

MV

**MEJORAMIENTO
VEGETAL**

PLANT BREEDING

MV 1

VARIABILIDAD PARA LA TOLERANCIA A SALES DE CLORURO DE SODIO Y DE CALCIO DE *Camelina sativa* (L.) Crantz

Spolidori F.A.¹, L.R. Petigrosso^{1,2}, V. Crovo¹, G. Eyherabide¹, D. Girotti³, J. Lúquez², M.M. Echeverría¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; ²Facultad de Ingeniería y Ciencias Agrarias, Pontificia Universidad Católica Argentina, Buenos Aires, Argentina; ³Global Clean Renewable, Buenos Aires, Argentina. agustinspolidori01@gmail.com

Camelina, *Camelina sativa* (L.) Crantz, es una especie de la familia Brassicaceae utilizada como cultivo intermediario que podría cobrar importancia en Argentina como producto sustentable. Debido al incremento de superficie de suelos salinos, se realizó un experimento para evaluar su tolerancia a la salinidad y determinar la variabilidad para el carácter en semillas de cinco variedades (1-5) experimentales utilizando sales de NaCl y CaCl₂ en cuatro condiciones: 0 (control), 100 mM NaCl+0 mM CaCl₂, 100mM NaCl+100 mM CaCl₂ y 100 mM NaCl+160 mM CaCl₂. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con tres repeticiones en el tiempo (tandas), con arreglo factorial. En cada tanda, se sembraron 40 semillas/variedad en rollos de papel humedecidos con agua desmineralizada o sal. Se registró energía (4 días) y poder germinativo, longitud de radícula (LR) e hipocótilo (LH) y peso fresco de plántulas (10 días). Todas las variables se redujeron con el incremento de la salinidad, siendo significativa la interacción para LR y LH ($p < 0,05$). Para LR, la variedad 5 registró los menores valores en 100 mM NaCl+0 mM CaCl₂; sin embargo, en 100 mM NaCl+100 mM CaCl₂, ocurrió lo contrario; en 100 mM NaCl+160 mM CaCl₂ no hubo diferencias entre variedades. Para LH, en 100 mM NaCl+0 mM CaCl₂ no hubo diferencias entre variedades, en 100 mM NaCl+100 mM CaCl₂ en las variedades 1 y 3 se registraron los mayores valores y en 100 mM NaCl+160 mM CaCl₂ la variedad 2 fue la más afectada. Estos resultados sugieren que el Ca⁺² no eliminaría la toxicidad del Na⁺¹, sino que la aumentaría en la germinación. *Camelina* presenta variabilidad en la tolerancia a sales de NaCl y CaCl₂, lo que permitiría seleccionar genotipos tolerantes para ambientes salinos.

MV 2

TOLERANCIA A SALINIDAD DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS

Grossi Vanacore M.F.¹, L.E. Aguirre^{1,2}, M.J. Ganum Gorri^{1,2}, F. Lizarraga¹, H.E. Di Santo^{1,2}, E.A. Castillo^{1,2}, M.E. Rovere^{1,2}, E.M. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC - CONICET, Córdoba, Argentina. mgrossi@exa.unrc.edu.ar

El estrés por salinidad impacta en la productividad de forrajeras. El objetivo fue caracterizar líneas F₂ de tricepiro obtenidas en la Universidad Nacional de Río Cuarto para tolerancia a salinidad durante la etapa vegetativa. Siete líneas selectas previamente por tolerancia a salinidad durante germinación y dos testigos (Yavú-UNRC y 53xH/6-UNRC) se sembraron en macetas, fueron mantenidas en jaula fitotécnica y se regaron con soluciones salinas de 0 (No salino) y 8 (Salino) dS.m⁻¹. Se midió la tasa de aparición de hojas totales (AHT) y verdaderas (AHV), tasa de expansión del área foliar (TEF), tasa de elongación de pseudotallo (TEP), biomasa acumulada a lo largo de cuatro cortes (BA), biomasa seca final (BS) y altura de planta (AP). Los datos fueron analizados mediante ANOVA y prueba de diferencia de medias DGC. Dentro del tratamiento no salino, no se encontraron diferencias entre líneas. Sin embargo, en el tratamiento salino, se destacaron las líneas C88 y Ñ88 por presentar mayor AP y BS que las demás líneas. C88 además fue superior en BA. Se analizó el impacto de la salinidad en las variables medidas para cada línea. Bajo riego Salino en comparación con No Salino, C88 presentó un aumento de 225% en la TEF. GHA528, GHA88, Ñ88, Q88 y T88 no presentaron diferencias entre tratamientos, mientras que, bajo condición salina, G130 redujo un 58% la TEP y Yavú-UNRC, un 60% la BA. Se observó variación en la tolerancia a salinidad en líneas de tricepiro, que posibilitaría el mejoramiento destinado a incorporar el cultivo en ambientes con suelos halomórficos.

MV 3

RESISTENCIA Y TOLERANCIA A ROYA DE LA HOJA (*Puccinia coronata* f. sp. *avenae*) EN GENOTIPOS DE AVENA

Martínez S.¹, A.C. Castro¹, J.I. Dietz^{1,2,3}, F.K. Galarza¹, L.V. Da Silva^{1,2,3}, H.M. Pardi¹, G.M. Rivas¹, G. Mulé¹, S. Panarace¹, M.R. Simon^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina; ²Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; ³Estación Experimental Agropecuaria Bordenave, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Buenos Aires, Argentina. seba.martinez58@gmail.com

La roya de la hoja es la principal enfermedad de la avena en Argentina. La resistencia genética en plántula ha sido quebrada en muchos cultivares, pero algunos presentan resistencia en planta adulta. Este trabajo tuvo como objetivo identificar genotipos de avena con resistencia y/o tolerancia a la roya de la hoja, entendida como una menor pérdida de rendimiento ante igual reducción de la duración del área foliar verde (DAFV) bajo infección natural. Se condujo un ensayo en la Estación Experimental Julio Hirschhorn (La Plata, Buenos Aires, Argentina), con un diseño de parcelas divididas, con tres repeticiones. La parcela principal correspondió al nivel de enfermedad, impuesto por dosis de un fungicida de triple mezcla (triazol, estrobilurina y carboxamida): bajo (dosis completa), medio (media dosis) y alto (sin fungicida). La subparcela incluyó 12 genotipos argentinos de avena. Se evaluó la severidad, el área foliar y el número de macollos/m² en tres estadios fenológicos. Se calculó el área bajo la curva de progreso de la enfermedad (ABCPE), el índice de área foliar verde (IAFV), la DAFV y el rendimiento (kg/ha). Las medias en ABCPE y DAFV se compararon mediante LSD de Fisher ($p < 0,05$). La tolerancia se estimó por regresión lineal del rendimiento frente a ABCPE y DAFV. Los genotipos más resistentes fueron Liliana INTA, Elena INTA, Los Hornos FA y La Plata FA, con diferencias significativas en ABCPE y en la DAFV. Se identificaron los genotipos Liliana INTA, La Plata FA y Los Hornos FA como tolerantes. Los resultados permitieron detectar genotipos con resistencia y/o tolerancia a la enfermedad en planta adulta, lo que resulta valioso para programas de mejoramiento.

MV 4

GENERACIÓN Y CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE HÍBRIDOS INTRA E INTERESPECÍFICOS DE *Stylosanthes* Y SU RELACIÓN CON LA DIVERGENCIA GENÉTICA PARENTAL

Cubilla M.D.C.¹, A.P. Peña Aloy², F. Marain², C.A. Acuña^{1,2}, E.A. Brugnoli^{1,2}. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE) - CONICET, Corrientes, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina. mariacubilla20@gmail.com

Stylosanthes es una forrajera tropical adaptada a suelos poco fértiles, ácidos y con alto contenido de aluminio. Incorporar variabilidad genética mediante hibridación es clave para el mejoramiento. Este trabajo propuso generar híbridos intra e interespecíficos de *Stylosanthes*, caracterizar morfológicamente a progenitores y progenie, y relacionar la divergencia genética parental y la expresión fenotípica de los híbridos. Se utilizaron líneas avanzadas, cultivares y ecotipos nativos de *S. guianensis* Aubl., junto con *S. hippocampoides* Mohlenbr., *S. montevidensis* Vogel. y especies del cv. Campo Grande (*S. capitata* Vogel. y *S. macrocephala* M.B. Ferreira & Sousa Costa). Los cruzamientos se realizaron mediante emasculación previa a la antesis y polinización manual. Se evaluaron ocho descriptores morfológicos para leguminosas forrajeras. La variabilidad fenotípica y la divergencia genética se analizaron mediante PCA y distancia euclídea, respectivamente. Se obtuvieron cinco híbridos intraespecíficos y cuatro interespecíficos, con amplia variabilidad, agrupándose por porte, largo de entrenudo, altura, diámetro de la planta y tamaño del foliolo. El PCA evidenció alta diversidad entre progenitores. El cv. Campo Grande mostró mayor porte; *S. montevidensis*, mayor longitud del foliolo y entrenudo; y los cultivares y líneas de *S. guianensis* y *S. hippocampoides*, mayor frondosidad (mayor densidad de hojas). La divergencia genética se correlacionó positivamente con la longitud del entrenudo y negativamente con altura y diámetro. La obtención de híbridos reflejó variabilidad entre progenitores, a mayor divergencia genética se observó mayor variación fenotípica de la progenie, indicando potencial para heterosis.

MV 5

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS OBTENIDOS POR CRUZAMIENTOS ENTRE DOS ESPECIES TETRAPLOIDES DEL GRUPO Plicatula (*Paspalum* L.)

Villalba A.I.¹, P.E. Novo¹, J.P. Ortiz², F. Espinoza¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET – Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ²Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario, CONICET – Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. augusto.i.v@hotmail.com

El grupo Plicatula reúne 30 especies con citotipos tetraploides apomícticos (4x Δ) y diploides sexuales (2x Δ), sin la presencia de 4x sexuales (4x Δ) en la naturaleza. Mediante duplicación cromosómica de 2x Δ , se obtuvo una planta 4x Δ . El objetivo fue realizar cruzamientos interespecíficos entre una planta 4x Δ × 4x Δ y fenotipificar la F₁. Se sincronizó la floración de *Paspalum plicatum* Michx. 4x Δ de origen experimental (parental femenino) con el cultivar Chané FCA de *P. guenoarum* Arechav. 4x Δ de floración tardía, regulando el fotoperiodo del parental femenino. Se obtuvo una población de 40 individuos. El análisis estadístico de seis caracteres fenotípicos se realizó con test de Tukey y análisis de componentes principales (CP). Se observaron diferencias significativas ($p < 0,05$) entre la F₁ y los parentales (principalmente con la madre), y la mayor variabilidad se dio en la longitud y ancho de hoja, indicando que la F₁ es producto de hibridación. Los dos primeros CP explicaron el 77,2% de la variabilidad, con mayor aporte (49,6%) de longitud y ancho de hoja, y longitud del racimo apical y basal. Por citometría de flujo se determinó el modo reproductivo a partir de la relación del contenido de ADN embrión/endospermo en cariopses de 34 híbridos; 21 fueron sexuales y 13 apomícticos. La producción de semillas de la F₁ en autopolinización fue de 0,1 a 6,7%, y en polinización libre fue de 6,8 a 28,3%, lo que sugiere cierto grado de autoincompatibilidad. Se concluye que es posible obtener híbridos interespecíficos fértiles, morfológicamente diferenciables, facilitando la movilización de genes fijados en genotipos apomícticos.

MV 6

VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE UNA POBLACIÓN F₂ DE TOMATE CHERRY

Brandi M.N.¹, C.J. Mójica^{1,2}, F.H. Moitre¹, N.C. Bonamico^{1,2}, M. Ruiz^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, CONICET – UNRC, Córdoba, Argentina. mruiz@ayv.unrc.edu.ar

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es una especie autógena, cultivada a nivel mundial. La producción de tomate se emplea para consumo directo o para industria. La variabilidad genética es necesaria para iniciar un programa de mejoramiento. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la variabilidad en una población F₂ de tomate cherry, proveniente de un cruzamiento biparental de genotipos con características agronómicas contrastantes. Durante el ciclo 2023-24, en el invernáculo del CAMDOCEX de la UNRC (Córdoba, Argentina), se sembraron 35 individuos F₂ provenientes de un cruzamiento biparental de tomate cherry. En cada individuo se midieron once caracteres útiles en la descripción de nuevas variedades. Con los caracteres cuantitativos, se realizó un análisis de conglomerados para agrupar los individuos. A su vez, se realizó un análisis de componentes principales (ACP) para observar la relación entre individuos, caracteres e individuos y caracteres. El análisis de conglomerados permitió identificar cinco grupos. Tres de ellos formados por un individuo, uno por nueve y el restante por 23. El ACP identificó una correlación positiva entre números de frutos y peso de frutos, una correlación negativa entre longitud de fruto, número y peso de frutos y no existió correlación entre longitud de pedúnculo y las variables mencionadas. Además, existió una correlación positiva entre un individuo y el carácter peso de frutos. La población F₂ de tomate cherry presenta variabilidad en los caracteres medidos, que deben ser validados en ensayos adicionales, para iniciar un programa de mejoramiento genético.

MV 7

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS REPRODUCTIVOS Y SEGREGACIÓN EN LA HIBRIDACIÓN INTERESPECÍFICA ENTRE *Paspalum chaseanum* Parodi × *P. plicatulum* var. *intumescens* Döll.

Pauli, F. A.¹, F. Espinoza¹, A.I. Villalba¹, P.E. Novo¹. ¹Instituto de Botánica del Nordeste, Universidad Nacional del Nordeste – CONICET, Corrientes, Argentina. patriciaenovo@gmail.com

El género *Paspalum* incluye 311 especies distribuidas en grupos taxonómicos. El grupo *Plicatula* agrupa 30 especies, integrantes de las pasturas naturales sudamericanas. Incluye citotipos diploides sexuales 2xS y tetraploides apomícticos 4xA. La apomixis limita la recombinación genética mediante hibridación, por lo que se obtuvo experimentalmente una planta 4x sexual de *P. chaseanum* 4xS, clave para su uso como madre en cruzamientos interespecíficos. Esto permitiría generar híbridos fértiles con segregación en su modo reproductivo, útiles en programas de mejoramiento genético. Los objetivos fueron: realizar cruzamientos entre *P. chaseanum* 4xS × *P. intumescens* Q4087 4xA, determinar el origen híbrido, modo reproductivo y fertilidad de la F₁. Se obtuvieron 31 individuos F₁ y se caracterizó morfológicamente una muestra de 10 individuos, analizándose estadísticamente mediante el programa InfoStat. Las F₁ difirieron de la madre por características que a veces tenían valores intermedios entre ambos padres y otras veces se asemejaban al padre, indicando que eran productos de hibridación. Además, mostraron espiguillas con lemma estéril endurecida, marrón oscuro brillante; característica típica del padre y ausente en la madre. El modo reproductivo fue determinado por clarificado de ovarios, confirmando que *P. intumescens* es apomíctico, y en la progenie se observaron individuos de reproducción sexual y apomíctica. La fertilidad en los híbridos fue variable, 0%-13% en autopolinización y 0,4%-29% en polinización libre. La presencia de segregación en el modo reproductivo permite la liberación de alelos previamente fijados por la apomixis, facilitando nuevas combinaciones genotípicas útiles para programas de mejora genética dentro del grupo.

MV 8

EVALUACIÓN FENOTÍPICA DE LA RESPUESTA A MILDIU EN LÍNEAS PURAS DE GIRASOL PARA LA BÚSQUEDA DE NUEVAS FUENTES DE RESISTENCIA

Daddario J.F.F.^{1,2}, M.L. Díaz^{1,3}, A.F. Garayalde⁴, I.A. Erreguerena⁵, N. Heinz⁵, A. Mazzalay⁵, D. Alvarez⁵, A.D. Carrera^{1,2}. ¹Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona Semiárida, Universidad Nacional del Sur (UNS) – CONICET, Buenos Aires, Argentina; ²Departamento de Agronomía, UNS, Buenos Aires, Argentina; ³Departamento de Biología, Bioquímica y Farmacia, UNS, Buenos Aires, Argentina; ⁴Departamento de Matemática, UNS, Buenos Aires, Argentina; ⁵Estación Experimental Agropecuaria Manfredi, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Córdoba, Argentina. acarrera@criba.edu.ar

El mildiu, causado por *Plasmopara halstedii*, puede disminuir considerablemente el rendimiento del girasol. Se caracterizó la respuesta de 129 líneas de girasol, pertenecientes a la Población de Mapeo del Programa de Mejoramiento del INTA Manfredi, frente a la inoculación con la raza 710 de *P. halstedii*. Diez días después de la inoculación de plántulas (n=8), se evaluó la esporulación en la parte aérea y se calculó: índice Lebeda (%IL), índice Lebeda ampliado (%ILA), que incluye plántulas muertas, y densidad de esporangios (DE). Se obtuvieron promedios y coeficientes de correlación de Spearman entre índices ($p < 0,01$). Los valores de IL e ILA fueron nulos en ocho líneas, bajos en doce (1–30 %), e intermedio-altos en las restantes (31–100 %). La DE varió de 0 a 277.203 esporangios/cm², con promedio de 81.798. Las variables se correlacionaron significativamente, siendo alta entre IL e ILA ($r=0,93$), y moderada entre DE e ILA ($r=0,70$) y DE e IL ($r=0,79$). La muerte de plántulas eleva el IL al no considerarlas y no contribuyen a la DE al no presentar esporulación, afectando diferencialmente a las variables. Los índices reflejarían distintos mecanismos de resistencia: capacidad de limitar el avance del patógeno y supervivencia. Entre las líneas sin esporulación algunas son portadoras de genes *Pl* de resistencia, mientras que en otros casos el origen es desconocido. Genotipos con bajo nivel de enfermedad podrían portar determinantes cuantitativos. Estos resultados permiten ampliar la caracterización del germoplasma del INTA y serán utilizados en estudios de mapeo por asociación para identificar genes de resistencia al mildiu.

MV 9

ANÁLISIS DE VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y GENÉTICA EN GENOTIPOS DE HABA (*Vicia faba* L.) BAJO CONDICIONES EXPERIMENTALES EN JUJUY

Paredes, C.M.; M.J. López Mamani¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Jujuy, Jujuy, Argentina. claudiaparedes@fca.unju.edu.ar

Buscando ampliar áreas productivas para *Vicia faba* L. (haba) y dada su relevancia cultural en la provincia de Jujuy, se estableció el objetivo de evaluar el desempeño de cinco genotipos de quebrada en valles templados. Se sembró durante junio de 2024, los materiales: *Morado*, *Verde*, *Negro*, ecotipo *Puna* y *selección INTA*, en el campo experimental de la FCA-UNJU, (24°21'08'S, 65°11'31'W) en un DCA, con tres repeticiones, para estimar parámetros estadísticos y genéticos. Se evaluó: altura de planta, número de hojas, número de flores, ramificación, número de vainas, número de granos/vaina, longitud de vainas, peso de granos/vaina, peso de granos/planta. El análisis de varianzas y comparación de medias (Fisher $p < 0,05$), arrojó diferencia significativa para altura de planta, número de hojas, número de flores y ramificación en los cinco cultivares. Se calcularon las variancias fenotípicas (VF), genotípica (VG) y ambiental (VE) y el grado de determinación genético (GDG) de los caracteres, observándose que las VG fueron superiores a las VE en todos los caracteres, excepto en número de vainas/planta. El GDG fue: 0,31 en altura de planta, 0,32 en número de hojas, 0,3 en número de flores, 0,28 en número de ramificaciones, 0,33 en longitud de vainas, 0,33 en número de granos/vaina, 0,16 en peso de semillas/vaina, 0,20 en número de vainas/planta, y 0,9 en peso de granos/planta. La baja heredabilidad y variabilidad limitan aplicar selección directa, por lo que se continúa evaluando los genotipos en ensayos multiambientales para identificar materiales con mejor rendimiento relativo o estabilidad, y establecer nuevas zonas productivas.

MV 10

EVALUACIÓN DE LA HOMOGENEIDAD FENOTÍPICA Y GENÉTICA DE PLANTAS DE *Turnera sidoides* L. (PASSIFLORACEAE, TURNEROIDEAE) OBTENIDAS POR CULTIVO IN VITRO

Rodríguez L.J., E.M.S. Moreno^{2,1}, N.R. Dolce^{2,3}, V.G. Solís Neffa^{2,1}, I.E. Kovalsky^{2,1}. ¹Facultad de Ciencias Exactas y Naturales y Agrimensura, Universidad Nacional del Nordeste (UNNE), Corrientes, Argentina; ²Instituto de Botánica del Nordeste, CONICET – UNNE, Corrientes, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias, UNNE, Corrientes, Argentina. evelinkovalsky@gmail.com

Turnera sidoides L. (Passifloraceae) es un complejo de hierbas rizomatozas perennes, nativo del Dominio Chaqueño, que presenta numerosas características de interés ornamental. Actualmente se está llevando a cabo un programa de mejoramiento para su cultivo en maceta. En el marco de este programa, se inició el desarrollo de sistemas *in vitro* que posibiliten la micropropagación y conservación de germoplasma de genotipos selectos de esta especie con alto potencial ornamental. Dado que factores como los reguladores del crecimiento, el medio empleado y/o la temperatura pueden afectar el éxito de la micropropagación, se evaluó la homogeneidad fenotípica y genética de las plantas micropropagadas de *T. sidoides* subsp. *pinatifida* (Juss. ex Poir.) Arbo (2x) y de *T. sidoides* subsp. *carnea* (Cambess.) Arbo (2x). Se analizaron comparativamente las características de interés ornamental (color de flores, forma de las hojas y porte de la planta), el nivel de ploidía mediante citometría de flujo y la fidelidad clonal mediante el perfil de marcadores ISSR de las plantas micropropagadas en relación a sus plantas madres. Las plantas regeneradas conservaron la morfología, el nivel de ploidía y los patrones de bandas idénticos al material original. Este es el primer trabajo que confirma la homogeneidad genética de plantas micropropagadas de *T. sidoides*, demostrando que el protocolo de micropropagación *in vitro* desarrollado para este complejo produce clones fenotípica y genéticamente estables.

MV 11

IDENTIFICACIÓN DE QTLs DE IMPORTANCIA AGRONÓMICA EN EL CULTIVO DE ALGODÓN (*Gossypium hirsutum* L.)

Dileo P.N.¹, R.J. Muchut¹, H.M. Winkler¹, G.J. Scarpín¹, A.E. Cereijo¹, F.G. Lorenzini², R.A. Roeschlin², G.R. Rodríguez^{2,3}, M.J. Paytas¹.

¹Estación Experimental Agropecuaria Reconquista, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Argentina; ² Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas, Argentina; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario (UNR), Argentina. dileo.pablo@inta.gov.ar

El algodón (*Gossypium hirsutum* L.) es un cultivo de gran relevancia para la industria textil a nivel mundial. La identificación de loci de caracteres cuantitativos (QTLs) de importancia agronómica es útil en los programas de mejora genética para desarrollar variedades adaptadas a condiciones productivas locales. El objetivo del trabajo fue identificar QTLs asociados a caracteres de rendimiento y calidad de fibra en una población F_2 (N=204) obtenida del cruzamiento entre los genotipos contrastantes BGSP-00166 y SP-41255. La población fue evaluada para 11 caracteres relacionados con rendimiento y calidad de fibra entre los que se encuentran rendimiento de fibra al desmote (RFD), longitud de fibra (UHML), índice de hilabilidad (SCI), elongación (Elg) e índice de uniformidad (IU). El ADN fue extraído por protocolos estándares y se evaluaron 87 marcadores SSR. La asociación marcador-carácter se realizó por ANOVA con el enfoque de un solo punto. De 59 SSR que pudieron amplificarse y resolverse en geles de poliacrilamida, sólo cuatro resultaron polimórficos entre los progenitores. Se detectó asociación significativa entre el marcador BNL1231 y UHML, el marcador NAU1167 con RFD, SCI e IU y el marcador NAU3017 con Elg. El mayor valor de variancia explicada (R^2) fue de 0,15 para IU. Los alelos del parental BGSP-00166 contribuyeron a mayores valores de SCI, UHML, IU y Elg; mientras que, los de SP-41255 aumentaron RFD. Estos resultados representan un avance en la identificación de loci con valor agronómico y destacan el potencial de estos marcadores para su uso en selección asistida.

MV 12

SELECCIÓN EN RILs DE TRITICALE FORRAJERO

Di Santo H.E.^{1,2}, V. Molinero¹, L. Cordera¹, M.F. Grossi Vanacore¹, E.A. Castillo^{1,2}, M.E. Rovere², L.E. Aguirre^{1,2}, E.M. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC - CONICET, Córdoba, Argentina. egrassi@ayv.unrc.edu.ar

La mejora de triticale (*X Triticosecale* Wittmack), utilizado como cereal forrajero invernal alternativo en los sistemas de producción agropecuarios, requiere la generación de variabilidad a partir de cruzamientos entre genotipos con características agronómicas destacables. Con el objetivo de obtener genotipos promisorios, a partir de 37 cruzamientos entre triticales primaverales, se generaron 743 RILs que fueron evaluadas en F_7 para tres caracteres graníferos. Se observaron amplios rangos de variación entre RILs dentro de cada cruce y la estimación del Grado de Determinación Genética (GDG) a partir de ANVA, presentó valores intermedios en los tres caracteres: peso de grano/planta (GDG=23,9), peso de 1000 semillas (GDG=42,4) y peso hectolítrico (GDG=26,9). Luego de dos ciclos de selección (intensidad de selección 40,1% en F_7 y 78,9% en F_8) se desarrolló un ensayo con 94 RILs en F_9 y tres testigos con diseño aumentado. Nueve RILs fueron eliminadas por susceptibilidad a estreses bióticos y abióticos. Las 85 RILs restantes se clasificaron por ciclo vegetativo y se analizaron mediante ANVA, prueba de diferencia de medias y *biplot* GGE del rendimiento en forraje (tres cortes y el forraje acumulado) y del rendimiento en grano (RG). Se seleccionaron 10 RILs de ciclo corto (CC), 14 de ciclo intermedio (CI) y 10 de ciclo largo (CL) que superaron la media del rendimiento en forraje en 27% en CC, 26% en CI y 21% en CL y la media del RG en 21% en CC, 15% en CI y 9% en CL. Se lograron identificar 34 RILs de comportamiento superior que se incluyeron en ensayos comparativos de rendimiento.

MV 13

HÍBRIDOS PRECOSES DE MAÍZ CON CALIDAD DIFERENCIADA

Corcuera V.R.¹. ¹Instituto de Investigación sobre Producción Agropecuaria, Ambiente y Salud (IIPAAS), Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires - Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires, Argentina. vrcorcuera@gmail.com

Disponer de híbridos de maíz que destaquen por el contenido y calidad de sus proteínas, aceite y/o almidón es un objetivo prioritario para abastecer de materia prima a la industria alimentaria. La obtención de nuevos genotipos por mejora genética tradicional, como es el caso de los incluidos en este trabajo, favorece su aceptación y posibilita su exportación con certificación no-OGM. Durante las campañas agrícolas 2023/24 y 2024/25, en el campo experimental del IIPAAS (Buenos Aires, Argentina), se evaluó la longitud en días y el tiempo térmico (método residual modificado $TT_{10/30}$) del subperiodo nacimiento-floración femenina (R1) de ocho híbridos experimentales de maíz *waxy* y de alta lisina, así como de sus progenitores. Los híbridos expresaron ciclo corto a R1 ($\alpha = 46-50$ días y $692,7-713,9$ grados-día) y por consiguiente corresponden a la clase FAO 300-400. Los resultados obtenidos permiten inferir que el ciclo a floración femenina se hereda de modo cuantitativo, siendo la dominancia o herencia transgresiva del progenitor más precoz del cruzamiento el sello que caracteriza el mecanismo de herencia. Asimismo, los datos correspondientes a híbridos recíprocos no permiten deducir que exista influencia citoplasmática en la transmisión de los caracteres evaluados. Por su nivel de precocidad estos híbridos pueden ser aptos para su cultivo en zonas de veranos cortos y otoños húmedos, así como para siembras de segunda en la Zona Pampeana Norte y Región Maicera VI.

MV 14

MEGA-AMBIENTES EN CULTIVOS DE INTERÉS AGRÍCOLA

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

En mejoramiento vegetal es fundamental seleccionar genotipos superiores. Para ello, se debe investigar las componentes genotípicas, ambientales y de la interacción genotipo×ambiente a partir de ensayos multi-ambientales. Para eficientizar el uso de recursos, una estrategia es definir mega-ambientes (ME) de evaluación. El objetivo del presente trabajo fue realizar una búsqueda bibliográfica de trabajos científicos que definan mega-ambientes de evaluación, así como explorar las metodologías empleadas. La búsqueda bibliográfica se realizó en tres bases de datos electrónicas biológicas y agrícolas, desde 1995 hasta la actualidad. Las bases de datos utilizadas fueron: “Megaenvironments” OR “Mega-environments” AND “Genotype by Environment”. En las tres bases de datos se identificaron 59 artículos que informaron mega-ambientes (ME) para 17 cultivos de interés agrícola. El 34% correspondieron a maíz y trigo. El número de genotipos evaluados varió entre cuatro y 211, y el número de años entre uno y 30. Los ambientes de evaluación oscilaron entre cuatro y 750. El 80% de los trabajos utilizó la metodología GGE *biplot* para la identificación de ME, mientras que una minoría utilizó una estrategia que considera variables climáticas y de suelo. Si bien se informaron entre uno y seis mega-ambientes, la mayoría de los artículos identificó dos (43% de los artículos) y tres (32% de los artículos). En conclusión, la búsqueda bibliográfica es una herramienta adecuada para identificar metodologías que definen mega-ambientes en cultivos de interés agrícola, siendo GGE *biplot* el método más utilizado en las últimas tres décadas.

MV 15

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE ACCESIONES DE TRIGO ANCESTRAL DE GRANO VESTIDO PARA INCORPORAR EN UN PLAN DE MEJORA

Suárez N.¹, G. Ferraro¹, M.S. Ureta^{1,2}, A. Presotto^{1,2}, C. Pandolfo¹.

¹Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina; ²CERZOS-CONICET, Bahía Blanca, Buenos Aires, Argentina. na.suarez@hotmail.com

Los recursos genéticos son fundamentales para la mejora de los cultivos. El trigo, uno de los cereales más importantes del mundo, ha sufrido erosión genética. Sus especies ancestrales de grano vestido pueden aportar ventajas adaptativas, mejoras en sanidad y calidad. El objetivo de este trabajo fue caracterizar fenotípicamente accesiones de einkorn (*Triticum monococcum* L.), emmer (*T. turgidum* L. ssp. *dicoccon* (Schrank) Thell.) y espelta (*T. aestivum* L. ssp. *spelta* (L.) Thell.), comparándolas con controles de trigo pan (*T. aestivum* ssp. *aestivum* L.) y candeal (*T. turgidum* L. ssp. *durum* (Desf.) Huns.). Se evaluaron altura, días a floración, número de macollos y espiguillas, tamaño y cantidad de granos. Los resultados se analizaron con ANOVA. Einkorn fue la especie más macolladora ($\bar{x}=3,5$; $p<0,0001$) y de menor altura ($\bar{x}=67$ cm; $p<0,0001$). La mayoría de los genotipos emmer y espelta mostraron alturas semejantes ($\bar{x}=90$ cm). Einkorn presentó tamaño de grano menor ($\bar{x}=0,25$ cm; $p<0,0001$), seguido de emmer y espelta ($\bar{x}=0,42$ cm; $\bar{x}=0,44$ cm), aunque estos superaron a los trigos sin cubierta. La especie que floreció más temprano fue espelta ($\bar{x}=92$ días; $p<0,0001$), seguida de emmer ($\bar{x}=107$ días) y einkorn ($\bar{x}=142$ días). Einkorn presentó menor número de granos por planta ($\bar{x}=13$; $p<0,0001$) con mayor número de espiguillas ($\bar{x}=14$; $p=0,0143$). Se identificaron genotipos de emmer y espelta con número de granos por planta comparables a los controles. Encontramos amplia variabilidad entre genotipos, destacándose algunos cultivares para seleccionar e incorporar en planes de mejora.