ²FCA UNCuyo, Argentina; ³CONICET, Argentina. josewohlfeiler@gmail.com

La zanahoria requiere cumplir con una etapa de vernalización y una posterior exposición a días largos para florecer. Los cultivares bienales de zanahoria necesitan de 11 a 12 semanas de frío para florecer, mientras que los anuales, de una a cuatro semanas. A pesar de esta clasificación general, existe variabilidad genética para requerimiento de vernalización, aún dentro de las clases anuales y bienales. El objetivo de este trabajo fue caracterizar los requerimientos de vernalización en variedades de zanahoria de diferentes orígenes geográficos. Para ello, tres variedades anuales - T88 (de Turquía), Brasilia (de Brasil) y Criolla (de Argentina) - y dos bienales - B5 (EEUU) y Kuroda (Japón) - fueron expuestas a temperatura vernalizante (5 °C) durante 30, 60 y 90 días, seguido de días largos y aumento de temperatura. La variable de estudio fue el porcentaje (%) de floración y tiempo de vernalización. Se encontró variabilidad significativa ($p < 0,001$) para % floración entre los genotipos. Con 30 días de frío, sólo hubo floración en la variedad T88 (30% del total de plantas). Con 60 días, T88 alcanzó el 85% de las plantas florecidas, Brasilia el 65%, Criolla 35% y B5 20%. Con 90 días de frío, las tres variedades anuales presentaron >80% floración mientras que en las bienales hubo un 80% de floración en B5 y un 40% en Kuroda. El rango de variación encontrado en el germoplasma de zanahoria sugiere que existe un gradiente de requerimientos de vernalización el cual podría deberse a la presencia de diferentes alelos con efectos de magnitud variable sobre el control genético de este carácter.

MV 37

DESIGN OF EXPERIMENTS FOR INITIAL STAGES IN PLANT BREEDING: A CASE STUDY WITH SWEET POTATO

Bueno J., V. Andrade¹, J. Silva¹. ¹Universidade Federal de Lavras, Brasil.
jssbueno@ufla.br

In initial stages in plant breeding it is commonplace to have small amounts of biological material for propagation of crossings. This usually restricts the possible number of replications and even the plot sizes for experiments. In 2018, a sweet potato (*Ipomea batata*) breeding program was established in Lavras, MG, a location suitable for flowering of the species (that is allogamous and auto-sterile, polyploid and presents vegetative propagation). Thirty crossings from 80 parent lines had flowered, yielding 1585 clones. The experimental area included 17 rows of 100 experimental units each (using three clones per plot). Two commercial checks added to the design enhance Row-Column local control. Best design found using a tailored interchange algorithm for 1700 experimental units (EU) and varying number of genotypes (G) per family (F) and treatment model F/G. Resulting design and analyses for some of the interesting observed characters will be presented. Many of those involved non-trivial modelling due to subjective scaling or cost saving procedures in the final measures. We conclude that it is possible to be creative to use scarce resources in initial stages of plant breeding, ignoring pre-conceived recipes and using row-column designs as often as possible.

MV 38

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE HÍBRIDOS BRASILEIROS DO MORANGUEIRO *Fragaria x ananassa* DUCH. (ROSACEAE)

Corrêa J.V.W.¹, G.G. Weber¹, J.T.V. Resende¹, P.R. Da Silva¹.
¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, UNICENTRO, Guarapuava, PR, Brasil.
jessicavanessawcorrea@hotmail.com

O Brasil é o terceiro produtor de frutas no mundo, porém o vigésimo na produção de morangos. Dentre os fatores que limita o cultivo do morangueiro no país está o elevado custo das mudas importadas e a pouca adaptação destas as condições edafoclimáticas do país. Visando a superação destes fatores, os programas de melhoramento tem desenvolvido híbridos melhores adaptados a diferentes regiões do país. A caracterização molecular destes híbridos é essencial para determinar a relação genética entre estes bem como, com as cultivares tradicionais no mercado. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi caracterizar híbridos brasileiros de morangueiro utilizando marcadores moleculares ISSR (*inter-simple sequence repeat*). O DNA de sete híbridos, sendo quatro (FVFS07, H44, RVCA16 e RVDA11) selecionados de populações segregantes de quatro diferentes cruzamentos realizados pelo programa de melhoramento da UNICENTRO/UFLA, e três obtidos por produtores da região Sul do estado de Minas Gerais (Maju, Minas e NPH) e de 12 cultivares de morango foi extraído e avaliado utilizando sete *primers* ISSR. A similaridade média obtida pelo coeficiente de Jaccard foi de 0,18. No dendrograma, os híbridos foram posicionados distantes um do outro e na Análise de Coordenadas Principais (PCoA) ficaram distantes do ponto zero e distribuídos nos quatro quadrantes. Estes resultados evidenciam que estes híbridos são geneticamente divergentes com alto potencial genético para utilização em cruzamentos afim de obter novas cultivares brasileiras de morango melhores adaptadas as condições edafoclimáticas do país.

RESISTENCIA GENÉTICA DE *Aulacorthum solani* EN UN ESQUEMA DE PRODUCCIÓN HORTÍCOLA: BÚSQUEDA DE NUEVOS PRINCIPIOS ACTIVOS PARA RETRASAR SU EVOLUCIÓN

Tacaliti M.S.; É. Tocho¹, M. González², C. Ciriaco¹, M. Cosentino¹, L. Palomino¹, G. Romanelli³, C. Margaría⁴, M. Ricci⁴. ¹Genética, CISA-V, Fac. Cs. Agrarias y Forestales, UNLP, Argentina; ²INFIVE, CONICET, Fac. Cs. Agrarias y Forestales, UNLP, Argentina; ³CINDECA-CCT CONICET La Plata, Argentina; ⁴Zoología, CISA-V, Fac. Cs. Agrarias y Forestales, UNLP, Argentina.
maria.tacaliti@agro.unlp.edu.ar

La producción hortícola se caracteriza por una excesiva aplicación de agroquímicos en el manejo de insectos plaga. La aplicación intensiva y repetida de insecticidas acelera la selección de la resistencia genética en los insectos. La resistencia es un cambio heredable en la susceptibilidad de una población de insectos que tiene como consecuencia la pérdida de efectividad de un insecticida, para lo cual nuevos principios activos son requeridos. El objetivo consistió en evaluar a la flavona, un fenilpropanoide con propiedades insecticidas, como principio activo en la interacción lechuga-insecto (pulgón de la papa, *Aulacorthum solani*). La flavona se sintetizó siguiendo los principios de la Química Verde. Para evaluar la fitotoxicidad de las flavonas, se determinó el porcentaje de germinación y el crecimiento de plántulas de dos híbridos comerciales de lechuga (criolla y gallega de invierno). En promedio el porcentaje de germinación a las 24 hs mostró diferencias significativas entre tratamientos ($F=3,6216$; $p=0,031$), observándose una disminución con dosis de 400 y 500 ppm de flavona. Por efecto de la flavona se observó la disminución en el crecimiento del hipocótilo ($F=131,78$; $p=0,001$) y el aumento de la longitud de la radícula ($F=24,46$; $p=0,001$). Por otro lado, el efecto de la aplicación tópica sobre el pulgón mostró repelencia con 500 ppm de flavona. La determinación de la variabilidad de la tolerancia de los diferentes híbridos de lechuga es una etapa preliminar en la evaluación del efecto insecticida sobre los principales pulgones plaga en la horticultura.

DIVERSIDAD FENOTÍPICA REVELADA VÍA ANÁLISIS MULTIVARIADOS EN LÍNEAS MEJORADAS DE LA PAPAYA

Silva Santana J.G.¹, H.C. Cancela Ramos¹, D. Pereira Miranda¹, R. Santa Catarina¹, J.C. Fiorio Vettorazzi¹, A. Azevedo Vimercati Pirovani¹, D. Bohry¹, T. Pastana De Sousa Poltronieri¹, M. Gonzaga Pereira¹. ¹Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.
grasi_agronomia@hotmail.com

Este estudio fue realizado para estimar la diversidad fenotípica entre 97 linajes F5 de papaya, para lo cual nueve características relacionadas a la calidad de los frutos fueron sometidas a análisis de correlación lineal de Pearson, componentes principales (PCA) y cluster. Las características presentan diferencias significativas ($p<0,05$) entre los linajes, excepto el total de sólidos solubles. Los promedios varían de 585 a 2267 g para el peso medio de fruto, de 112,77 a 149,16 N para la firmeza de fruto, de 69,68 a 98,86 N para firmeza de pulpa, y de 7,28 a 11,93 °Brix para el total de sólidos solubles. Se observó una alta correlación positiva entre el peso medio de fruto y el volumen de pulpa ($r=0,92$), y una alta correlación negativa entre rendimiento de pulpa y diámetro de la cavidad ovárica ($r=-0,71$). Cinco componentes principales explicaron el 93% de la varianza, siendo peso medio de frutos, volumen de pulpa, diámetro de la cavidad ovárica, rendimiento y espesor de pulpa las características que más contribuyeron a la diversidad. Los linajes más divergentes fueron 61, 96, 88, 86, 63, 52, 70, 107, 39, 51, 1, 50, 19, 106, 22, 30, 100, 48, 56 y 104. Cuatro grupos distintos fueron formados por el método de agrupación UPGMA. Los resultados de este estudio proporcionan información importante para la gestión de los nuevos linajes y la conducción de futuros cruces en el programa de mejora de la papaya.

MV 41

DETERMINAÇÃO DE PARENTESCO EM HÍBRIDOS F_1 , QUANTIFICAÇÃO DAS PROPORÇÕES GENÔMICAS DE ANÃO/GIGANTE EM PLANTAS F_2 , DO HÍBRIDO DE *Cocos nucifera*

Wellington W.B.D.S.A.¹, C.P. Cleso², D.G. Dario¹, L.R. Lucileide¹.¹Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Brasil; ²Genética e Melhoramento, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, Sergipe, Brasil.

wellingtonnetrix@hotmail.com

O coqueiro (*Cocos nucifera* L.) é uma espécie monocotiledônea diploide, pertencente à família Arecaceae (Palmae) amplamente cultivada em todo o mundo. O coqueiro apresenta duas variedades, *Cocos nucifera* var. *typica* (Gigante) e var. *nana* (Anão). Atualmente, o melhoramento de coqueiro se baseia principalmente na utilização de plantas híbridas intervarietais, utilizando germoplasma essencialmente não domesticado, sem o conhecimento dos genitores, com pouco conhecimento sobre as características fenotípicas em termos de herdabilidade ou sobre possíveis regiões genômicas que as controlem. Este trabalho tem por seu objetivo a utilização de marcadores microssatélites para determinar o parentesco paterno mais provável de plantas F_1 intervarietais. Aplicando em gerações F_2 objetivando a determinação das proporções genômicas de Anão e Gigante, e avaliar o potencial para construção de um mapa genético com objetivo futuro de mapear locos controladores do nanismo. A análise de parentesco identificou um candidato pai mais provável para 165 plantas híbridas F_1 de coqueiro entre as 169 plantas híbridas analisadas (98%) e revelou que 64 dos 81 Gigantes participaram da geração dos híbridos. Oito genitores com elevado sucesso reprodutivo foram responsáveis por 42% dos híbridos gerados. A análise de composição genômica nas plantas F_2 revelou forte estruturação entre as duas variedades e apresentando evidente segregação dos marcadores na F_2 , permitindo quantificar as proporções de genoma Anão/Gigante.

MV 42

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS DE *Physalis* spp. COLETADOS NO BRASIL

Da Silva P.R.¹, R. Favero¹, F.N. Negrão¹, F.L. Zchonski¹, L. Pilati¹, G.G.Weber¹. ¹Universidade Estadual do Centro-Oeste, Brasil.

prsilva@unicentro.br

O fisális (produzido por algumas espécies do gênero *Physalis*) é um fruto nobre com alto valor agregado no mercado. No Brasil o quilograma da fruta é comercializado por 25 dólares americanos. Este alto valor é devido os frutos comercializados serem importados, principalmente da Colômbia. Diante deste cenário, o investimento no melhoramento se faz necessário para o desenvolvimento de cultivares adaptadas as condições edafoclimáticas do Brasil. A determinação da relação genética entre os acessos disponíveis é um passo importante no planejamento de cruzamentos. Neste sentido, o objetivo deste estudo foi a caracterização molecular de 34 acessos de *Physalis* spp. coletados no Brasil. Os 34 acessos foram avaliados utilizando 10 *primers* ISSR (*inter-simple sequence repeat*). O índice de diferenciação genética ($G_{ST}=0,30$) evidenciou que os acessos analisados pertencem a mais de uma espécie. O dendrograma obtido utilizando o coeficiente de Jaccard, a análise de coordenadas principais (PCoA) e a análise Bayesiana evidenciou que a diversidade genética dos acessos é melhor explicada considerando dois grupos genéticos, corroborando a possibilidade de os acessos analisados pertencerem a mais de uma espécie, como apontado pelo G_{ST} (0,30). A análise morfológica dos acessos possibilitará a identificação botânica dos acessos permitindo assim, juntamente com os dados de relação genética obtidas neste estudo, o planejamento de cruzamentos para o desenvolvimento de cultivares com bom rendimento e adaptadas as condições edafoclimáticas do Brasil.

EFECTO DE PORTAINJERTOS INTERESPECÍFICOS SOBRE DOS VARIEDADES DE VID EN EL SUDESTE BONAERENSE DE ARGENTINA

Polifroni D.¹, B. Altamirano¹, O.N. Marcellán¹, C. Godoy¹, A. Irigoyen^{1,2}.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, UNMdP, Argentina; ²Comisión Investigaciones Científicas de la provincia de Buenos Aires (CIC), Argentina.

marcellan.olga@inta.gob.ar

El sudeste bonaerense es una región agrícola de Argentina que está incorporando la vitivinicultura. Se caracteriza por su clima templado oceánico y suelos con textura fina que favorece la difusión de la filoxera, plaga devastadora de la vid europea (*Vitis vinífera*). Con el objetivo de evaluar el efecto de distintos portainjertos interespecíficos con resistencia a la filoxera y a estreses hídrico y salino se realizaron dos ensayos en viñedos de Tandil cultivados en secano. Se evaluó la variedad Sauvignon Blanc (SB) injertada sobre 101-14 (*V. riparia* x *V. rupestris*) y SO4 (*V. riparia* x *V. berlandieri*), y la variedad Syrah (Sy) injertada sobre 101-14 y P1103 (*V. berlandieri* x *V. rupestris*). En seis plantas/combinación variedad-portainjerto se determinó: área foliar total (AFT), contenido de clorofila en unidades SPAD, temperatura foliar, rendimiento por planta (RP) a partir del peso y número de bayas, porcentaje de sólidos solubles, acidez titulable (AT) y pH. Bajo las condiciones edafo-climáticas evaluadas en la temporada 2018/19, no se detectó un efecto significativo del portainjerto sobre SB (AFT: 0,72 m²; AT: 6,55%; RP: 1,06 kg) mientras que se detectó un efecto significativo del portainjerto sobre Sy, destacándose el portainjerto P1103 en las variables AT (7,8 vs. 6,7%), y AFT (3,06 vs. 0,3 m²) llegando a duplicar el rendimiento por planta (1,2 vs. 0,6 kg).

CARACTERIZACIÓN PRELIMINAR DE DOS POBLACIONES DE *Sorghastrum pellitum* (HACK.) PARODI DEL SUDESTE BONAERENSE CON POTENCIAL ORNAMENTAL

Echeverría M.M.¹, G.A. Leofanti¹, G.E. Sánchez¹, M.L. Echeverría¹.

¹Unidad Integrada Balcarce (UIB), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata - EEA INTA Balcarce, Argentina.

mecheverria@mdp.edu.ar

Sorghastrum pellitum es una Poaceae nativa con potencial como ornamental. Con el objetivo de caracterizar poblaciones en atributos que permitan la selección de genotipos para el mercado floricultor se estudiaron dos poblaciones naturales de áreas serranas del sudeste bonaerense (UIB y BAR). Se evaluaron seis genotipos/población que fueron clonados por división de mata (9 clones/genotipo), dispuestos en macetas y, en otoño, llevados a campo en Balcarce, siguiendo un diseño en bloques completos aleatorizados. Se registró la supervivencia al trasplante (como %S) y, en los dos primeros años de cultivo, fecha de inicio y fin de floración, n° de genotipos en flor y de panojas/planta (pan/pl). BAR presentó mayor %S que UIB (76,5 vs. 64,1). En los dos años, ambas poblaciones florecieron entre fin de primavera e inicio de verano, sin embargo, mientras que en el primer año floreció el 50% de los genotipos de BAR y el 100% de los de UIB, en el segundo florecieron todos los genotipos de ambas poblaciones. El promedio de pan/pl por genotipo fue: 1 en el primer año en todos los genotipos, excepto en dos de UIB con 2-3 pan/pl; y 1-6 en el segundo año en el que los mayores valores se observaron en genotipos de UIB (promedio=2,3 vs. 1,9 BAR). La variabilidad inter- e intra-poblacional detectada podría utilizarse para obtener clones de interés comercial. Dado al atractivo color y brillo de las panojas de esta especie, son interesantes los genotipos UIB con mayor número de pan/pl. Se prevé seguir evaluando éstos y otros caracteres ornamentales en más genotipos y ambientes.

MV 45

AVANCES EN LA CARACTERIZACIÓN DE UN POPLIPOIDE ARTIFICIAL DE PEPERINA DE LAS LOMAS (*Hedeoma multiflora* BENTH.)

Peralta P.A.^{1,2}, J. Guariniello³, A.S. Escandón³, H.G. Bach^{1,4}. ¹Instituto de Recursos Biológicos, CIRN, CNIA, INTA, Argentina; ²Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad de Morón, Buenos Aires, Argentina; ³Instituto de Genética, CICVyA, CNIA, INTA, Argentina; ⁴Museo de Farmacobotánica "Juan A. Domínguez" FFyB, UBA, Argentina.
peralta.patricia@inta.gov.ar

Muchas plantas utilizadas en medicina y alimentación son poliploides, que pueden presentar ventajas fisiológicas y genéticas. *Hedeoma multiflora* Benth. (Lamiaceae) n=72, es una especie aromático-medicinal nativa de Argentina, Uruguay y Brasil. Se propone desarrollar nuevo germoplasma mediante la inducción de poliploidía con colchicina como agente antimitótico. Para la obtención de ejemplares poliploides, 150 segmentos binodales (clones *in vitro* cultivados en medio MS suplementado con 2,2 µM de BAP (6-bencilaminopurina)), fueron transferidos al mismo medio, con el agregado de colchicina (0; 0,01 y 0,1% P/V). Se incubaron a 25 °C en oscuridad por 15 días (n=50/tratamiento). Luego fueron repicados a MS sin reguladores de crecimiento por otros 15 días. Se estimó el contenido de ADN de las plantas sobrevivientes mediante citómetro de flujo. Se midieron los caracteres foliares en sus clones, a partir de fotografías de epidermis obtenidas por "peeling", utilizando microscopio óptico y el software ImageJ. Se registró un 100% de mortalidad de explantos tratados con 0,1% de colchicina, mientras que con 0,01%, la supervivencia fue del 78% en los primeros estadios y sólo el 30% alcanzó la etapa de aclimatación temprana. Trece plantas de las 25 analizadas revelaron mayor contenido de ADN. Pero sólo una planta logró el tamaño adulto mostrando diferencias con el control en longitud foliar (12,38±0,53 vs. 17,82±0,53 mm), ancho foliar (4,02±0,22 vs. 8,22±0,22 mm) y en la longitud de estomas (21,32±0,31 vs. 32,32±0,31µ). Pero no se observó diferencias en el Índice Estomático.

MV 46

IDENTIFICACIÓN DE CLONES DE SAUCES POR MICROSATÉLITES ANALIZADOS POR QPCR-HIGH RESOLUTION MELTING

Nosedá P.¹, S. Lova², T. Cerrillo², G. Pacheco³. ¹Papel Prensa, Argentina; ²EAA INTA Delta del Paraná, Argentina; ³Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA Castelar, Argentina.
pabloandresnosedá@yahoo.com.ar

Para la elaboración de papel para diario y cartón corrugado se utilizan como materia prima pastas obtenidas de Sauces y Álamos. El agregado de determinados clones con buenas aptitudes papeleras permite reducir los costos del papel por reducción en el agregado de pasta química de fibra larga. Para ello, en estudios anteriores se seleccionaron marcadores microsatélites 7 utilizando la técnica de PCR-PAGE. Debido a la necesidad de identificar los clones en el día se decidió realizar un cambio de tecnología por una más moderna, rápida y de bajo costo como es el *High Resolution Melting* para estudiar los microsatélites. Las hipótesis de trabajo se basaron en que los amplicones de los clones varían en tamaño, e inclusive quizás también en secuencia afectando así su Temperatura de *melting* (Tm) y por tanto pueden/podrían ser resueltas por qPCR-HRM. Se estudiaron 3 marcadores: SB24, PMGC2217 y PMGC2020 para 12 clones de sauce. La técnica contó con una extracción de ADN a partir de hoja, cuantificación por Nanodrop, realización de qPCR y posterior análisis de HRM. Los 3 marcadores permitieron discriminar entre individuos o grupos con resultados reproducibles. Se pudieron diferenciar entre: Americano, 131-25, 131-27, 13-44, Agronales, SN4, Ibicuy, Los Arroyos, Yaguareté, Carapachay y grupo Géminis y Lezama (no se pudo diferenciar entre ellos). Los estudios fueron validados analizando muestras ciegas con un 100% de tasa de éxito partiendo tanto de hojas como de troncos.

PRIMER ALGODÓN BIOTECNOLÓGICO ARGENTINO (*Gossypium hirsutum* L.): AVANCES EN LA LUCHA CONTRA EL PICUDO DEL ALGODONERO (*Anthonomus grandis*)

Turica M.¹, L. Maskin¹, P. Nakaya¹, A. González², D.M. Lewi¹. ¹Instituto de Genética INTA Castelar, Argentina; ²EEA Sáenz Peña, CR Chaco-Formosa, INTA, Argentina.
lewi.daliamarcela@inta.gob.ar

En Argentina, el picudo del algodón es la plaga más destructiva de este cultivo, debido a su capacidad biológica de reproducción, dispersión y colonización, lo que dificulta su control por los métodos tradicionales. En el Convenio de Vinculación Tecnológica entre el INTA y las provincias algodonerías (Chaco, Formosa, Santa Fe y Santiago del Estero) se abordan diversas alternativas tecnológicas; una de ellas es el desarrollo de variedades biotecnológicas resistentes al picudo mediante la estrategia de ARNi. Se trataron secciones de hipocótilos (variedad Coker 312) según Rathore con *A. tumefaciens* cepa GV3101 portando el plásmido PK7 conteniendo las secuencias del gen de alfa amilasa de picudo en sentido y anti-sentido y el casete de resistencia a kanamicina, ambos con promotores constitutivos. Mediante embriogénesis somática se obtuvieron embriones con una eficiencia de 7,5% y plántulas con una eficiencia de 0,06%. Se corroboró la presencia de los transgenes mediante PCR con oligos específicos. Se han podido ajustar las condiciones de cultivo *in vitro* y transformación de algodón. La obtención de eventos transgénicos de algodón locales es un hito en nuestro país, ya que es el primer reporte de la obtención de plantas transgénicas de algodón desarrolladas en la Argentina. La obtención de estas primeras plantas biotecnológicas nacionales de algodón con tecnología de ARN de interferencia para combatir el picudo del algodón nos encamina en la lucha contra la plaga y nos ubica como instituto de referencia en la transformación genética de este cultivo.

TRANSFORMACIÓN GENÉTICA DE ALGODÓN MEDIANTE LA VÍA DEL TUBO POLÍNICO Y SELECCIÓN DE TRANSFORMANTES

González A.¹, L. Maskin², M.D. Turica², P. Nakaya², F. Guardel¹, R. Solís¹, L. Klein¹, M. Spoljaric¹, D. Lewi². ¹EEA Sáenz Peña, CR Chaco-Formosa, INTA, Argentina; ²Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Argentina.
gonzalez.ariela@inta.gob.ar

La producción de algodón (*Gossypium hirsutum* L.) en Argentina ha sido un motor dinamizador del sector primario, industrial y de servicios relacionados. Al igual que lo ocurrido para otras especies cultivadas, los procesos de domesticación y selección artificial provocaron un estrechamiento en la base genética de *G. hirsutum*. La transgénesis permitió ampliar la diversidad genética por medio de la expresión estable de genes foráneos provenientes de fuentes muy diversas, pero las técnicas involucradas necesitan contar con un sistema eficiente de regeneración de los tejidos transformados lo cual es genotipo-dependiente e involucra largos períodos de cultivo *in vitro*. Bajo el Convenio de Vinculación Tecnológica entre INTA y las provincias algodonerías, se implementó un método de transformación alternativo mediado por la vía del tubo polínico como una aproximación para evitar estas limitantes. Como consecuencia de su aplicación, surgió un nuevo desafío de encontrar las transformantes dentro de un gran número de semillas cosechadas. Para sortear este inconveniente, se desarrolló un método de selección que utiliza el antibiótico kanamicina para discriminar las plántulas que poseen la resistencia (transgénicas para el gen *nptII*). El método involucra la aplicación de una solución del antibiótico sobre el ápice de plántulas que crecen bajo las condiciones controladas en cámara de cultivo, evidenciando síntomas de clorosis en las primeras hojas verdaderas de materiales convencionales. Con esta metodología se redujo enormemente el material que pasará a la etapa de confirmación molecular.

MV 49

INTEGRACIÓN DE HERRAMIENTAS GENÉTICAS Y ECOLÓGICAS PARA EL MANEJO DEL PICUDO DEL ALGODONERO (*Anthonomus grandis* BOHEMAN)

Lewi D.¹, D. Segura¹, I. Bonasic Kresic², M. Tchach², A. Nussenbaum¹, R. Salvador³, L. Maskin¹, M. Turica¹, A. González², S. Marita², J. Posadas³, F. Mariela², M. Spoljaric², L. Klein², E. Hopp⁴, E. Paulucci⁵, G. Linzer⁵, F. Belforti⁵, P. Nakaya¹, F. Guarde², J. Niz³, R. Solis², A. Barros², A. Pedarrós³, G. Medda¹, V. Schek¹, J.M. Delssin⁶, M. Paytas⁷, L. Erazzú⁸, A. Valeiro⁸, R. Lecuona³, M. Mondino⁹, J.R. Tarrago¹⁰, J. Rafart¹⁰, J.M. Navall⁹, M. Cracogna⁷, A. Cerioni⁵, M.G. Pacheco¹, F. Wyss², D. Piedra⁶, J.C. Salerno¹. ¹Instituto de Genética, CICVyA, INTA; ²EEA Sáenz Peña, CR Chaco-Formosa, INTA; ³IMYZA, CICVyA, INTA; ⁴Instituto de Biotecnología, CICVyA, INTA; ⁵Vinculación Tecnológica, INTA; ⁶CR Chaco Formosa, INTA; ⁷EEA Reconquista, CR Santa Fe, INTA; ⁸CR Tucumán- Santiago del Estero, INTA; ⁹EEA Santiago del Estero, CR Tucumán-Santiago del Estero, INTA; ¹⁰EEA Las Breñas, CR Chaco-Formosa, INTA. Argentina. lewi.dalliamarcela@inta.gob.ar

El picudo es la plaga más importante del algodón en Argentina, Brasil, Colombia y Paraguay. La aplicación intensiva de insecticidas no es totalmente efectiva, porque el picudo está protegido dentro de la flor y reduce la efectividad del agroquímico. En el marco del Convenio INTA-Provincias se están desarrollando diferentes abordajes para el control de la plaga, considerando la aplicación de diferentes técnicas tales como *push-pull* utilizando conjuntamente atrayentes y repelentes, formulación de micoinsecticidas, silenciamiento génico mediante ARN de interferencia, transgénesis y mejoramiento genético de variedades con tolerancia a la plaga. Sus principales resultados son: avances en el estudio de compuestos disuasivos depositados por las hembras luego de la oviposición, para aportar un complemento a las trampas de feromona actuales; se clonaron fragmentos génicos de *A. grandis* en Virus que Inducen Silenciamiento Génico (VIGS) y pudo confirmarse la correcta síntesis de ARNi específico en plántulas de algodón y que es posible inducir un descenso en la expresión de los genes blanco; se ajustó el sistema de transformación y se obtuvieron plantas transgénicas con las secuencias para producir ARNi; se seleccionó un aislamiento del hongo *Beauveria bassiana* que presentó una mortalidad superior al 90% en adultos, se realizó una formulación líquida y se la ensayó indicando que podría ser un bioinsumo para el control; se seleccionó una línea genética (SP 283) con brácteas modificadas (frego) que genera tolerancia al picudo que combina con alta productividad y calidad de fibra.

MV 50

IDENTIFICACIÓN DE GENOTIPOS CONTRASTANTES PARA CARACTERÍSTICAS DE IMPORTANCIA AGRONÓMICA EN ALGODÓN (*Gossypium hirsutum*)

Dileo P.¹, G. Scarpin¹, H. Winkler², I. Fernandes³, R. Senna³, F. Lorenzini⁴, G. Rodríguez⁵, M. Paytas¹. ¹INTA, EEA Reconquista, Argentina; ²INTA-CONICET, Reconquista, Argentina; ³FCA Unoeste, Presidente Prudente, São Paulo, Brasil; ⁴FBCB, UNL; ⁵IICAR-CONICET-UNR, Zavalla, Argentina. dileo.pablo@inta.gob.ar

La elección de genotipos progenitores a incluir en el panel de cruzamientos es fundamental en cualquier programa de mejora. Genotipos discrepantes permiten ampliar la variabilidad genética de los caracteres de interés para su posterior selección por técnicas convencionales o de biología molecular. El objetivo del trabajo fue evaluar rasgos de importancia agronómica en genotipos de algodón para identificar aquellos contrastantes y utilizarlos en la construcción de poblaciones segregantes. El experimento fue conducido en macetas bajo condiciones semi-controladas en un diseño en BCA con 9 repeticiones. Se utilizaron 8 genotipos coleccionados por el banco de germoplasma de INTA. Se evaluó rendimiento de fibra al desmote (RFD), índice de semilla (IS), índice de fibra (IF), semilla por cápsula (SC), peso de cápsula (PC), y parámetros de calidad tecnológica de fibra como: micronaire (Mic), longitud (Long), resistencia (Res) e índice de uniformidad (IU). Hubo diferencia significativa en casi todos los rasgos evaluados, excepto en SC. La línea avanzada SP41255 presentó el mayor valor promedio de RFD (46,85%) mientras que BGSP-00166 (31,17%) presentó el menor valor. RFD mostró correlación negativa y significativa con las variables: Res (-0,60***), Long (-0,37*). Asimismo, correlacionó negativamente con IS (-0,75***), PC (-0,42***) y positivamente con IF (0,47***). Se concluye que hay diferencias significativas entre los genotipos evaluados y correlación tanto positivas como negativas entre las variables. Los mismos podrán ser utilizados para la construcción de poblaciones de mapeo.

EFFECTO DEL ETIL METANOSULFONATO SOBRE LA CAPACIDAD EMBRIOGÉNICA Y LA REGENERACIÓN *IN VITRO* EN CAÑA DE AZÚCAR

Di Pauli V.¹, P.D. Fontana¹, D.M. Lewi², L.E. Erazzú¹. ¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria Famaillá, Tucumán, Argentina; ²Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Instituto de Genética "Ewald A. Favret" (IGEAF), Buenos Aires, Argentina. dipauli.valentina@inta.gob.ar

El mejoramiento genético de caña azúcar se enfrenta a su complejo genoma, la estrecha base genética, y la fertilidad deficiente que dificultan la obtención de genotipos superiores. La mutagénesis es una herramienta alternativa para generar variabilidad en el germoplasma existente. Asimismo, la embriogénesis somática es una excelente vía para la inducción química de mutaciones, disminuyendo la aparición de quimeras entre las plantas regeneradas. En caña de azúcar, la sensibilidad de los callos embriogénicos a mutágenos, así como su capacidad de regeneración varía según el genotipo. Por lo tanto, un paso esencial es la optimización de la dosis de mutágeno apropiada según el genotipo a mejorar. En este estudio, se expusieron callos embriogénicos del genotipo INTA CP 98-828, previamente caracterizado en su respuesta al cultivo *in vitro*, a diferentes dosis (0, 8, 16, 32 y 48 mM) de etil metanosulfonato (EMS) durante 3 hs para inducir variación genética. Los resultados mostraron diferencias significativas en la capacidad de recuperación, la sensibilidad de los callos al mutágeno y la capacidad de regeneración entre las dosis de EMS evaluadas ($p < 0,05$). Las concentraciones de EMS ≤ 32 mM fueron óptimas para regenerar un número suficiente de plantas normales (103-204 plantas/placa de Petri) en el cv. INTA CP 98-828, siendo la DL50 45,6 mM para la recuperación de los callos y 29,4 mM para la regeneración. Nuestros resultados presentan la posibilidad de aprovechar este enfoque para introducir nuevas variantes genéticas en el programa de mejoramiento genético de caña de azúcar de INTA.

ANÁLISIS DE ENSAYOS AGRÍCOLAS MULTIAMBIENTALES CON BASES DE DATOS COMPLETAS E INCOMPLETAS

Ibañez M.A.¹, F.M. Aguade², M.A. Di Renzo¹, M.G. Balzarini². ¹Mejoramiento Genético, Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Argentina; ²CONICET, Estadística y Biometría, Facultad Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. mibanez@ayv.unrc.edu.ar

Los ensayos multiambientales (EM) de maíz permiten evaluar híbridos a través de localidades y años. Las bases de datos multianuales de EM usualmente son incompletas dado que no todos los híbridos son evaluados en todas las localidades y años. Bajo el mecanismo de datos faltantes que impone la dinámica del mercado de semilla, las estimaciones de varianzas y parámetros genéticos estimados en el marco teórico de los modelos lineales mixtos (MLM) son sesgadas. En este trabajo se evalúa el desempeño de los MLM en la estimación de las componentes de varianza, desde bases multianuales completas y progresivamente incompletas para determinar la robustez de las estimaciones frente al porcentaje de datos faltantes. También se cuantifica el impacto de los datos faltantes sobre medidas de estabilidad genotípica y sobre predictores del mérito genético de cada material. Los resultados muestran que aún con un 20% de datos faltantes, las relaciones entre las componentes de varianza genotípica y de interacción genotipo-ambiente son conservadas, y que con más de 30% de datos faltantes, la varianza genotípica es subestimada. Las medidas de estabilidad derivadas del MLM, permiten mejorar el ranking de los genotipos con datos faltantes y con datos completos no existen diferencias de ordenamientos con la clásica varianza de Shukla para el estudio de interacción genotipo-ambiente. El análisis de ensayos multianuales de híbridos de maíz mediante MLM es beneficioso para la estimación de componentes de varianza y para el análisis del desempeño de los híbridos tanto en sentido amplio como específico.