

GMV

GENÉTICA Y MEJORAMIENTO VEGETAL

GENETICS AND PLANT BREEDING

GMV 1

APORTES AL ESTUDIO DE LA BASE GENÉTICA DEL CARÁCTER DEHISCENCIA EN LA FORRAJERA *Panicum coloratum* L.

Cravero L.¹, J.M. Irazoqui^{1,2}, G. Santiago^{1,2}, A.F. Amadio^{1,2}, M.A. Tomás^{1,2}, M.L. Díaz³, M.F. Eberhardt^{1,2} ¹Instituto de Investigación de la Cadena Láctea (IDICAL, INTA-CONICET); ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf); ³Centro de Recursos Naturales Renovables de la Zona semiárida (CERZOS, CONCIET-UNS).
cravero.luisina@inta.gob.ar

La dehiscencia es un proceso adaptativo que favorece la dispersión en especies silvestres, pero en sistemas agrícolas ocasiona pérdidas de rendimiento. En diversos cereales, la domesticación permitió reducir este rasgo mediante modificaciones en genes que regulan la formación de la zona de abscisión. Sin embargo, en numerosas gramíneas continúa siendo una limitante productiva. Este es el caso de *Panicum coloratum* L., una especie forrajera adaptada a regiones semiáridas, cuya naturaleza alógama y condición tetraploide dificultan la fijación de caracteres de retención de semillas mediante mejoramiento convencional. Con el objetivo de estudiar la base genética de este rasgo, se identificaron genes asociados a la dehiscencia previamente caracterizados en gramíneas, entre ellos *SvLes*, y *Sh1*, y se buscaron sus homólogos en *Panicum*. Se diseñaron cebadores específicos, se realizaron extracciones de ADN y se amplificaron estos genes a partir de dos poblaciones de *P. coloratum*: SR con una retención superior del 26% a los 42 días tras la antesis y EM reteniendo únicamente el 14% en el mismo período. Los amplicones obtenidos fueron secuenciados mediante tecnología Oxford Nanopore, las lecturas fueron filtradas y mapeadas contra *P. miliaceum* empleando el algoritmo *minimap2*. Este procedimiento permitió mapear las bases conservadas, e identificar variantes, haplotipos y patrones de mutación. Estos resultados aportan información relevante para futuros programas de mejoramiento orientados al desarrollo de variedades con mayor retención de semillas.

GMV 2

IDENTIFICACIÓN DE CARACTERES MORFOAGRONÓMICOS ASOCIADOS A LA PRODUCCIÓN DE SEMILLAS EN *Panicum coloratum* var. *coloratum* MEDIANTE MODELOS PREDICTIVOS

Ramírez C.¹, L. Umbriago¹, M. Lifschitz¹, P. Kühn², M.A. Tomás^{1,2}.
Instituto de Investigación de la Cadena Láctea, INTA Rafaela-CONICET; ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf). ramirez.camila@inta.gob.ar

La identificación de caracteres asociados a la producción de semillas es fundamental para comprender los factores que determinan el rendimiento y optimizar la evaluación de germoplasma en especies forrajeras subtropicales. El objetivo fue identificar caracteres morfoagronómicos con capacidad para explicar y predecir la producción de semillas en *Panicum coloratum* var. *coloratum*. Se analizaron 90 plantas de nueve accesiones de la colección de germoplasma del INTA Rafaela, evaluadas para caracteres vegetativos y reproductivos. Se compararon modelos predictivos OLS, Ridge, LASSO, Elastic Net y Random Forest mediante validación cruzada repetida (10 particiones, 20 repeticiones) utilizando R versión 4.5.0. El modelo LASSO presentó el mejor desempeño predictivo (Error cuadrático medio = ECM=11,99; R²=0,85), seguido por Elastic Net (ECM=12,22; R²=0,85), mientras que OLS, Ridge y Random Forest mostraron menor capacidad predictiva. Los componentes del rendimiento (número de semillas y de panojas y peso de mil semillas) se identificaron como las variables más relevantes. Entre los caracteres no asociados directamente al rendimiento, el ancho de hoja bandera destacó por su contribución en los modelos de predicción. El análisis de correlaciones por accesión evidenció que la asociación entre este carácter y la producción de semillas fue variable entre accesiones. Los resultados indican que la producción de semillas es un carácter complejo determinado por múltiples atributos morfoagronómicos y que los modelos predictivos constituyen herramientas útiles para identificar variables relevantes asociadas al rendimiento.

GMV 3

CARACTERIZACIÓN DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO × AMBIENTE MEDIANTE MODELOS AMMI, WAASB Y WAASBY EN MATERIALES EXPERIMENTALES DE *Melilotus albus* Medik.

Lifschitz M.¹, Umbriago L.¹, C. Ramirez¹, P. Kühn², A.E. Ré³, V. Arolfo⁴, A. Affinito⁵, M. Acuña⁵, M.A. Tomás^{1,2}. Instituto de Investigación de la Cadena Láctea; ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf); ³EEA INTA Concepción del Uruguay; ⁴EEA INTA Manfredi; ⁵EEA INTA Pergamino. mauroelif@hotmail.com

Melilotus albus es una leguminosa forrajera naturalizada en Argentina con elevado potencial para sistemas ganaderos en suelos con limitaciones edáficas y como cultivo de servicio por su alta producción de biomasa. El objetivo fue evaluar la interacción G×E, la estabilidad y la adaptación de tres materiales de *M. albus*. Se evaluaron dos materiales experimentales (Exp.), desarrollados por el programa de mejoramiento del INTA junto con un cultivar comercial en cinco ambientes con diferentes potenciales productivos: Rafaela, Manfredi, Rubiolo (sitio salino-sódico), Concepción del Uruguay y Pergamino. Exp. P fue obtenido mediante selección recurrente por producción y calidad forrajera en ambientes de alto potencial productivo, mientras que Exp. S fue seleccionado por tolerancia a salinidad-sodicidad. Los ensayos se establecieron en otoño 2025 en un diseño en bloques completos al azar con tres repeticiones por ambiente y se determinó la producción total de materia seca al finalizar el ciclo. El análisis de la varianza detectó una interacción G×E significativa ($P = 0,048$). El test de Gollob indicó que únicamente el primer componente principal fue significativo ($P = 0,037$). Los análisis WAASB y WAASBY evidenciaron adaptación diferencial entre materiales, identificando a Exp. S como el material más estable (WAASB=12,6) y con la mejor combinación entre rendimiento y estabilidad (WAASBY=86,7). Estos resultados validan los criterios de selección empleados en el programa de mejoramiento.

GMV 4

ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS MEDIANTE ESPECTROSCOPÍA DE INFRARROJO CERCANO EN *Festuca arundinacea* Schreb.

Umbriago L.¹, C. Ramirez¹, M. Lifschitz¹, P. Kühn², M. Acuña³, C. Bruno^{4,5}, M.A. Tomás^{1,2}. Instituto de Investigación de la Cadena Láctea; ²Universidad Nacional de Rafaela (UNRaf); ³EEA INTA Pergamino; ⁴Estadística y Biometría Grupo Vinculado a la Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA) INTA-CONICET; ⁵Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba. umbriago.luciana@inta.gov.ar

Identificar la variabilidad genética es fundamental en los programas de mejoramiento para seleccionar genotipos superiores. La espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS) constituye una herramienta fenómica rápida, no destructiva y de bajo costo con potencial para detectar diferencias genéticas. El objetivo fue estimar los componentes de varianza genética (G), ambiental (A), interacción genotipo × ambiente (G×A) y residual, así como la heredabilidad (H^2) de los espectros NIR de biomasa de *Festuca arundinacea*. Se evaluaron 1.800 plantas (200 genotipos × 3 repeticiones × 3 ambientes) provenientes de accesiones del banco de germoplasma de INTA Pergamino y cultivares comerciales, en Rafaela, Pergamino y Rubiolo, mediante un diseño en bloques completos al azar. La biomasa seca fue molida y analizada con un equipo NIRS Perten DA 7250 (950–1650 nm; resolución de 2 nm). Los espectros fueron sometidos a distintos pretratamientos (normalización, detrend, primera y segunda derivada). Para cada longitud de onda se ajustó un modelo mixto con G, A, G×A y bloque anidado en ambiente, estimándose los componentes de varianza y H^2 . Los espectros crudos capturaron la mayor proporción de varianza genética (9%), mientras que los normalizados presentaron la mayor varianza ambiental (31,6%) y la menor varianza residual (50,5%). La H^2 fue baja, con medias de 0,097 en espectros crudos y 0,073 en los normalizados. Los resultados evidencian que los espectros NIR permiten detectar variación genética y ambiental, posibilitando la estimación de la heredabilidad a lo largo del espectro.

GMV 5

EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD FENOTÍPICA Y SU ASOCIACIÓN GENOTÍPICA DE *Panicum coloratum* PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO VEGETAL MEDIANTE GEN-R

Kühn P.¹, L. Armando^{2,3}, C. Bruno^{4,5}, M.A. Tomás^{1,6}. ¹Facultad de Tecnologías e Investigación para el Desarrollo, Universidad Nacional de Rafaela; ²Departamento de Agronomía, Universidad Nacional del Sur (UNS), Bahía Blanca, Buenos Aires; ³Laboratorio de Ecosistemas Naturales y Agropecuarios, Comisión de Investigaciones Científicas (LENA-CIC), Buenos Aires; ⁴Estadística y Biometría Grupo Vinculado a la Unidad de Fitopatología y Modelización Agrícola (UFyMA) INTA-CONICET; ⁵Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba; ⁶Instituto de Investigación de la Cadena Láctea IDICAL (INTA-CONICET). priscilaayelenkuhn@gmail.com

La especie forrajera *Panicum coloratum* L., gramínea subtropical tolerante a salinidad y anegamientos periódicos, es autotetraploide ($2n=4X=36$), tiene elevada variabilidad genética y baja heredabilidad de los caracteres agronómicos. Estas características dificultan nuevos avances en mejoramiento. El objetivo del trabajo fue relacionar variables fenotípicas con marcadores ISSR en una colección de *P. coloratum* var. *makarikariense* e identificar asociaciones fenotipo-genotipo mediante GEN-R, una aplicación desarrollada en R/Shiny. Se construyeron además modelos para predecir el fenotipo a partir de marcadores. Se evaluaron 87 individuos de siete poblaciones: DF, UCB y MR de Córdoba, BR y ER de Corrientes, CO (comercial) y una población clonal (IF), caracterizados con nueve variables morfológicas. Los cebadores ISSR identificaron 113 bandas polimórficas. Las variables fenotípicas con mayor variabilidad entre individuos fueron filocrono en verano (PhySu), CV=44% y en primavera (PhyS) CV=34%. El Análisis de Componentes Principales discriminó las accesiones ER y CO con alto PhySu y altura de planta (PH), de IF con mayor ancho de hoja (LWS) y tasa de elongación de hojas/macollo en primavera (LERS). El AMOVA mostró que el 77% de la variabilidad genética está entre poblaciones. Los modelos identificaron marcadores asociados principalmente a PhySu y PH. Los modelos de predicción mostraron $R^2 > 0.8$ para PH y LWSu en verano. GEN-R facilitó la integración de los análisis fenotípicos y moleculares y la visualización de los resultados para el análisis de datos en estudios de mejoramiento genético vegetal.

GMV 6

OPTIMIZACIÓN DE LA CALLOGÉNESIS Y REGENERACIÓN *IN VITRO* EN FESTUCA (*Lolium arundinaceum* (Schreb.) Darbysh.)

Cura L.¹, D. López Miró², C. Jozefkiewicz³, M.A. Affinito^{1,2}, M.L. Roldán², M. Acuña^{1,2}. ¹Universidad Nacional Noroeste de la Provincia de Buenos Aires (UNNOBA); ²Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA); ³Instituto de Genética Ewald A. Favret (IGEAF) – Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular (IABIMO) – CONICET-INTA. lcura025@comunidad.unnoba.edu.ar

La festuca alta es una gramínea forrajera cuya poliploidía, autoincompatibilidad y tipo de polinización restringen el mejoramiento convencional, por lo que la edición génica (EG) vía CRISPR/Cas9 resulta una alternativa promisorio. El objetivo fue optimizar los protocolos de callogénesis y regeneración *in vitro* de tres sintéticas experimentales (L1, L2 y L3). Se compararon los explantes de semilla entera (S) o corte longitudinal (CL) y embrión (E), cultivados en medio MS 1X con 0; 5; 7,5; 10 y 15 mg/L de 2,4-diclorofenoxiacético (2,4D). Los callos se regeneraron en MS 1X con 6-bencilaminopurina 0,5 mg/L y las plántulas se enraizaron en MS 0,5X. El número de callos, plántulas regeneradas y con raíz se analizó mediante GLM binomial y prueba DGC. CL y E presentaron mayor capacidad de callogénesis, y el 2,4D favoreció la formación de callos, excepto a 15 mg/L. L2 fue la de mejor desempeño. Luego de 35 días (D), L1 y L2 presentaron la mayor capacidad de regeneración, favorecida por concentraciones de 7,5 a 15 mg/L de 2,4D. A los D55 hubo efecto del tipo de explante con mejor regeneración para CL y existió interacción sintética x hormona, destacándose L1 con 10 mg/L de 2,4D y L2 con 10 y 15 mg/L de 2,4D. La formación de plántula se evaluó a D50 y D65, destacándose L2. El mayor desarrollo radicular se observó en 5 y 7,5 de 2,4D y en L1 y L2. Los resultados demostraron que la respuesta morfogénica depende del material genético, del explante y de la concentración de 2,4D, lo que aporta información relevante para optimizar la regeneración *in vitro* y facilitar la EG en la especie.

GMV 7

EVALUACIÓN MULTI-AMBIENTAL DE UNA POBLACIÓN RAIGRÁS TETRAPLOIDE CON Y SIN HONGO ENDÓFITO

Ré A.¹, D. Pinget¹, M. Acuña², L. Iannone³. ¹INTA EEA Concepción del Uruguay; ²INTA EEA Pergamino; ³INMIBO CONICET-UBA. Argentina. re.alejo@inta.gob.ar

En raigrás anual (*Lolium multiflorum* Lam.), los estudios sobre los efectos del endófito *Epichloë occultans* en germoplasma tetraploide son escasos. El objetivo fue evaluar la interacción genotipo × ambiente (G×E) y adaptación de la población P10 de raigrás tetraploide, en su versión infectada (E+) y libre (E-) de endófito, creciendo en múltiples ambientes productivos de Argentina. Los ensayos se condujeron bajo un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones anidadas dentro de cada ambiente. Se evaluó la población P10 (E+ y E-) en ocho localidades y cinco años, considerando ambiente a la combinación sitio*año. La variable analizada fue la producción de forraje (kg MS/ha.año) con un modelo de regresión de sitios (SREG). El primer componente principal (PC1) explicó prácticamente el 100% de la varianza acumulada para los efectos combinados de genotipo y G×E. El biplot SREG discriminó de manera lineal el desempeño de los materiales frente al gradiente ambiental, donde P10 E+ se destacó ($p < 0,05$) en los ambientes de mayor producción promedio (PER2023 y VIE2025) y P10 E- se destacó solamente en el ambiente de menor producción media (ANG2022). Este comportamiento sugiere una respuesta diferencial mediada por la presencia del endófito, el cual maximizó la capacidad de utilizar los recursos disponibles y otorgó una mayor adaptabilidad en los ambientes de alta productividad forrajera.

GMV 8

INTERACCIÓN GENOTIPO POR AMBIENTE Y ESTABILIDAD FENOTÍPICA EN GENOTIPOS DE TRITICALE

Pinget D.¹, G. Donaire², M. Acuña³, A. Ré¹. ¹INTA EEA Concepción del Uruguay; ²INTA EEA Marcos Juárez; ³INTA EEA Pergamino. Argentina. re.alejo@inta.gob.ar

El objetivo de este trabajo fue evaluar el comportamiento productivo y la estabilidad fenotípica de cultivares y líneas experimentales de triticales (*Triticosecale* Wittmack) próximas a inscribir. Durante 2025, en las EEAs Marcos Juárez, Pergamino y Concepción del Uruguay de INTA, se evaluaron 3 cultivares comerciales y 4 líneas experimentales bajo un DBCA con tres repeticiones. Se midió la producción de forraje mediante cortes periódicos para generar las variables producción de otoño-invierno (OTOINV), primavera (PRI) y el acumulado (TOTAL). La interacción genotipo por ambiente (G×E) y la estabilidad se analizaron mediante el método de Shukla con el paquete “metan” en R, estimando la varianza de la estabilidad de Shukla (σ^2_e), y el Índice de Selección Simultánea (SSI). El análisis de varianza reveló efectos significativos de la interacción G×E para las tres variables. En OTOINV, BARBOL INTA logró la mayor producción (4784 kgMS/ha) pero máxima inestabilidad, mientras JP1026 fue el más predecible (SSI=4). En PRI, BARBOL INTA disminuyó drásticamente su rendimiento, mientras CONCOR INTA mostró la mayor producción (2169 kgMS/ha) pero alta sensibilidad ambiental, logrando JP1015 la máxima estabilidad primaveral. Para TOTAL, CONCOR INTA capitalizó su ventaja primaveral posicionándose como uno de los materiales más estables y productivos (SSI=5), igualando el mérito de JP1015, el cual destacó por ser el de mayor estabilidad en todo el ciclo. Los cambios en el SSI evidencian que la interacción G×E en triticales es dinámica y altamente dependiente de la estación de crecimiento.

GMV 9

EVALUACIÓN MULTIAMBIENTAL DE GENOTIPOS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.). CAMPAÑA 2025/26

Durand M., J. Colazo. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Concepción del Uruguay, Entre Ríos. marianodurand87@gmail.com

La evaluación multiambiental constituye una etapa esencial para la selección y recomendación de cultivares. El objetivo de este trabajo fue evaluar el rendimiento, la estabilidad y la adaptación de genotipos de arroz. Se evaluaron 18 genotipos en tres ambientes durante la campaña 2025/26. Los componentes de varianza se estimaron mediante el método de máxima verosimilitud restringida (REML), considerando como efectos aleatorios el ambiente, el genotipo y la interacción genotipo×ambiente. El rendimiento se analizó considerando los efectos del genotipo, del ambiente y de la interacción genotipo×ambiente, mediante un gráfico de rendimiento-estabilidad y un GGE biplot. La interacción genotipo×ambiente explicó el 19,2 %, mientras que el efecto del genotipo representó el 18,5 %. El ambiente mostró la menor contribución (9,9 %). El rendimiento promedio de los tres ambientes fue de 9.507 kg/ha. El análisis de rendimiento-estabilidad permitió identificar a Angirú, B-21-3, Cambá, Gurí, Karandú y Timbó como los genotipos con mejor comportamiento entre ambientes, con rendimientos promedio de 10.649, 10.538, 10.209, 10.069, 9.760 y 9.524 kg/ha, respectivamente. El GGE biplot evidenció dos mega-ambientes, diferenciando a Monte Caseros de los ambientes San Salvador y Concepción del Uruguay. El análisis permitió identificar genotipos con adaptación específica y otros con comportamiento más estable entre los ambientes evaluados. Los resultados obtenidos aportaron información para la selección y recomendación de cultivares en los distintos ambientes de producción.

GMV 10

VALIDACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES ASOCIADOS A CARACTERES DE CALIDAD CULINARIA EN GERMOPLASMA DE ARROZ INTA (*Oryza sativa* L.)

Parada S., F. González, J. Colazo. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA). Concepción del Uruguay, Entre Ríos. parada.sofia@inta.gob.ar

La calidad culinaria del arroz está influenciada por el contenido de amilosa y la temperatura de gelatinización del almidón. Su determinación requiere tiempo y granos maduros, limitando su evaluación en etapas tempranas del mejoramiento. Los marcadores GBSSI/Wx y ALK/SSIIa, asociados al contenido de amilosa y a la temperatura de gelatinización, permiten predecir caracteres desde estadios iniciales. El objetivo fue evaluar su asociación con fenotipos en materiales del Programa de Mejoramiento Genético de Arroz del INTA. Se genotipificaron 72 materiales para ALK/SSIIa y 64 para GBSSI/Wx mediante KASP. El contenido de amilosa aparente (CAA) se determinó por espectrofotometría y la temperatura de gelatinización mediante el valor de dispersión alcalina (VDA). La asociación se evaluó mediante prueba exacta de Fisher y V de Cramer. Para GBSSI/Wx, 56 de los 64 materiales presentaron CAA alto ($\geq 26\%$) y genotipo GG. La asociación fue significativa ($p < 0,0001$) ($V = 0,77$). Para ALK/SSIIa, el genotipo TT presentó mayor proporción de materiales con VDA alto (≥ 6), asociado a baja temperatura de gelatinización: 83,9% frente al 20% en TT y GC. La asociación fue significativa ($p < 0,0001$) ($V = 0,51$). Los resultados evidencian el potencial de ambos marcadores para la selección asistida por marcadores de caracteres de calidad culinaria.

GMV 11

EVALUACIÓN DE LA ACTIVIDAD AMILOLÍTICA EN GERMINACIÓN DE SEMILLAS DE ARROZ (*Oryza sativa* L.) A BAJAS TEMPERATURAS

Durand M.¹, B. Wyss², A. Rodríguez², J. Colazo¹, S. Maiale².

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Concepción del Uruguay, Entre Ríos; ²Instituto Tecnológico de Chascomús (CONICET-UNSAM), Buenos Aires. santiagomaiale@hotmail.com

El arroz (*Oryza sativa* L.) es un cultivo sensible a las bajas temperaturas, donde las amilasas son esenciales para la germinación, proporcionando la energía necesaria para el embrión, influyendo en la tolerancia al frío durante esta etapa. El objetivo de este trabajo fue estudiar la relación entre la actividad de las enzimas amilolíticas y la tolerancia a bajas temperaturas en genotipos de uso local y caracterizar materiales indicas y japónicas de un panel de diversidad (PD). Se utilizaron 47 genotipos usados como progenitores en el programa de mejoramiento del INTA y un PD, con 220 variedades genotipadas. Las semillas se sembraron en cámara de crecimiento a 15°C y el tiempo óptimo de medición se estableció en 5 días desde la siembra. En los genotipos locales se midió la actividad de la alfa y beta amilasa, actividad diastásico total (DT) y azúcares acumulados y estos dos últimos parámetros en el PD. Se midió por otro lado el largo del coleóptilo a 14 días (LongCol14) como índice de tolerancia. El análisis de correlación mostró asociación entre LongCol14 y todos los parámetros con excepción de la alfa amilasa con un r de Pearson de 0,5042 y 0,5786 para azúcares acumulados y DT respectivamente. En el PD se observó diferencias significativas entre japónica e indicas para azúcares acumulados, pero no para DT. En conclusión, los azúcares acumulados y DT mostraron correlación con tolerancia a bajas temperaturas. Por otro lado, el parámetro de azúcares acumulados podría usarse en el desarrollo de marcadores moleculares mediante el uso de GWAS.

GMV 12

PROTOCOLO DE SSR-DNA-BARCODING Y EVALUACIÓN DE ROBUSTEZ GENÉTICA PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GERMOPLASMA DE CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum* spp.)

Pocovi M.¹, G. Caruso¹, G. Serino². ¹Consejo de Investigación de la Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina; ²Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa, Colonia Santa Rosa, Salta, Argentina. fcn13161@gmail.com

La identificación genética de accesiones en bancos de germoplasma es clave para la trazabilidad de recursos fitogenéticos. En la caña de azúcar (*Saccharum* spp.), poliploides/aneuploides, la dosificación alélica complica la interpretación genotípica. Se presenta una metodología para evaluar la robustez del genotipificado mediante SSR y un sistema de DNA-*barcoding* para identificar accesiones del Banco de Germoplasma de caña de azúcar de la Chacra Experimental Agrícola Colonia Santa Rosa (Salta, Argentina). Se analizaron de 3 a 5 réplicas individuales y en bulk de 12 accesiones mediante SSR (NKS22, NKS26, NKS38 y mSSCIR1), considerando cada banda como un *locus* con presencia/ausencia. Con la matriz binaria se calcularon métricas de confiabilidad: *Repetibilidad* (Re : coeficiente de Simple Matching), *Tasa de error* ($1 - Re$), *Estabilidad por Variedad* (VS : proporción de posiciones de *loci* estables respecto al total, que mide consistencia intra-varietal) y *Estabilidad por Posición de Locus* (LPS : proporción de variedades con posición de *locus* estable, que mide estabilidad inter-variedad). Con los *loci* estables de cada SSR se construyó un DNA-*barcode* para identificar cada accesión. Se obtuvo alta Re media: global (0,886; $SD=0,077$), bulks (0,902; $SD=0,087$) e individuales (0,869; $SD=0,105$). La tasa de error global ($1-Re$) fue baja (0,114; 11.4%). NKS38 fue el más confiable ($Re_{bulks}=1,0$; $VS=1$; $LPS=1$) y mSSCIR1 discriminó las 12 accesiones. La integración de 39 *loci* estables generó DNA-*barcodes* exclusivos con 100% de precisión, logrando un protocolo robusto para la trazabilidad.

GMV 13

COMPARACIÓN DE MATRICES DE DISTANCIAS GENÉTICAS EN CAÑA DE AZÚCAR (*Saccharum officinarum* L.) ESTIMADAS CON MARCADORES ASOCIADOS A RESISTENCIA A ROYA (*Puccinia melanocephala* H. Sydow & P. Sydow) Y MARCADORES SSR

Delgado R.D, S.G. Cedolini, M.I. Pocovi. Facultad de Ciencias Naturales, Universidad Nacional de Salta, Salta, Argentina. romi.delgado88@gmail.com

La caña de azúcar (*Saccharum officinarum*) es un cultivo agrícola-industrial de importancia mundial. Entre las enfermedades que afectan su rendimiento se destaca la roya marrón, causada por el hongo *Puccinia melanocephala* H. Sydow & P. Sydow. Una fuente de resistencia es el gen mayor *Bru1*, al cual están ligados los marcadores R12H16 y 9020-F4-PCR-RsaI. Dado que estos marcadores se utilizan en selección asistida, resulta de interés evaluar si reflejan el patrón de relaciones genéticas obtenido mediante un panel amplio de marcadores SSR. El objetivo del presente trabajo fue comparar dos matrices de distancias genéticas: una obtenida con marcadores asociados a *Bru1* y otra con marcadores SSR, mediante su correlación. Se analizaron 16 accesiones de caña de azúcar de la colección de germoplasma de la Chacra Experimental Agrícola Santa Rosa (CEASR), institución que nuclea a los ingenios argentinos de Salta y Jujuy. Se utilizaron dos conjuntos de dato: marcadores asociados a *Bru1* (R12H16 y 9020-F4-PCR-RsaI) y 66 marcadores SSR. Para cada conjunto se construyó una matriz de distancia genética mediante el coeficiente Simple Matching y se visualizaron mediante mapas de calor. Finalmente, se realizó una prueba de Mantel para evaluar la correlación ambas matrices. El análisis reveló una correlación estadísticamente significativa ($r = 0,2376$, $p = 0,0290$). Estos resultados sugieren que los marcadores asociados a *Bru1* pueden constituir herramientas complementarias para la caracterización, conservación y utilización del germoplasma de caña de azúcar en programas de mejoramiento genético.

GMV 14

SEÑALES DE DIFERENCIACIÓN NO NEUTRAL EN CARACTERES DE FRUTO DE *Solanum betaceum* Cav.: UN ENFOQUE EXPLORATORIO DE REDUNDANCIA Y COMPARACIÓN PST-FST

Caruso G.B.^{1,2}, C.Y. Lamas², M.M. Urtasun³, G.R. Pratta⁴.

¹Facultad de Ciencias Naturales, Facultad Regional Orán, CIUNSa, Universidad Nacional de Salta (UNSa); ²Banco de germoplasma de Especies Nativas (BGEN), Facultad de Ciencias Naturales, UNSa; ³CCT/CONICET Salta-Jujuy; ⁴Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR), CONICET-UNR, Rosario. gbcaruso67@gmail.com

El chilito (*Solanum betaceum* Cav.) es un recurso frutal subutilizado de las Yungas de Argentina. El objetivo fue evaluar patrones de diferenciación fenotípica (diez variables de fruto) entre poblaciones de Salta: San Lorenzo (SL) y Jujuy: Abra Colorada (AC), Arrayanal (ARR), Parcela Cultivada (PC) y Trementinal (Tre). Se realizó un Análisis de redundancia (RDA) y se estimaron índices de diferenciación fenotípica (PST) globales y por pares de poblaciones. Se compararon los PST con índices de diferenciación genética (FST), obtenidos en un trabajo previo con microsatélites. El efecto poblacional fue significativo y explicó el 30,13% de la variación fenotípica ajustada. Los dos primeros ejes reunieron el 85,14% de la variación restringida y se asociaron con tamaño y estructura del fruto y con componentes cromáticos. Las comparaciones multivariadas entre pares de poblaciones fueron significativas. Los mayores contrastes fueron AC-PC y AC-Arr, mientras que los pares con Tre tendieron a diferenciarse menos. Los PST globales más altos correspondieron a la variable cromática b, contenido en sólidos solubles (SS) y pH. Las comparaciones PST-FST revelaron heterogeneidad entre caracteres y pares de poblaciones: PST basado en b fue superior a FST en siete pares de poblaciones; mientras que SS y pH mostraron señales compatibles con manejo y/o selección no intencional en comparaciones que incluyen a PC. Algunos caracteres excedieron lo esperado por deriva génica ($PST > FST$), sugiriendo adaptación local o plasticidad fenotípica, distinción que requerirá ensayos en ambiente común.

GMV 15

ESTRUCTURA GENÉTICA POBLACIONAL DE *Solanum betaceum* Cav.: COMPARACIÓN ENTRE ENFOQUES DEPENDIENTES E INDEPENDIENTES DEL EQUILIBRIO DE HARDY-WEINBERG

Lamas C.Y.¹, G.B. Caruso^{1,2}, M.M. Urtasun³, G.R. Pratta⁴. ¹Banco de germoplasma de Especies Nativas (BGEN), Facultad de Ciencias Naturales, UNSa; ²Facultad de Ciencias Naturales UNSa; ³CCT CONICET Salta-Jujuy; ⁴Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR), CONICET-UNR, Rosario. carolalamas14@gmail.com

El chilto (*S. betaceum*) es un frutal subtropical andino de alto valor nutricional y comercial, con potencial para diversificar la matriz productiva del Noroeste Argentino. En estudios previos se cuantificó la variabilidad fenotípica y genética de poblaciones silvestres de Salta (SL) y Jujuy (AC, Arr, Tre, PPA), aunque se desconoce la estructura genética de la especie en la región. El objetivo de este trabajo fue inferir la estructura genética poblacional mediante un modelo bayesiano, que identifica grupos bajo los supuestos de equilibrio de Hardy-Weinberg y de ligamiento (STRUCTURE v2.3.4). Como la biología reproductiva de la especie a nivel local aún no está suficientemente esclarecida, se utilizó un método alternativo de agrupamiento que no considera supuestos genéticos, k-means sobre PCoA de distancias genéticas (*bitwise. dist*). La coincidencia entre las asignaciones obtenidas con ambos métodos se evaluó mediante una matriz de confusión, determinando la significancia del acuerdo con el índice Kappa de Cohen (κ). Se analizaron 77 individuos con 10 *loci* SSR. STRUCTURE reveló dos grupos genéticos principales: PPA y Arr en el CLUSTER I ($Q > 0,90$) y AC y SL en el CLUSTER II ($Q > 0,80$), Tre presentó una composición genética intermedia ($Q = 0,52$ CLUSTER I; $Q = 0,48$ CLUSTER II). K-means recuperó el mismo patrón general: Arr-PPA en G1 y AC-SL en G2, Tre con distribución intermedia. La concordancia en la asignación de los individuos a los grupos entre ambos métodos fue moderada (71%, $\kappa = 0,428$ $p < 0,00017$), demostrando una estructura genética consistente.

GMV 16

MÉTODOS MULTIVARIADOS A TRES VÍAS COMO NUEVA ESTRATEGIA PARA EL ANÁLISIS EXPLORATORIO DE DATOS COMPLEJOS DE RNA-seq: TOMATE COMO ESPECIE MODELO

Cacchiarelli P^{1,2}, F.E. Spetale³, G.R. Rodríguez¹, G.R. Pratta¹. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR-CONICET/UNR), Zavalla, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina; ³CIFASIS - CONICET/UNR, Rosario, Santa Fe, Argentina. cacchiarelli@iicar-conicet.gov.ar

La creciente aplicación de RNA-seq y la complejidad de los datos disponibles requieren Métodos estadísticos Multivariados de Tres Vías (MM3V) que, a diferencia del Análisis de Componentes Principales (ACP: genera ejes llamados Componentes Principales, CP), permitan analizar e integrar simultáneamente múltiples fuentes de variación. El objetivo fue aplicar un Análisis Factorial Múltiple (AFM: genera Dimensiones factoriales, Dim) a un RNA-seq de frutos de tomate con estructura compleja incluyendo 4 Genotipos (G: Caimanta, LA0722, ToUNR18 y ToUNR1) y 3 Estado de Madurez (EM) para ~35.000 transcritos. Los valores de expresión fueron obtenidos como recuentos absolutos para lograr una matriz final ($N = 420.000$). Como control, se aplicó un ACP. La CP1 explicó 39,3% de la variación y separó por EM, mientras que CP2 el 12,3% y separó parcialmente por G. El AFM mostró que Dim1 explicó el 53,9% de la variabilidad y Dim2 el 31,9%. Los puntos de consenso del AFM mostraron agrupamiento por G y EM conjuntamente de acuerdo a lo esperado. Caimanta quedó dentro de los valores positivos de Dim1 y negativos de Dim2 y LA0722, hacia los valores positivos de ambas dimensiones. ToUNR1 y ToUNR18, G mejorados, se agruparon próximos en los valores negativos de la Dim1 y el valor cero de la Dim2. El AFM posibilitó proyectar G, EM y transcritos en el espacio factorial, facilitando la identificación de genes candidatos. Este MM3V determinó la estructura transcriptómica global, detectar genes con alta contribución a las dimensiones factoriales y caracterizar módulos de expresión asociados a cada genotipo.

GMV 17

EFFECTO RECÍPROCO EN LA DETECCIÓN DE QTLs PARA CARACTERES DE CALIDAD DE FRUTO EN POBLACIONES F2 DERIVADAS DE UN CRUZAMIENTO INTERESPECÍFICO DE TOMATE

Perez Marder, H.E.¹, J.H. Pereira da Costa^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}, V. Cambiaso^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR-CONICET-UNR), Rosario, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Santa Fe, Argentina. perezmarder@iicar-conicet.gob.ar.

Los cruzamientos recíprocos entre especies cultivadas y silvestres de tomate pueden aportar variabilidad para caracteres de calidad de fruto. El objetivo fue evaluar el efecto recíproco en la detección de QTLs para caracteres de calidad de fruto en dos poblaciones F2 recíprocas derivadas del cruzamiento entre el cultivar Caimanta (C) de *Solanum lycopersicum* L. y la accesión silvestre LA0722 (P) de *Solanum pimpinellifolium* L. (F2CxP y F2PxP). Se genotiparon ambas poblaciones con un panel de 384 SNP y cuatro marcadores funcionales (*FAS*, *LC*, *fw2.2*, *fw3.2*). Se construyeron mapas de ligamiento con el paquete R/qtl y se detectaron QTLs mediante el mapeo por intervalo simple utilizando un umbral mínimo de LOD > 2,4. El mapa F2CxP quedó conformado por 16 grupos de ligamiento (164 marcadores, 968,9 cM, distancia promedio 6,5 cM y máxima 36,3 cM), mientras que el mapa F2PxP presentó 13 grupos (182 marcadores, 1078,1 cM, distancia promedio 6,4 cM y máxima 54,9 cM). Se detectaron 24 QTLs en F2CxP y 14 en F2PxP. Para comparar su posición entre ambas poblaciones, los grupos de ligamiento se vincularon al mapa físico de referencia (SL 4.0), lo que permitió identificar regiones genómicas en común para sólidos solubles, forma y número de lóculos. De los 11 caracteres evaluados, solo tres presentaron QTLs coincidentes en ambas poblaciones F2. Se concluye que la dirección del cruzamiento condiciona la detección de los QTLs, indicando una recombinación diferencial según el sentido del cruzamiento.

GMV 18

DETERMINACIÓN DE HERENCIA MATERNA A PARTIR DE MARCADORES MOLECULARES DESARROLLADOS A PARTIR DE POLIMORFISMOS MITOCONDRIALES Y CLOROPLÁSTICOS DE TOMATE

Defarge N.¹, V. Cambiaso^{1,2}, G.R. Rodríguez^{1,2}. ¹Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR-CONICET-UNR), Rosario, Santa Fe, Argentina; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe, Argentina. grodrig@unr.edu.ar

Los efectos recíprocos son cambios fenotípicos que ocurren al invertir el rol sexual de los progenitores. En tomate (*Solanum lycopersicum* L.), demostramos su presencia en atributos de calidad del fruto y propusimos que se deben a la interacción diferencial entre genes citoplasmáticos de herencia materna y el genoma nuclear. Con el objetivo de rastrear la herencia materna en poblaciones derivadas del cruzamiento recíproco entre el cv. Caimanta y la accesión LA0722 de *S. pimpinellifolium* y una colección diversa de 50 accesiones desarrollamos marcadores a partir del alineamiento de las lecturas obtenidas mediante secuenciación de nueva generación (NGS, por sus siglas en inglés) de los progenitores a genomas mitocondriales y cloroplásticos de referencia. Se detectaron 8 inserciones/deleciones (INDEL) y 16 polimorfismos de nucleótido único (SNP) respecto a la referencia mitocondrial MF034193.1 (LA1479), y 6 INDEL y 13 SNP con MF034192.1 (LA1421). En el genoma cloroplástico de LA3023 se identificaron 29 INDEL y 63 SNP. Se hallaron polimorfismos en regiones codificantes de 10 genes cloroplásticos, pero ninguno en genes mitocondriales. Se validaron un marcador cloroplástico y dos mitocondriales mediante fusión de alta resolución (HRM) o marcadores de secuencias polimórficas amplificadas y digeridas derivadas (dCAPS). Estos marcadores permitieron rastrear la herencia materna en generaciones F₁ y F₂ derivadas de cruzamientos recíprocos y detectar en una colección de 50 accesiones polimorfismos asociados con el tipo de germoplasma, cultivado o silvestre, y una variante específica del cultivar Caimanta.

GMV 19

IMPLEMENTACIÓN DE META-ANÁLISIS Y ANÁLISIS FACTORIAL MÚLTIPLE DUAL PARA LA IDENTIFICACIÓN DE GENES CANDIDATOS: UN APROXIMACIÓN EN QUÍNOA

Costa Tártara, S.M.^{1,2}, D.P. Arce^{3,4}, G.H. Tolosa², G.R. Pratta⁵.

¹CONICET; ²Universidad Nacional de Luján, Luján, Buenos Aires; ³Centro de Estudios Fotosintéticos y Bioquímicos (CEFOBI-CONICET-UNR), Rosario, Santa Fe; ⁴Facultad Regional San Nicolás, Universidad Tecnológica Nacional, Buenos Aires; ⁵Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias (IICAR) CONICET, Rosario, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe. scosta@unlu.edu.ar

Para integrar datos procedentes de diferentes transcriptomas puede recurrirse al Análisis Factorial Múltiple Dual (AFMD) o al meta-análisis (MA), dos técnicas complementarias para identificar genes candidatos. El trabajo implementa AFMD y MA para evaluar patrones de expresión de genes conservados en quínoa (*Chenopodium quinoa*) para identificar proteínas de choque térmico (Heat Shock Proteins, HSPs) de diferente peso molecular (HSP20, HSP70 y HSP90) relevantes en la respuesta a estrés. Se utilizaron cuatro transcriptomas independientes (salinidad: 2, alta temperatura: 1, anegamiento: 1). En el AFMD se incluyeron nueve variables cuantitativas definidas como el cambio de abundancia de transcriptos entre cada condición experimental y su respectivo control, agrupadas en tres factores representados por los estreses. Para el MA se aplicó el algoritmo Robust Rank Aggreg (RRA) que se basa en rankings de genes según el valor de expresión diferencial (ED). El AFMD permitió integrar la variabilidad de las tres condiciones de estrés, explicando el 72 % de la inercia total en las dos primeras dimensiones, e identificar las HSPs con mayor contribución. El MA arrojó 749 genes sobreexpresados y 1020 subexpresados (RRA score < 0,05) destacándose 8 HSP20 consenso (sobreexpresadas CQ025080, CQ044478, CQ001244, CQ026671, CQ032642, CQ025070; subexpresadas CQ020271, CQ020276) que además presentaron mayor contribución a las dos primeras dimensiones en el AFMD. Ambos enfoques permitieron identificar las HSPs más relevantes por su ED y su contribución en el ordenamiento global.

GMV 20

ANÁLISIS DE LA INTERACCIÓN GENOTIPO * AMBIENTE EN GENOTIPOS DE PAPA ANDINA (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena* Hawkes) DE LA PROVINCIA DE CATAMARCA

Contrera E.¹, E. Cointry², J. Perea¹, A. Barrionuevo¹. ¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca, Catamarca; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Rosario, Zavalla, Santa Fe. gcontrera@agrarias.unca.edu.ar

La papa andina (*Solanum tuberosum* subsp. *andigena* Hawkes) representa una fuente importante de diversidad genética para programas de mejoramiento. Los objetivos principales de este trabajo fueron evaluar la Interacción Genotipo*Ambiente (IGA) para los principales caracteres componentes de rendimiento, en nueve genotipos de papa andina de la provincia de Catamarca, identificar los materiales de mejor comportamiento y seleccionar potenciales progenitores para cruzamientos. Los genotipos Bolinca alargada, Bolinca redonda, Collareja, Cotagua morada, Cotagua rosada, Malgacha, Morada, Ojos de princesa y Tuni, fueron estudiados durante tres años, en dos localidades (La Calera y Las Piedras Blancas). Se utilizaron dos métodos de análisis: método de la Varianza de la estabilidad de Shukla y AMMI (Efectos principales aditivos e interacción multiplicativa). Ambos análisis evidenciaron una interacción genotipo*ambiente significativa. Según Shukla, Collareja y Cotagua rosada presentaron estabilidad para número de tubérculos; Ojos de princesa para peso de tubérculos; y Bolinca alargada para rendimiento. El modelo de AMMI identificó ambientes discriminantes y confirmó la estabilidad y elevado rendimiento de Cotagua morada y Morada, mientras que Tuni mostró alto rendimiento con menor estabilidad. Los resultados indican que la magnitud de la IGA depende del carácter evaluado y que la consideración conjunta de estabilidad y rendimiento permite optimizar la selección de progenitores, destacándose el cruzamiento entre Cotagua morada y Bolinca alargada como una alternativa promisorio para generar nueva variabilidad genética.

GMV 21

TOLERANCIA A SALINIDAD EN ESTADIOS REPRODUCTIVOS DE TRITÍCEAS HÍBRIDAS

L. Aguirre^{1,2}, M.F. Grossi Vanacore¹, F. Lizarraga¹, M.J. Ganum Gorriz^{1,2}, H. di Santo^{1,2}, E. Castillo^{1,2}, M. Rovere², M. Ruiz^{1,2}, E. Grassi^{1,2}. ¹Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto (UNRC), Córdoba, Argentina; ²Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas, UNRC - CONICET, Córdoba, Argentina. hdisanto@ayv.unrc.edu.ar

En la UN de Río Cuarto se lleva a cabo una caracterización de la tolerancia a salinidad de tritíceas híbridas con el objetivo de aumentar la productividad de sistemas ganaderos en ambientes halomórficos. Se midieron diez caracteres reproductivos en siete líneas en F₉, selectas por su comportamiento durante germinación y estadio vegetativo, y dos testigos bajo dos condiciones de riego: No Salino (NS), 0 dS.m⁻¹, y Salino (S), 8 dS.m⁻¹. Se realizó ANAVA y prueba de diferencia de medias DGC entre líneas, tratamientos y la interacción. No se observaron diferencias en índice de cosecha, n° de espigas y peso de mil semillas. El porcentaje de macollos fértiles fue 14% superior en S (p<0,05). El n° de espiguillas fue superior en las líneas T88, GHA88, Ñ88 y G130 (p<0,05). La interacción entre líneas y tratamientos fue significativa (p<0,05) para los caracteres n° de grano, índice de fertilidad, espiguillas/espiga, peso de mil semillas/espiga y n° de grano/espiga. Respecto a la media de cada carácter, Ñ88 y G130 en S fueron 125% y 179% superiores en n° de grano, T88, G130, Ñ88 y C88 en S, y G130 y C88 en NS fueron 25 a 121% superiores en índice de fertilidad, G130 y Ñ88 en S fueron 23% y 25% superiores en espiguillas/espiga, Ñ88 en NS fue 35% superior en peso de mil semillas/espiga (y sólo se redujo 18% en S), y G130, C88 y Ñ88 en S fueron superiores en grano/espiga. La variabilidad observada confirma la interacción genotipo por condición de salinidad y que existe germoplasma superior en producción de grano forrajero para incorporar en ambientes halomórficos.

GMV 22

IDENTIFICACIÓN DE LÍNEAS ENDOCRIADAS DE MAÍZ RESISTENTES A MANCHA DE ASFALTO

Ruiz M.^{1,2}, Leyva Escalona M.³, Ruiz-Montero M.⁴, San Vicente-García F.M.³, Medeiros Barbosa P.A.³, Dhlwayo T.³, Muñoz-Zavala C.³ ¹Instituto de Investigaciones Agrobiotecnológicas (INIAB, CONICET-UNRC), Córdoba, Argentina; ²Facultad de Agronomía y Veterinaria, Universidad Nacional de Río Cuarto, Córdoba, Argentina; ³International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT), México; ⁴Maize seeds company PROASE, Chiapas, México. mruiz@ayv.unrc.edu.ar

El complejo mancha de asfalto en maíz, cuyo principal agente causal es *Phyllachora maydis*, constituye una de las enfermedades foliares más importantes en regiones húmedas de Centroamérica, donde ocasiona pérdidas significativas de rendimiento. La reemergencia de *P. maydis* en Estados Unidos evidenció la capacidad del patógeno de expandirse y establecerse en nuevas regiones. Si bien en Argentina esta enfermedad está ausente, el intercambio de germoplasma y la conectividad global configuran un escenario de riesgo. En este contexto, CIMMYT, junto a sus socios estratégicos, trabaja en el desarrollo de germoplasma resistente para reducir el impacto de la enfermedad y anticipar su posible dispersión a nuevas áreas de producción. El objetivo del presente trabajo es la identificación de líneas endocriadas de maíz resistentes a mancha de asfalto. Un conjunto diverso de 210 líneas y un testigo resistente se evaluó, bajo infección natural, durante tres ciclos de cultivo en la región de Villaflores, Chiapas, México. La severidad de la enfermedad se registró en dos etapas del cultivo y se calculó el área bajo la curva de progreso de enfermedad (AUDPC). Posteriormente, se realizó un ANOVA para identificar los genotipos de mejor desempeño. El 36% de las líneas evaluadas no presentaron diferencias estadísticas respecto al testigo resistente; de ellas, 17 correspondieron al grupo de grano blanco y ocho al de grano amarillo. En conclusión, existe germoplasma con resistencia a mancha de asfalto que representa una valiosa fuente genética para programas de mejoramiento de maíz en América Latina.

GMV 23

EXPLORACIÓN DE VARIABLES DE CRECIMIENTO PARA FUTUROS ESTUDIOS DE TEMPERATURA BASE EN *Acroceras macrum* Staft.

S. C. Ferrari Usandizaga¹, E. Caballero¹, F. Mignolli² ¹INTA EEA Corrientes, Argentina; ²IBONE-CONICET, Corrientes, Argentina. ferrariusandizaga.s@inta.com.ar

Acroceras macrum es una gramínea forrajera C3 adaptada a ambientes subtropicales húmedos con frecuente anegamiento. Una colección de híbridos intraespecíficos obtenida con fines de mejoramiento se encuentra en evaluación, siendo el crecimiento a bajas temperaturas un carácter de interés para la selección. El objetivo de este trabajo fue explorar la utilidad de distintas variables de crecimiento para evaluar la respuesta de la especie a temperaturas potencialmente limitantes bajo diferentes condiciones hídricas, como etapa preliminar para futuros estudios de temperatura base. Se evaluó una línea con comportamiento invernal intermedio en cámaras de crecimiento mediante cuatro tratamientos resultantes de la combinación de dos temperaturas constantes (12 y 25 °C) y dos condiciones hídricas (riego control y anegamiento superficial). Semanalmente se registraron elongación de tallos, emisión de hojas y emergencia de macollos, y al final del ensayo biomasa aérea y subterránea. La temperatura y la condición hídrica afectaron diferencialmente las variables evaluadas. La elongación y la biomasa aérea mostraron mayor respuesta a la temperatura, mientras que la biomasa subterránea y la emisión de macollos fueron más sensibles a la condición hídrica. Los resultados indican que estas variables constituyen herramientas útiles para futuros estudios orientados a caracterizar la respuesta al frío y apoyar la selección de líneas con mejor crecimiento a bajas temperaturas.

GMV 24

EVALUACIÓN DEL CONTRASTE ENTRE CARACTERES REPRODUCTIVOS DE INTERÉS AGRONÓMICO EN 28 ACCESIONES DE POROTILLO (*Macroptilium lathyroides* L. Urb.)

Bieri E.B.^{1,2}, Castro C.G.², Zabala J.M.^{1,3}, Marinoni L.^{1,3}, Pensiero J.F.^{1,3} ¹Instituto de Ciencias Agropecuarias del Litoral (CONICET-UNL); ²EEA INTA Reconquista; ³Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Litoral (FCA-UNL). bieri.erika@inta.gob.ar

Macroptilium lathyroides, leguminosa nativa subtropical, presenta potencial como verdeo estivo-otoñal para zonas ganaderas desafiantes del norte. En especies con vaina dehisciente, la dinámica floral y de la dehiscencia, son determinantes para la producción de semillas y los procesos de domesticación. El objetivo fue caracterizar la variabilidad del germoplasma de *M. lathyroides* en fenología reproductiva y dehiscencia. Se evaluaron 28 accesiones del Banco de Germoplasma "Ing. José Alonso" (FCA-UNL), incluyendo los cv australiano Murray y local Mancebo-UNL, durante un ciclo de crecimiento en la EEA Reconquista, con 40 plantas por accesión en 2 bloques (DBCA). Semanalmente se registraron inicio (IF) y fin de floración (FF); además, semanalmente, sobre 9 inflorescencias por accesión y repetición se contabilizaron frutos maduros y dehiscentes. Se analizaron IF, FF, longitud (LF) y el promedio del ratio de frutos dehiscentes/maduros por semana en los meses desde inicio a fin de floración (RDM1, RDM2 y RDM3). Los datos se analizaron mediante ANAVA, test de Tukey ($p < 0,05$), corr. de Pearson y medidas repetidas en RDM, utilizando Infostat. IF ($p < 0,0001$) y LF ($p = 0,0023$) difirieron significativamente entre acc., permitiendo diferenciar cuatro grupos de precocidad (temprana, intermedia-temprana, intermedia-tardía y tardía) y tres de duración (corta, intermedia y larga). Además, IF y LF presentaron una correlación negativa moderada-fuerte ($r = -0,66$; $p = 2,7 \times 10^{-87}$): cuanto más tardío fue el inicio de floración, menor fue su duración. Para RDM no hubo diferencia entre accesiones ($p > 0,05$). Se concluye que IF y LF son variables confiables para clasificar accesiones y orientar decisiones agronómicas en *M. lathyroides* permitiendo anticipar la duración de la floración a partir de su inicio.

GMV 25

EVALUACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE ACCESIONES DE *Lotus japonicus* L. MEDIANTE EL USO DE MARCADORES MOLECULARES ISSR

Espasandín F.^{1,2}, M. Álvarez², M. L. Pérez^{1,2}, P.

Sansberro^{1,2}.¹Instituto de Botánica del Nordeste – CONICET;

²Facultad de Ciencias Agrarias – UNNE. Corrientes, Argentina. fabidanil@gmail.com

El género *Lotus* (*Fabaceae*) comprende diversas especies de interés agronómico, ecológico y científico. Entre ellas, *L. japonicus* se ha consolidado como una especie modelo para el estudio de la genómica de las leguminosas debido a su reducido tamaño genómico (470 Mb), su corto ciclo de vida (2–3 meses) y su elevada producción de semillas. La disponibilidad de la secuencia completa de su genoma la convierte en una herramienta robusta para investigación. Existen accesiones de laboratorio importantes de *L. japonicus* que se han convertido en referencia a nivel mundial. Si bien pertenecen a la misma especie, seleccionamos dos accesiones denominadas Miyakojima MG20 y MG1, que presentan rasgos morfológicos muy diferentes, con el fin de evaluar su diversidad genética mediante el uso de marcadores moleculares ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*). Para dicha evaluación, se realizó la extracción de ADN de parte aérea de ambas accesiones con el método CTAB. Luego se seleccionaron 5 marcadores ISSR para detectar el polimorfismo. Como resultado, se obtuvieron un total de 31 bandas. De ellas, 21 bandas (67,7%) fueron compartidas entre ambas accesiones, MG1 y MG20, mientras que 10 bandas (32,3%) fueron polimórficas. El índice de similitud de Jaccard fue de 0.677, indicando una similitud genética moderada entre ambas accesiones. Además, encontramos diferencias en mecanismos fisiológicos en la tolerancia a sequía entre dichas accesiones. Basándonos en la existencia de 15 accesiones diferentes, las caracterizaciones moleculares y fisiológicas existentes, aún resultan insuficientes.

GMV 26

RESTENCIA AL PULGÓN VERDE DE LOS CEREALES (*Schizaphis graminum*) EN MATERIALES ARGENTINOS DE TRITICALE

Tacaliti M.S., E. Tocho, F. Bongiorno, L. Saldúa, A. Lodeiro.

Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Universidad Nacional de La Plata. mstacaliti@gmail.com

El triticales (x *Triticosecale* Wittmack) es un híbrido intergenérico entre el trigo y el centeno, utilizado como pastura de invierno y como doble propósito (pastoreo y grano). Existen escasos antecedentes del comportamiento de las variedades regionales frente al daño realizado por los áfidos, en particular por el pulgón verde de los cereales (*Schizaphis graminum* Rondani), una de las principales plagas insectiles que constituye un problema recurrente para la producción de cereales. El objetivo del trabajo consistió en identificar variedades resistentes al pulgón verde mediante la prueba de antixenosis. Para ello, se evaluaron 15 cultivares de triticales provenientes del INTA EEA Bordenave, dispuestos en bloques al azar en condiciones controladas de luz y temperatura. La antixenosis se determinó mediante la prueba de libre elección de hospedero, la cual consiste en evaluar la preferencia por parte del insecto entre diferentes genotipos para satisfacer sus necesidades de alimentación, reproducción o protección sobre los mismos. Se encontraron diferencias significativas entre los genotipos evaluados ($F=10,83$; $g.l.=14$; $p=0,0001$). En base al número final de áfidos contabilizados en cada genotipo, se observó un comportamiento variado, habiendo resultado moderadamente resistentes los genotipos HB90INTA, Barbol INTA y ONA INTA. Esto sugiere la presencia de mecanismos de resistencia antixenótica que modula el comportamiento del insecto en estos genotipos. Los resultados contribuyen a identificar a los mejores materiales para su inclusión en los programas de mejora genética.

GMV 27

MARCADORES SSR ASOCIADOS A QTLS DE RESISTENCIA A ROYA DE LA HOJA EN TRIGO (*Triticum aestivum* L.)

Cuyeu A.R.^{1,2}, J. Vrdoljak³, S.O. Obregón³, C.P. Randazzo³, J.C. Salerno^{1,4}, M.F. Pergolesi², F. Sacco², M.J. Dieguez², L.R. Ingala².

¹Escuela Superior de Ingeniería, Informática y Ciencias Agroalimentarias (ESIICA), Universidad de Morón, Argentina;

²Instituto de Genética "Ewald A. Favret" (IGEAF), INTA

Hurlingham, Argentina; ³Universidad de Morón, Argentina;

⁴Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidad del Salvador (USAL). cuyeu.alba@inta.gob.ar

La roya de la hoja del trigo, causada por *Puccinia triticina*, es una de las enfermedades más importantes que afectan la producción de *Triticum aestivum* L. a nivel mundial, provocando reducciones significativas del rendimiento. En este contexto, el desarrollo de cultivares con resistencia genética representa una estrategia sustentable y de alto impacto para el manejo de esta enfermedad. La variedad Buck Poncho ha demostrado resistencia durable a roya de la hoja durante largos períodos de tiempo, aunque los mecanismos genéticos asociados no han sido completamente caracterizados. Estudios previos en una población de 93 líneas recombinantes endogámicas (RILs), derivadas del cruzamiento Buck Poncho × Purplestraw, permitieron identificar genes de resistencia y QTLs localizados en los cromosomas 2B y 3A, entre otros. En este trabajo se evaluaron marcadores microsatélites (SSR) diseñados en regiones cercanas a los QTLs de los cromosomas mencionados, con el objetivo de identificar aquellos polimorfismos que resulten convenientes para su utilización en procesos de selección asistida por marcadores. Los resultados evidencian diferencias en la eficiencia de detección de polimorfismo entre ambas regiones genómicas, sugiriendo variabilidad en el nivel de información genética disponible en torno a cada QTL. En particular, el QTL del cromosoma 3A mostró una mayor proporción de marcadores informativos en relación con el total evaluado. Los marcadores polimórficos identificados serán posteriormente validados en la población de RILs para determinar su ligamiento con los QTLs de resistencia a roya de la hoja. Este avance constituye una base relevante para el desarrollo de herramientas de selección asistida y su aplicación en programas de mejoramiento genético de trigo orientados a incrementar la resistencia a enfermedades fúngicas.